

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

Allgemeines

Pantoea eucalypti ist ein Gram-negatives, bewegliches, fakultativ anaerobes Gammaproteobakterium aus der Familie *Erwiniaceae*. Es wurde früher fälschlicherweise den Spezies *Pantoea agglomerans* bzw. *Erwinia herbicola* zugeordnet [1–3].

P. eucalypti wurde isoliert von Eukalyptusblättern mit Blattfäule in Uruguay [1], als wachstumsförderndes Bakterium der Rhizosphäre von Salz-Hornklee in Argentinien [4], von gesunden Blättern eines Birnbaums und von einem Borkenkäfer in den USA [2, 5], von gesunden Distel- und Tomatenblättern, von Mais- und Bohnenblättern mit Krankheitssymptomen sowie aus Gänsekot in Kanada [6] sowie als Endophyt von *Pinus massoniana* mit wachstumsförderndem Effekt in China [7]. Das Isolat aus der Rhizosphäre des Salz-Hornklees förderte das Wachstum von *Eucalyptus grandis* [8].

P. eucalypti wächst bei 25 bis 30 °C [1, 4, 6, 7]. Bei 25 °C wächst es nach Inokulation auf Maisblättern, auf Zwiebelblättern oder auf Fruchtfliegen jedoch nur schwach [6].

In klinischem Zusammenhang sind drei Isolate von *P. eucalypti* aus Kanada bekannt. *P. eucalypti* wurde isoliert aus der Bronchial-Lavage eines 37-Jährigen mit Husten, einer oberflächlichen Wunde einer 52-Jährigen und dem Blut eines Mannes unbekanntes Alters. Es wurde weder der Immun- oder Gesundheitszustand der Personen beschrieben noch ob weitere Mikroorganismen ko-isoliert worden waren [6, 9].

P. eucalypti kann durch *multilocus sequence typing* der Gene *gyrB*, *rpoB*, *atpD* und *infB* oder durch den Vergleich der Sequenz des *cpn60*-Gens (Ortholog in *Escherichia coli*: *groEL*) von anderen *Pantoea*-Spezies unterschieden werden. Der Vergleich der 16S rRNA-Sequenz und die *matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight*-Massenspektrometrie (MALDI-TOF-MS) sind ungeeignet, um *Pantoea* spp. korrekt voneinander zu differenzieren [9, 10].

P. eucalypti 299R wird seit einigen Jahren als Modellorganismus für apathogene bakterielle Epiphyten eingesetzt [11–13]. Die Genomsequenz von *P. eucalypti* 299R liegt vor. Das Genom enthält Gene für Proteine, die an der Aufnahme von Zuckerverbindungen, Reparatur von UV-geschädigter DNA, Biosynthese der osmoprotektiven Verbindungen Trehalose und Betain, Indolesigsäure-, Thiamin- und Carotenoid-Biosynthese und dem Kohlenhydratstoffwechsel beteiligt sind [14].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea)“ ist *P. eucalypti* der Risikogruppe 1 mit dem Index „p¹“ zugeordnet [15].

¹ „Pathogen für Pflanzen; als pflanzenpathogen werden ausschließlich Prokaryonten bezeichnet, von denen bekannt ist, dass sie Pflanzenkrankheiten verursachen. [...] Aufgrund des Pflanzenschutzgesetzes können über die hier unter dem Gesichtspunkt des Arbeitsschutzes vorgenommene Einstufung hinaus Maßnahmen erforderlich sein.“

Empfehlung

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

Begründung

Isolate von *P. eucalypti* wurden zwar in sehr wenigen Einzelfällen in klinischem Zusammenhang in Patientenmaterialien bzw. in Pflanzen mit Krankheitssymptomen mit hoher Wahrscheinlichkeit identifiziert. Es existieren jedoch keine systematischen Berichte bzw. Untersuchungen, in denen *P. eucalypti* als Auslöser von Erkrankungen bei immunkompetenten Menschen oder Tieren oder bei Pflanzen identifiziert wurde.

