

**Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von**  
***Ustilaginoidea virens***  
**als Spender- oder Empfängerorganismus**  
**gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

**Allgemeines**

*Ustilaginoidea virens* (früher: *Claviceps virens*, *Claviceps oryzae-sativae*; Teleomorph: *Villosiclava virens*) ist ein Ascomycet, der der Familie der *Clavicipitaceae* zugeordnet wird [1]. Er kommt vor allem in den subtropischen und tropischen Regionen Asiens, Afrikas, Nordamerikas und Australiens vor, wurde aber auch schon in Italien festgestellt [2, 3].

*U. virens* löst bei Reispflanzen die *false smut disease* aus, bei der der Pilz die Reisblüte infiziert. Im Verlauf der Erkrankung wird der Fruchtknoten durch Pilzgewebe ersetzt und der Pilz bildet kugelförmige Kolonien in den Blüten, auf denen Sklerotien und/oder Chlamydosporen gebildet werden. Der Befall vermindert erheblich den Ertrag der Pflanzen und die Reisqualität [4]. *U. virens* produziert verschiedene Mykotoxine, u. a. Ustiloxine und Ustilaginidine [5]. Wässrige Extrakte der kugelförmigen Kolonien sind toxisch für Pflanzen und Tiere [6, 7].

Neben Reis kann *U. virens* auch Gräser, die auf bzw. in der Nähe von Reisfeldern wachsen (*Chionachne koenigii*, *Oryza officinalis*, *Digitaria marginata*, *Panicum trypheron*, *Echinochloa crusgalli*, *Imperata cylindrica*), sowie Mais infizieren [2, 8]. Infektionen treten jedoch weit seltener als bei Reispflanzen auf und haben eine geringe ökonomische Bedeutung [8].

Die Genomsequenz von *U. virens* ist verfügbar [9, 10]. Eine Analyse ergab, dass *U. virens* innerhalb der Familie der *Clavicipitaceae* am engsten mit insektenpathogenen *Metarhizium* spp. verwandt ist. Im Genom von *U. virens* fehlen viele Gene, deren Genprodukte für den Abbau der Pflanzenzellwandbestandteile Zellulose, Pektin und Xylan erforderlich sind, sowie Gene für Transporter der *major facilitator superfamily*, für Nährstoffsensoren und für Gene des Sekundärstoffwechsels. Bei vielen dieser Gene handelt es sich um Gene, die für die Ausprägung der Pathogenität anderer phytopathogener Pilze wichtig sind. Wegen der engen Verwandtschaft zu insektenpathogenen Pilzen und dem vergleichsweise reduzierten Arsenal an Virulenzfaktorgenen wird angenommen, dass ein evolutionärer Vorfahr von *U. virens* ein insektenpathogener Pilz war und von einem Insektenwirt zu einem Pflanzenwirt gewechselt ist, der in der gleichen Umgebung vorkam (*host habitat hypothesis*) [1, 9].

**Empfehlung**

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

## Begründung

Mais, eine der Wirtspflanzen von *U. virens*, kommt in Deutschland und benachbarten Ländern vor, der Pilz jedoch nicht. In Übereinstimmung mit der Stellungnahme der ZKBS zu Kriterien der Bewertung und der Einstufung von Pflanzenviren, phytopathogenen Pilzen und phytopathogenen Bakterien als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten (Az. 6750-10-53, April 2007) wird *U. virens* der Risikogruppe 2 zugeordnet.

Die Bildung von Mykotoxinen ist bei der Gefährdungsbeurteilung zu berücksichtigen. Beim Umgang mit *U. virens* sollen Maßnahmen ergriffen werden, um die Exposition gegenüber den durch den Pilz gebildeten Mykotoxinen und die Verbreitung des Pilzes zu verhindern.

## Literatur

1. **Kepler RM, Sung GH, Harada Y, Tanaka K, Tanaka E, Hosoya T, Bischoff JF, Spatafora JW** (2012). Host jumping onto close relatives and across kingdoms by *Tyrannicordyceps* (*Clavicipitaceae*) gen. nov. and *Ustilaginoidea* (*Clavicipitaceae*). *Am J Botan* **99**(3):552–61.
2. **Abbas HK, Sciumbato G, Keeling B** (2002). First Report of False Smut of Corn (*Zea mays*) in the Mississippi Delta. *Plant Dis* **86**(10):1179.
3. **Centre for Agriculture and Bioscience International** (2019). *Ustilaginoidea virens* (false smut) distribution map <https://www.cabi.org/isc/datasheet/55958>. Besucht am 20.05.2021.
4. **Sun W, Fan J, Fang A, Li Y, Tariqjaveed M, Li D, Hu D, Wang W-M** (2020). *Ustilaginoidea virens*: Insights into an Emerging Rice Pathogen. *Annu Rev Phytopathol* **58**:363–85. E-Pub ahead of print 5/4/2020.
5. **Meng J, Sun W, Mao Z, Xu D, Wang X, Lu S, Lai D, Liu Y, Zhou L, Zhang G** (2015). Main Ustilaginoidins and Their Distribution in Rice False Smut Balls. *Toxins* **7**(10).
6. **Li Y, Koiso Y, Kobayashi H, Hashimoto Y, Iwasaki S** (1995). Ustiloxins, new antimetabolic cyclic peptides: interaction with porcine brain tubulin. *Biochem Pharmacol* **49**(10):1367–72.
7. **Saleh M, Zidan NE-HA** (2021). Impact of *Ustilaginoidea virens* mycotoxins on rice seed germination and their feeding risk. *Egypt J Agric Res* **99**(1):1–9.
8. **Gohel N** (2014). A new report of false head smut [*Ustilaginoidea virens* (Cooke) Takahashi] of maize (*Zea mays* L.) from Gujarat, India. *Bioscan* **9**(3):1367–72.
9. **Zhang Y, Zhang K, Fang A, Han Y, Yang J, Xue M, Bao J, Hu D, Zhou B, Sun X, Li S, Wen M, Yao N, Ma L-J, Liu Y, Zhang M, Huang F, Luo C, Zhou L, Li J, Chen Z, Miao J, Wang S, Lai J, Xu J-R, Hsiang T, Peng Y-L, Sun W** (2014). Specific adaptation of *Ustilaginoidea virens* in occupying host florets revealed by comparative and functional genomics. *Nat Commun* **5**:3849.
10. **Zhang K, Zhao Z, Zhang Z, Li Y, Li S, Yao N, Hsiang T, Sun W** (2021). Insights into genomic evolution from the chromosomal and mitochondrial genomes of *Ustilaginoidea virens*. *Phytopathol Res* **3**(1):1–15.