

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
***Vibrio anguillarum* als Spender- und Empfängerorganismus**
gemäß § 5 Abs. 1 GenTSV

Allgemeines

Vibrio anguillarum ist ein Gram-negatives, chemoorganotrophes, bewegliches, stäbchenförmiges und aquatisches Bakterium aus der Familie *Vibrionaceae* [1, 2]. Die Spezies wurde 1985 basierend auf phylogenetischen Analysen der 5S rRNA-Gensequenzen der Gattung *Listonella* zugeordnet [3]. Trotz Anerkennung durch das *International Committee on Systematics of Prokaryotes* (ICSP) findet das Synonym *Listonella anguillarum* kaum Anwendung. Zudem ordnen neuere phylogenetische Untersuchungen die Gattung *Listonella* als heterotypisches Synonym der Gattung *Vibrio* zu [4].

Das Bakterium kommt weltweit in Meer- und Brackwasser, und vereinzelt auch in Süßwasser vor [1, 5]. Es wächst in einem Temperaturbereich zwischen 5 und 38,5 °C, bei einem pH zwischen 6,0 und 9,0 und einer Salinität von 0 bis 6 ‰ NaCl (w/v), wobei das Wachstumsoptimum zwischen 25 und 34 °C, bei einem pH von 7,0 und einer Salinität zwischen 1,5 und 2 ‰ NaCl (w/v) liegt [1, 2].

V. anguillarum ist in der Lage, 90 verschiedene Fisch-, Muschel- und Krebsspezies zu infizieren [1, 6]. Infizierte Tiere entwickeln eine Vibriose und verenden innerhalb von zwei bis fünf Tagen [1, 6]. Die Infektion geht mit hämorrhagisch-septischen Krankheitssymptomen in Fischen einher [5]. Infizierte Muscheln verenden an einer bakteriellen Nekrose [7]. Das Bakterium besiedelt seine Wirte aktiv und dringt über Anus, Epidermis, Kiemen, Mund oder Nasenöffnungen bzw. Riechgruben in den Blutkreislauf der Tiere ein [1, 8]. Die niedrigste infektiöse Konzentration im Wasser liegt in Abhängigkeit von der Inkubationszeit und dem Alter sowie dem Gesundheitszustand der Tiere zwischen 1×10^3 und 1×10^4 Kolonie bildenden Einheiten je mL [1, 8]. Zur Prävention von Infektionen in Fischeaquakulturen stehen Impfstoffe zur Verfügung [5]. Alternativ können erkrankte Tiere durch Gabe von Florfenicol und Oxolinsäure behandelt werden [5].

Bei zwei Patienten, die aufgrund von onkologischen bzw. Nierenerkrankungen und Glucocorticoidtherapie als abwehrgeschwächt anzusehen sind, wurde *V. anguillarum* als Erreger von nekrotischen Wundinfektionen identifiziert, die mit Sepsis und Multiorganversagen einhergingen und zum Tod der Patienten führten [9, 10]. Die Infektionen wurden zumeist mit Cephalosporinen der dritten Generation oder Carbapenemen behandelt.

Die Genomsequenz einzelner Stämme liegt vor [11, 12]. Die Beschreibung des Bakteriums in der Literatur sowie ein Abgleich mit der *Virulence Factor Database* zeigen, dass im Genom von *V. anguillarum* Virulenzfaktorgene kodierend für Typ-4- und -6-Sekretionssysteme, Fimbrien, *repeats in toxin* (RTX)-Toxine, Hämolsine und sezernierte Peptidasen, wie z. B. die extrazelluläre Metalloprotease *empA*, vorliegen [1, 5, 13].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryoten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ wird *V. anguillarum* der Risikogruppe 2 mit der Bemerkung „t“¹ zugeordnet [14].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV wird *Vibrio anguillarum* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Bei *V. anguillarum* handelt es sich um ein Bakterium, das pathogen für marine Invertebraten und Vertebraten ist.

