

# Robinsoniella peoriensis: Was ist bisher bekannt?

Percy Schröttner<sup>1\*</sup>, Thomas Riedel<sup>2</sup>, Stephanie Müller<sup>3</sup> und Boyke Bunk<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Institut für Medizinische Mikrobiologie und Virologie, Universitätsklinikum Carl Gustav Carus, Technische Universität Dresden

<sup>2</sup> Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig

<sup>3</sup> Medizinische Klinik und Poliklinik I, Universitätsklinikum Carl Gustav Carus, Technische Universität Dresden

## Einleitung

Die Gattung *Robinsoniella* mit der Typ-Spezies *Robinsoniella peoriensis* wurde im Jahr 2009 von Cotta *et al.* erstmalig beschrieben.<sup>1</sup> *R. peoriensis* sind Gram-positive, unbewegliche ovale bis stäbchenförmige Bakterien, die zur Sporenbildung befähigt sind.<sup>1</sup> Der Typ-Stamm (CCUG 48729<sup>1</sup>) wurde im Zuge einer mikrobiologischen Untersuchung aus Schweinegülle isoliert.<sup>1</sup> Nachfolgende phylogenetische Untersuchungen des 16S rRNA Gens zeigten, dass es sich hierbei um eine eigenständige Linie innerhalb des XIVa clusters der Clostridien handelt.<sup>1</sup> Bereits im Zuge der Erstbeschreibung wurde ein weiteres Isolat mit sehr ähnlichen biochemischen Charakteristika (CCUG 52336) aus der schwedischen Stammsammlung in Göteborg identifiziert.<sup>1</sup> Dieses Isolat wurde aus einer tiefen Wunde einer 79-jährigen Patientin gewonnen und zusätzlich in die Erstbeschreibung miteinbezogen.<sup>1</sup> Weitergehende Untersuchungen bestätigten in diesem Fall dann später auch die Spezies *R. peoriensis*.<sup>1</sup> Bereits zu diesem Zeitpunkt konnte also ein Hinweis auf eine mögliche klinische Bedeutung bei Menschen vermutet werden. Arbeiten einer französischen Gruppe aus dem Jahr 2011 legen darüber hinaus nahe, dass *R. peoriensis* auch Teil der natürlichen Darmflora des Menschen ist.<sup>2</sup> Für die hier vorliegende Übersicht wurde ausschließlich die verfügbare englisch-sprachige Literatur in PubMed berücksichtigt. Zum aktuellen Stand (Oktober 2021) waren 14 klinische Fallberichte verfügbar.

## Taxonomie

Die Gattung *Robinsoniella* wurde nach dem amerikanischen Mikrobiologen Isadore M. Robinson und die Spezies *R. peoriensis* nach der Stadt Peoria, Illinois, USA benannt.<sup>1</sup> Nach der „List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature“ (LPSN) gehört *R. peoriensis* zur Familie *Lachnospiraceae* innerhalb der Klasse *Clostridia*.<sup>3</sup> Die am nächsten verwandte Gattung ist *Ruminococcus* spp.<sup>1</sup>

## Klinische Bedeutung

*R. peoriensis* wurde bislang unter anderem im Zusammenhang mit Endokarditis, Osteomyelitis, Gelenk-, Gefäß-, Bauchraum- und periprotetischen Infektionen beschrieben (siehe Tabelle 1).<sup>1,4-14</sup> Sieben Patienten waren weiblichen und sieben männlichen Geschlechts. Das Durchschnittsalter der Patienten lag bei etwas mehr als 59 Jahren (59,3 Jahre), wobei der jüngste Patient 3 und

die ältesten Patientinnen 79 Jahre alt waren.<sup>1,7,9</sup> Insgesamt fünf der beschriebenen Infektionen waren mit Trauma assoziiert, wobei teilweise auch offene Frakturen vorlagen.<sup>5,7,9,11</sup> *R. peoriensis* konnte im Zusammenhang mit den beschriebenen Infektionen sowohl aus Gewebe (u.a. Knochengewebe) als auch aus Abstrichen und im Rahmen von Bakteriämien aus Blutkulturen isoliert werden. Bei einigen Patienten wurden Erkrankungen wie Diabetes oder eine aktive Tumorerkrankung angegeben, welche eventuell zusätzliche Risikofaktoren für entsprechende Infektionen darstellen.<sup>6-8,12</sup> Infektionen durch *R. peoriensis* können also entweder endogen und dann wahrscheinlich als Translokation aus dem Gastrointestinaltrakt oder exogen durch aus der Umwelt aquirierte Bakterien entstehen.<sup>2</sup>

