

Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von *Pseudomonas capeferrum* als Spender- oder Empfängerorganismus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Bei *P. capeferrum* handelt es sich um ein Gram-negatives, aerob und saprotroph lebendes Bodenbakterium aus der Familie der *Pseudomonaceae*. Es wurde aus der Rhizosphäre von Kartoffeln isoliert und erstmals 1983 als fluoreszierendes *Pseudomonas*-Isolat WCS (Willie Commelin Scholten) 358 einer Sammlung von Rhizobakterien beschrieben, die das Pflanzenwachstum verbessern [1; 2]. Die positive Wirkung auf ihre Wirtspflanzen wird darauf zurückgeführt, dass die Rhizobakterien eine gleichzeitige Besiedelung der Rhizosphäre durch phytopathogenen Keime behindern. Dies wird einerseits der Bildung von Siderophoren bei gleichzeitiger Ausstattung mit entsprechenden Rezeptoren zugeschrieben [3]. Andererseits wurde kürzlich beschrieben, dass *P. capeferrum* in spezifischen Wirtspflanzen eine systemische Resistenz gegen Pathogene induzieren kann [4].

Der Stamm WCS358 wurde taxonomisch lange als Stamm der Spezies *P. putida* beschrieben. Vergleichende Untersuchungen der 16S rRNA von *housekeeping*-Genen sowie des gesamten Genoms zeigen jedoch speziesspezifische Unterschiede, weshalb WCS358 einer eigenen Spezies (*P. capeferrum*) innerhalb der *P. putida*-Gruppe nach Mulet zugeordnet wurde [3; 5]. Bei der Analyse des Genoms wurden keine genetischen Informationen für Virulenzfaktoren human- oder tierpathogener bakterieller Erreger wie funktionelle Typ-III-Sekretionssysteme, Toxine oder proteolytische Exoenzyme identifiziert.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Pseudomonas capeferrum* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

P. capeferrum ist ein weit verbreitetes Bodenbakterium mit Pflanzenwachstum-stärkenden Eigenschaften. Auch wenn die Spezies lange als *P. putida* bezeichnet wurde, liegen derzeit keine Hinweise auf eine Pathogenität für Mensch oder Tier vor. Vielmehr belegen Genomanalysen die Zugehörigkeit zu einer eigenen Spezies, für die keine Virulenzfaktoren beschrieben sind.

Literatur

1. **Geels FP and Schippers B** (1983). Selection of Antagonistic Fluorescent *Pseudomonas* spp. and their Root Colonization and Persistence following Treatment of Seed Potatoes. *Phytopath Z.* **108**:193-206.
2. **Geels FP and Schippers B** (1983). Reduction of Yield Depressions in High Frequency Potato Cropping Soil after Seed Tuber Treatments with Antagonistic Fluorescent *Pseudomonas* spp. *Phytopath Z.* **108**:207-214.
3. **Berendsen RL, van Verk MC, Stringlis IA, Zamioudis C, Tommassen J, Pieterse CMJ and Bakker PAHM** (2015). Unearthing the genomes of plant-beneficial *Pseudomonas* model strains WCS358, WCS374 and WCS417. *BMC Genomics* **16**:593

4. **Verhagen BW, Trotel-Aziz P, Couderchet M, Höfte M, Aziz A** (2010) *Pseudomonas* spp.-induced systemic resistance to *Botrytis cinerea* is associated with induction and priming of defence responses in grapevine. *J Exp Bot.* **61**(1):249-60.
5. **Mulet M, Lalucat J, García-Valdés E** (2010). DNA sequence-based analysis of the *Pseudomonas* species. *Environ Microbiol.* **12**:1513–30.