Literatur

1. **Hickey ME, Lee J-L** (2018). A comprehensive review of *Vibrio (Listonella) anguillarum* : ecology, pathology and prevention. *Rev Aquacult* **10**(3):585–610.
2. **Farmer JJ, Michael Janda J, Brenner FW, Cameron DN, Birkhead KM** (2015). *Vibrio*. In Trujillo ME, Dedysh S, DeVos P, Hedlund B, Kämpfer P, Rainey FA, Whitman WB (Hrsg.), *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, S. 1–79. Wiley, Hoboken, New Jersey.
3. **MacDonell MT, Colwell RR** (1985). Phylogeny of the *Vibrionaceae*, and Recommendation for Two New Genera, *Listonella* and *Shewanella*. *Syst Appl Microbiol* **6**(2):171–82.
4. **Thompson FL, Thompson CC, Dias GM, Naka H, Dubay C, Crosa JH** (2011). The genus *Listonella* MacDonell and Colwell 1986 is a later heterotypic synonym of the genus *Vibrio* Pacini 1854 (Approved Lists 1980)--a taxonomic opinion. *Int J Syst Evol Microbiol* **61**(Pt 12):3023–7.
5. **Frans I, Michiels CW, Bossier P, Willems KA, Lievens B, Rediers H** (2011). *Vibrio anguillarum* as a fish pathogen: virulence factors, diagnosis and prevention. *J Fish Dis* **34**(9):643–61.
6. **Austin B, Alsina M, Austin DA, Blanch AR, Grimont F, Grimont P, Jofre J, Koblavi S, Larsen JL, Pedersen K, Tiainen T, Verdonck L, Swings J** (1995). Identification and Typing of *Vibrio anguillarum*: A Comparison of Different Methods. *Syst Appl Microbiol* **18**(2):285–302.
7. **Paillard C, Le Roux F, Borrego JJ** (2004). Bacterial disease in marine bivalves, a review of recent studies: Trends and evolution. *Aquat Living Resour* **17**(4):477–98.
8. **Gram L, Melchiorson J, Spanggaard B, Huber I, Nielsen TF** (1999). Inhibition of *Vibrio anguillarum* by *Pseudomonas fluorescens* AH2, a possible probiotic treatment of fish. *Appl Environ Microbiol* **65**(3):969–73.

¹ t: Pathogen für Wirbeltiere; der Mensch wird unter natürlichen Bedingungen nicht befallen. Wegen der geringen Wirtsspezifität pathogener Prokaryonten können allerdings auch von den meisten primär nur tierpathogenen Arten bei Arbeiten mit hohen Erregerkonzentrationen Infektionsgefahren für die Beschäftigten ausgehen. Solche Arten wurden deshalb der Risikogruppe 2 mit der Zusatzbemerkung „t“ zugeordnet. Ist ein Prokaryont unter natürlichen Bedingungen sowohl human- als auch tierpathogen, wird die Kennzeichnung mit „ht“ verwendet.

9. **Hu J-Y, Zhang X-K, Xin C-Q, Zhang L, Kang J, Gong P** (2023). Severe infection by *Vibrio anguillarum* following a bite by a marine fish: a case report. *Emerging Microbes Infect* **12**(1):1–5.
10. **Sinatra JA, Colby K** (2018). Notes from the Field: Fatal *Vibrio anguillarum* Infection in an Immunocompromised Patient - Maine, 2017. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* **67**(34):962–3.
11. **Naka H, Dias GM, Thompson CC, Dubay C, Thompson FL, Crosa JH** (2011). Complete genome sequence of the marine fish pathogen *Vibrio anguillarum* harboring the pJM1 virulence plasmid and genomic comparison with other virulent strains of *V. anguillarum* and *V. ordalii*. *Infect Immun* **79**(7):2889–900.
12. **Castillo D, Alvise PD, Xu R, Zhang F, Middelboe M, Gram L** (2017). Comparative Genome Analyses of *Vibrio anguillarum* Strains Reveal a Link with Pathogenicity Traits. *mSystems* **2**(1):1–14.
13. **Virulence Factor Database**. VFDB search: *Vibrio anguillarum* genome accession numbers CP031535, CP023310, CP031487, CP091185. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 11.06.2026.
14. **Ausschuss für Biologische Arbeitsstoffe** (2026). TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“. <https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466>. Geprüft am 21.05.2026.