## Identifikation von *Robinsoniella peoriensis*

Methoden, welche auf der Analyse von Stoffwechseleigenschaften von Bakterien beruhen, führen in diesem Fall regelhaft zu Fehlidentifikationen. Dies mag der Tatsache geschuldet sein, dass ein Profil von *R. peoriensis* in den Datenbanken derzeit noch nicht hinterlegt ist, es aber möglicherweise auch Überlappungen mit nahe verwandten Spezies gibt. In den vorliegenden Arbeiten wurden neben RapidID 32 A und API 20 E (bioMérieux), das Rapid ANA II System (ThermoFisher Scientific) und VITEK 2 (bioMérieux) verwendet. *R. peoriensis* wurde zumeist als eine Spezies der Gattung *Enterocloster* oder *Clostridium* (*E. clostridioformis*, *C. beijerinckii*/*C. butyricum*, *C. perfringens*) falsch identifiziert.<sup>2,6,7,12</sup> In einem Fall wurde *Actinomyces israelii* fälschlich angegeben.<sup>7</sup>

Demgegenüber scheint die Sequenzierung des 16S rRNA Gens das aktuell sicherste Verfahren zur eindeutigen Identifikation der Spezies *R. peoriensis* darzustellen.<sup>2,5-9,11-14</sup> Diese Methode ist jedoch nicht in allen Routinelaboratorien verfügbar, da hierfür eine entsprechende organisatorische und räumliche Infrastruktur bzw. speziell geschultes Personal und eine geeignete Geräteausstattung von Nöten ist.<sup>15</sup>

Als drittes Verfahren ist die MALDI TOF MS zu nennen. Diese Methode ist einfach in der Handhabung und erlaubt eine hohe Anzahl von Analyten in einem Lauf zu untersuchen.<sup>15</sup> Darüber hinaus hat es sich insgesamt als ein sehr zuverlässiges System bei der Identifikation von Bakterien und insbesondere auch von seltenen Spezies bewährt.<sup>16</sup> Bei Durchsicht der vorliegenden Literatur scheint eine Identifikation von *R. peoriensis* derzeit jedoch als nicht verlässlich.

