

Empfehlung der ZKBS

zur Risikobewertung von *Dickeya dadantii* (Ech703) als Spender- oder Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Dickeya dadantii (früher: *Erwinia chrysanthemi* 3937) ist ein weit verbreitetes, phytopathogenes Bodenbakterium. Innerhalb der Familie der *Enterobacteriaceae* gehört das Gram-negative Bakterium zur neu beschriebenen Gattung *Dickeya*. Es ist gekennzeichnet durch einen fakultativ anaeroben Stoffwechsel, wobei Glukose fermentiert und Nitrat zu Nitrit reduziert werden kann [1]. Gelangt das Bakterium an Blätter seiner Wirtspflanzen, ist es durch verschiedene Mechanismen in der Lage, die Pflanze zu kolonisieren. So ist die Sekretion pektinabbauender Enzyme beschrieben, wodurch die pflanzliche Zellwand zerstört und der Aufbau des parenchymatischen Gewebes der Pflanze deorganisiert wird [2]. Durch seine peritriche Begeißelung und entsprechende Ausstattung mit Chemorezeptoren ist eine gerichtete Bewegung möglich [3]. Ein weiterer Faktor, der ein Überleben des Bakteriums in der Pflanze ermöglicht, ist seine Fähigkeit antimikrobielle Substanzen, die die Pflanze produziert, abzubauen [4]. Als Virulenzmechanismen sind die Produktion von Lipo- und Exopolysacchariden [5,6], die Fähigkeit der Eisenassimilation [7] und die Ausstattung mit einem TypIII-Sekretionssystem [8] beschrieben. Die Folge der Kolonisierung durch *D. dadantii* ist eine systemische Nekrose in der Wirtspflanze mit dem als *soft rot disease* bezeichneten Krankheitsbild. Zu den Wirtspflanzen des Bakteriums zählen eine Reihe von Zierpflanzen wie das Usambaraveilchen oder Orchideen, aber auch weltweit genutzte Kulturpflanzen wie Kartoffeln und Mais. Die vollständig vorliegende Genomsequenz ermöglicht die Verwendung von *D. dadantii* als Modellorganismus für Studien zur Bakterien-Wirtspflanzen-Interaktion [9].

In Studien zur chromosomalen Nukleotidsequenzanalyse zeigen vier Gene Homologien zu Genen insektenpathogener Bakterien, welche für Insektizide kodieren. Obwohl keine Hinweise auf pathogene Effekte durch *D. dadantii* im Tierreich existieren, wurden experimentelle Fütterungsstudien mit unterschiedlichen Insekten durchgeführt. Die Aufnahme der Bakterien zeigte eine zytolytische, porenbildende Wirkung auf den Darm der Erbsenblattlaus, was mit einer bakteriellen Invasion und dem folgenden Tod der Insekten verbunden war [10].

Empfehlung

Das Bakterium *Dickeya dadantii* wird gemäß § 5 Absatz 1 in Verbindung mit Anhang I Nr. 1 GenTSV als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung:

Dickeya dadantii ist ein phytopathogenes Bakterium mit weiter Verbreitung und breitem Wirtspektrum in der Pflanzenwelt und erfüllt damit die Kriterien der Allgemeinen Stellungnahme

der ZKBS zur Einstufung von phytopathogenen Organismen als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten in die **Risikogruppe 1**.

Ein pathogener Effekt konnte spezifisch für die Erbsenblattlaus gezeigt werden. Dies gelang jedoch nur unter speziellen experimentellen Bedingungen. Eine natürliche Infektion bei Mensch und Tier ist für *Dickeya dadantii* nicht beschrieben.

Literatur

1. Samson R, Legendre JB, Christen R, Fischer-Le Saux M, Achouak W and Gardan L (2005). Transfer of *Pectobacterium chrysanthemi* (Burkholder *et al.* 1953) and *Brenneria paradisiacal* (Brenner *et al.* 1973) to the genus *Dickeya* gen. nov. as *Dickeya chrysanthemi* comb. nov. and *Dickeya paradisiacal* comb. nov. and delineation of four novel species, *Dickeya dadantii* sp. nov., *Dickeya dianthicola* sp. nov., *Dickeya dieffenbachiae* sp. nov., *Dickeya zeae* sp. nov.. *Int J Sys Evol Microbiol* 55: 1415-1427.
2. Hugouvieux-Cotte-Pattat NG, Condemine G, Nasser W and Reverchon S (1996). Regulation of pectinolysis in *Erwinia chrysanthemi*. *Annu Rev Microbiol* 50: 213-257.
3. Antúñez-Lamas M, Cabrera-Ordóñez W, López-Solnilla E, Raposo R, Trelles-Salazar O, Rodríguez-Moreno A and Rodríguez-Palenzuela P (2009). Role of motility and chemotaxis in the pathogenesis of *Dickeya dadantii* 3937 (ex *Erwinia chrysanthemi* 3937). *Microbiol* 155: 434-442.
4. Barabote RD, Johnson OL, Zetina E, San Francisco SK, Fralick JA and San Francisco MJD (2003). *Erwinia chrysanthemi* tolC is involved in resistance to antimicrobial plant chemicals and is essential for phytopathogenesis. *J Bacteriol* 185 (19): 5772-5778.
5. Condemine G, Castillo A, Passeri F, and Enard C (1999). The PecT repressor coregulates synthesis of exopolysaccharides and virulence factors in *Erwinia chrysanthemi*. *Mol Plant Microbe Interact* 12: 45-52
6. Schoonejans E, Expert D and Toussaint A (1987). Characterization and virulence properties of *Erwinia chrysanthemi* lipopolysaccharide-defective, phiEC2-resistant mutants. *J Bacteriol* 169: 4011-4017.
7. Enard C, Diolez A, and Expert D (1988). Systemic virulence of *Erwinia chrysanthemi* 3937 requires a functional iron assimilation system. *J Bacteriol* 170: 2419-2426.
8. Yang CH, Gavilanes-Ruiz M, Okinaka Y, Vedel R, Berthuy I, et al. (2002). *hrp* genes of *Erwinia chrysanthemi* 3937 are important virulence factors. *Mol Plant Microbe Interact* 15: 472-480.
9. Glasner JD, Yang CH, Reverchon S, Hugouvieux-Cotte-Pattat N, Condemine G, Bohin JP, Van Gijsegem F, Yang S, Franza T, Expert D, Plunkett G 3rd, San Francisco MJ, Charkowski AO, Py B, Bell K, Rauscher L, Rodriguez-Palenzuela P, Toussaint A, Holeva MC, He SY, Douet V, Boccara M, Blanco C, Toth I, Anderson BD, Biehl BS, Mau B, Flynn SM, Barras F, Lindeberg M, Birch PR, Tsuyumu S, Shi X, Hibbing M, Yap MN, Carpentier M, Dassa E, Umehara M, Kim JF, Rusch M, Soni P, Mayhew GF, Fouts DE, Gill SR, Blattner FR, Keen NT, Perna NT (2011). Genome sequence of the plant-pathogenic bacterium *Dickeya dadantii* 3937. *J Bacteriol* 193 (8): 2076-2077.
10. Grenier AM, Duport G, Pagè S, Condemine G and Rahbè Y (2006). The phytopathogen *Dickeya dadantii* (*Erwinia chrysanthemi* 3937) is a pathogen of the pea aphid. *Appl Env Microbiol* 72 (3): 1956-1965.