Literatur

1. **Brady CL, Venter SN, Cleenwerck I, Engelbeen K, Vancanneyt M, Swings J, Coutinho TA** (2009). *Pantoea vagans* sp. nov., *Pantoea eucalypti* sp. nov., *Pantoea deleyi* sp. nov. and *Pantoea anthophila* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* **59**(Pt 9):2339–45.
2. **Brandl MT, Lindow SE** (1998). Contribution of Indole-3-Acetic Acid Production to the Epiphytic Fitness of *Erwinia herbicola*. *Appl Environ Microbiol* **64**(9):3256–63.
3. **Tambong JT** (2019). Taxogenomics and Systematics of the Genus *Pantoea*. *Front Microbiol* **10**:2463.
4. **Castagno LN, Estrella MJ, Sannazzaro AI, Grassano AE, Ruiz OA** (2011). Phosphate-solubilization mechanism and in vitro plant growth promotion activity mediated by *Pantoea eucalypti* isolated from *Lotus tenuis* rhizosphere in the Salado River Basin (Argentina). *J Appl Microbiol* **110**(5):1151–65.
5. **Palmer M, Steenkamp ET, Coetzee MPA, Chan WY, van ZE, De MP, Coutinho TA, Blom J, Smits THM, Duffy B, Venter SN** (2017). Phylogenomic resolution of the bacterial genus *Pantoea* and its relationship with *Erwinia* and *Tatumella*. *Antonie van Leeuwenhoek* **110**(10):1287–309.
6. **Nadarasah G, Stavrinides J** (2014). Quantitative evaluation of the host-colonizing capabilities of the enteric bacterium *Pantoea* using plant and insect hosts. *Microbiology* **160**(Pt 3):602–15.
7. **Song Z, Lu Y, Liu X, Wei C, Oladipo A, Fan B** (2020). Evaluation of *Pantoea eucalypti* FBS135 for pine (*Pinus massoniana*) growth promotion and its genome analysis. *J Appl Microbiol* **129**(4):958–70.
8. **Cháin JM, Tubert E, Graciano C, Castagno LN, Recchi M, Pieckenstain FL, Estrella MJ, Gudesblat G, Amodeo G, Baroli I** (2020). Growth promotion and protection from drought in *Eucalyptus grandis* seedlings inoculated with beneficial bacteria embedded in a superabsorbent polymer. *Sci Rep* **10**(1):1–17.
9. **Soutar CD, Stavrinides J** (2019). Molecular validation of clinical *Pantoea* isolates identified by MALDI-TOF. *PLoS one* **14**(11):e0224731.
10. **Brady C, Cleenwerck I, Venter S, Vancanneyt M, Swings J, Coutinho T** (2008). Phylogeny and identification of *Pantoea* species associated with plants, humans and the natural environment based on multilocus sequence analysis (MLSA). *Syst Appl Microbiol* **31**(6):447–60.
11. **Leveau JH, Lindow SE** (2001). Appetite of an epiphyte: quantitative monitoring of bacterial sugar consumption in the phyllosphere. *PNAS* **98**(6):3446–53.
12. **Monier JM, Lindow SE** (2005). Aggregates of resident bacteria facilitate survival of immigrant bacteria on leaf surfaces. *Microb Ecol* **49**(3):343–52.
13. **Tecon R, Leveau JH** (2012). The mechanics of bacterial cluster formation on plant leaf surfaces as revealed by bioreporter technology. *Environ Microbiol* **14**(5):1325–32.

14. **Remus-Emsermann MN, Kim EB, Marco ML, Tecon R, Leveau JH** (2013). Draft Genome Sequence of the Phyllosphere Model Bacterium *Pantoea agglomerans* 299R. *Genome Announc* **1**(1):e00036-13.
15. **TRBA** (2015). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466) <https://www.baua.de/DE/Angebote/Rechtstexte-und-Technische-Regeln/Regelwerk/TRBA/TRBA-466.html>. Besucht am 01.03.2022.