## Übersicht über die aktuell verfügbare Literatur zu *Robinsoniella peoriensis*

Ge-schlecht	Alter	Primärfokus/ mögliche Eintrittspforte	Grunderkrankung	Isoliert aus	Verlauf	Publikationsjahr/ Referenz
w	79	Tiefe Wunde im Bereich der Ferse	k.A.	Wundabstrich	k.A.	2009 <sup>1</sup>
m	42	Orale Ulzeration als mögliche Eintrittspforte	Metastasiertes Pankreaskarzinom, chronische Hepatitis B, Leberzirrhose	Blutkultur	verstorben (Tumorprogression, MOV)	2010 <sup>8</sup>
w	61	Purulenter, abdomineller Flüssigkeitsverhalt nach laparoskopischer Versorgung einer Divertikulitis	k.A.	Abdominelles Punktat	genesen	2011 <sup>7</sup>
w	68	Offene Becken- und Femurfrakturen nach VKU	k.A.	Wundflüssigkeit	genesen	
m	45	Z.n. operativer Versorgung von Tibia- und Fibulafrakturen	k.A.	Wundflüssigkeit	genesen	
w	79	k.A.	ACB (intraoperativer Schlaganfall) bei Myokardinfarkt (Aufnahmegrund); Diabetes, Hypertonie, Hypercholesterinämie	Blutkultur	verstorben	
w	45	Postoperative, fremdkörperassozierte Infektion nach osteosynthetischer Versorgung bei thorakolumbaler Skoliose	Chronische Harnwegsinfektion	Nekrotisches Gewebe	genesen	2012 <sup>10</sup>
m	76	k.A.	Aspirationspneumonie (Aufnahmegrund); Z.n. Schlaganfall	Blutkultur	verstorben (zwei Monate nach Aufnahme)	2012 <sup>12</sup>
w	74	Periprothetische Gelenkinfektion der Hüfte	Vorhofflimmern, rezidivierende GIB	Intraoperativ gewonnenes Gewebe und Flüssigkeit	genesen, kein Follow-up	2016 <sup>14</sup>
m	70	Mykotisches Pseudoaneurysma an einem Homograft (Aorta)	k.A.	Intraoperativ gewonnenes Gewebe	genesen, in der Kontrolle zufriedenstellendes Ergebnis	2017 <sup>13</sup>
m	63	k.A.	V.a. Aspirationspneumonie (Aufnahmegrund); kleinzelliges Bronchialkarzinom, Diabetes Mellitus, multiple Schlaganfälle	Blutkultur	verstorben (Pneumonie)	2017 <sup>6</sup>
w	67	Postoperative Wundinfektion bei Z.n. operativer Versorgung einer Femurfraktur	Chronische Niereninsuffizienz, Hypertonie	Gewebe und Osteosyntheseplatte	genesen	2017 <sup>5</sup>
m	58	Offene Fraktur des Sprunggelenks/ Osteomyelitis	k.A.	Gewebe (Knochen und Subkutis)	genesen	2019 <sup>11</sup>
m	3	Offene Fraktur der distalen Tibia/ Osteomyelitis	k.A.	Gewebe	genesen	2021 <sup>9</sup>

m = männlich, w = weiblich, k.A. = keine Angabe, MOV = Multiorganversagen, VKU = Verkehrsunfall, ACB = aortokoronarer Bypass, Z.n. = Zustand nach, GIB = gastrointestinale Blutung, V.a. = Verdacht auf

So konnte eine erfolgreiche Identifikation der Spezies mit einem Score-Wert von über 2.0 bisher in nur einem Fall nachgewiesen werden.<sup>9</sup> Unsere eigenen Erfahrungen mit der Identifikation von *R. peoriensis* mittels MALDI TOF MS lassen jedoch eine andere Schlussfolgerung zu. In der Zeit von November 2016 bis Juli 2021 wurden Isolate von insgesamt sechs verschiedenen Patienten identifiziert. Während bei dem ersten Isolat (November 2016) noch Score Werte von maximal 1.3 erreicht wurden, gelang bei den Stämmen, die ab Juni 2018 gefunden wurden, eine zuverlässige Identifikation des Genus und auch

der Spezies (die Score Werte lagen zwischen 1.81 und 2.399). Dies zeigt, dass nachdem Main Spectra in die Datenbank aufgenommen wurden, eine zuverlässige Identifikation der Spezies mittels MALDI TOF MS durchaus möglich ist. Aufgrund unserer bisherigen Arbeiten zur Identifikation und Charakterisierung seltener humanpathogener Bakterien empfehlen wir aber eine zusätzliche Absicherung des Ergebnisses bei Score Werten unter 2.0 durch Sequenzierung des 16S rRNA Gens oder falls möglich eine Erstellung von Gesamtgenomdaten.<sup>15,17</sup>

## Antimikrobielle Therapie und Empfindlichkeit

Bei *R. peoriensis* handelt es sich um eine relativ „neue“ und darüber hinaus auch selten detektierte humanmedizinisch relevante Spezies. Aus diesem Grund liegen derzeit nur sehr eingeschränkte Informationen über die antimikrobielle Empfindlichkeit vor. Die vorhandenen Informationen lassen aber eine Resistenz gegenüber Penicillin G vermuten.<sup>4,7,11,14</sup> Bei Clindamycin wurden sowohl empfindliche wie auch resistente Stämme gefunden, weshalb der Einsatz nur nach Vorliegen eines Resistogramms erwogen werden sollte.<sup>4,5,7,11,14</sup> Der Einsatz von Chinolonen sollte aufgrund der aktuell unzureichenden Datenlage ebenfalls erst nach Vorliegen eines Resistogramms in Betracht gezogen werden. Eine erfolgreiche antimikrobielle Therapie scheint hingegen mit Ampicillin/Sulbactam (ggf. in Kombination mit einem Aminoglycosid), Piperacillin/Tazobactam, einem Carbapenem, Vancomycin bzw. Metronidazol möglich zu sein.<sup>5-7,10,11,14</sup> *R. peoriensis* scheint darüber hinaus in der Lage zu sein,  $\beta$ -Laktamasen auszubilden. Dies lässt sich mit Hilfe eines Nitrocefin-Tests in der Routinediagnostik leicht nachweisen.<sup>11</sup>

## Genomdaten

Derzeit sind vier Genome der Spezies *R. peoriensis*, welche in der Zeit zwischen Dezember 2014 und Mai 2019 in die NCBI Genomdatenbank eingepflegt wurden (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse#!/prokaryotes/35308/>), bekannt. Die Genome umfassen zwischen 7,09 und 7,39 Mbp. Das GC-Verhältnis liegt bei allen Stämmen bei 41%. Der Stamm 6600698 wurde im Stuhl eines 82-jährigen Patienten bei Verdacht auf Vorliegen einer *Clostridioides difficile* Infektion isoliert.<sup>18</sup> Nach Sequenzierung und Analyse des Gesamtgenoms konnte gezeigt werden, dass die Glutamatdehydrogenase (GDH) von *R. peoriensis* (Gen 6600698\_02412) homolog zu der GDH von *Clostridioides difficile* (*C. difficile* R20291) ist.<sup>18</sup> Aufgrund dieser strukturellen Ähnlichkeit leiteten die Autoren den (in diesem Fall falsch positiven) Nachweis von *Clostridioides difficile* ab.<sup>18</sup> Nach der Auswertung der Gesamtgenomdaten des Stamms DSM 106044 konnten mehrere Gene identifiziert werden, die eine Resistenz gegenüber Penicillin G erklären könnten (pbpA\_1, pbpA\_2, mrcA, pbpX, pbpA\_3, pbpE, pbp and blaR1\_1e6 und eines Metallo-beta-lactamase precursor).<sup>11</sup>

## Zusammenfassung

Bei *R. peoriensis* handelt es sich um eine erst vor wenigen Jahren erstbeschriebene bakterielle Spezies, die sowohl in der Umwelt aber auch als Teil der menschlichen Darmflora gefunden werden kann. Infektionen bei Menschen können folglich sowohl durch den Kontakt mit der Umwelt, als auch endogen entstehen. Eine Identifikation der Spezies ist mit MALDI TOF MS möglich, sollte bei Score-Werten von unter 2.0 jedoch mit Hilfe der Sequenzierung des 16S rRNA Gens abgesichert werden. Für eine antimikrobielle Therapie sollte Penicillin G nicht eingesetzt werden. Der Einsatz von Clindamycin und von Chinolonen sollte nur nach Vorliegen eines Antibiotogramms erwogen werden. Demgegenüber scheint der Einsatz von Ampicillin/Sulbactam (ggf. in Kombination mit einem Aminoglycosid) und Metronidazol erfolgversprechend zu sein.

## Referenzen

1. Cotta MA, Whitehead TR, Falsen E, Moore E, Lawson PA. *Robinsoniella peoriensis* gen. nov., sp. nov., isolated from a swine-manure storage pit and a human clinical source. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 2009; 59: 150-5.
2. Ferraris L, Aires J, Butel MJ. Isolation of *Robinsoniella peoriensis* from the feces of premature neonates. Anaerobe 2012; 18: 172-3.
3. Parte AC, Carbasse JS, Meier-Kolthoff JP, Reimer LC, Göker M. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 2020; 70: 5607-12.
4. Ursenbach A, Ruch Y, Von Hunolstein JJ, et al. First case of *Robinsoniella peoriensis* endocarditis. Medecine et maladies infectieuses 2020; 50: 533-5.
5. Schmetterer J, Gorvetzian J, Yang S, J S, J G, S Y. *Robinsoniella peoriensis* infection related to right femoral hardware. IDCases 2017; 10: 115-6.
6. Lim S, Huh HJ, Lee NY, et al. *Robinsoniella peoriensis* bacteremia: a second case in Korea. Ann Lab Med 2017; 37: 349-51.
7. Gomez E, Gustafson DR, Colgrove R, et al. Isolation of *Robinsoniella peoriensis* from four human specimens. Journal of Clinical Microbiology 2011. DOI:10.1128/JCM.01305-10.
8. Shen D, Chen R, Ye L, Luo Y, Tang YW. *Robinsoniella peoriensis* bacteremia in a patient with pancreatic cancer. Journal of Clinical Microbiology 2010; 48: 3448-50.
9. İnal N, Karagöz A, Turhan E, Hazirolan G. First pediatric case of osteomyelitis caused by *Robinsoniella peoriensis*. Acta microbiologica et immunologica Hungarica 2021; published online May 4. DOI:10.1556/030.2020.01122.
10. Cassir N, Laget L, Renvoisé A, Gennari J-M, Drancourt M. *Robinsoniella peoriensis* infection following surgery for scoliosis: a case report. Journal of medical case reports 2012; 6. DOI:10.1186/1752-1947-6-174.
11. Schröttner P, Hartwich K, Bunk B, et al. Detection of *Robinsoniella peoriensis* in multiple bone samples of a trauma patient. Anaerobe 2019; 59: 14-8.
12. Jeon Y, Kim TS, Kim H bin, Park KU, Song J, Kim EC. First Korean case of *Robinsoniella peoriensis* bacteremia in a patient with aspiration pneumonia. Annals of Laboratory Medicine 2012. DOI:10.3343/alm.2012.32.5.370.
13. Mertes H, Defourny L, Tré-Hardy M, et al. First *Robinsoniella peoriensis* aortic cross homograft mycotic pseudoaneurysm: A case report and review of the literature. Anaerobe, 2017.
14. Rieber H, Frontzek A, Bell A, et al. *Robinsoniella peoriensis*, originally isolated from swine manure, and early periprosthetic hip infection: Case report and review of the literature. Anaerobe 2016; 42: 33-6.
15. Schröttner P, Gunzer F, Schüppel J, Rudolph WW. Identification of rare bacterial pathogens by 16S rRNA gene sequencing and MALDI-TOF MS. Journal of Visualized Experiments 2016; 2016.
16. Kostrzewa M, Nagy E, Schröttner P, Pranada ABAB. How MALDI-TOF mass spectrometry can aid the diagnosis of hard-to-identify pathogenic bacteria – the rare and the unknown. 2019 DOI:10.1080/14737159.2019.1643238.
17. Rudolph WW, Gunzer F, Trauth M, Bunk B, Bigge R, Schröttner P. Comparison of VITEK 2, MALDI-TOF MS, 16S rRNA gene sequencing, and whole-genome sequencing for identification of *Roseomonas mucosa*. Microbial Pathogenesis 2019; 134. DOI:10.1016/j.micpath.2019.103576.
18. Roberts C h., Shaw HA, Ferguson N, Holland M, Wren BW, Stabler RA. Draft genome sequence of *Robinsoniella peoriensis* 6600698, a Confounder of *Clostridium difficile* Diagnosis. Genome Announcements 2016. DOI:10.1128/genomeA.01275-16.

## Korrespondierender Autor

PD Dr. med. Percy Schröttner  
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Virologie,  
Universitätsklinikum Carl Gustav Carus, Technische  
Universität Dresden  
E-Mail [percy.schroettner@tu-dresden.de](mailto:percy.schroettner@tu-dresden.de)  
Tel. 0351-458-16585

