

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
***Ralstonia syzygii* ssp. *celebesensis*, *Ralstonia syzygii* ssp. *indonesiensis* und**
Ralstonia syzygii* ssp. *syzygii
als Spender- oder Empfängerorganismen
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Bei *Ralstonia syzygii* handelt es sich um aerobe, Gram-negative, Katalase-positive β -Proteobakterien der Familie *Burkholderiaceae*. Die Spezies gehört zum *Ralstonia solanacearum*-Spezieskomplex (RSSC) und wird in drei Subspezies unterteilt [1, 2]. Einen Überblick über die Zuordnung der Spezies zu den früheren Phylotypen bzw. Kladen gibt [3]. Das Temperaturoptimum der Bakterien liegt bei 28 °C [1].

Ralstonia syzygii ssp. *celebesensis* war bis zur Zuordnung zur Spezies *R. syzygii* im Jahr 2014 unklassifiziert und wurde als *blood disease bacterium* bezeichnet. Das Bakterium kommt in Indonesien, Malaysia und Papua-Neu Guinea vor [4]. Es verursacht die sog. *blood disease* bei Bananen- und Kochbananenpflanzen, deren Symptome vergilbte bzw. verwelkte Blätter, verschrumpelte Blüten und Früchte mit verfaultem Fruchtfleisch sind. Bei Verletzungen sondert die Pflanze rötliche Tropfen ab, was namensgebend für die Erkrankung ist. Die Infektion kann über die Wurzel oder durch Wespen, Bienen und Fliegen erfolgen, die wegen des zuckerhaltigen Nektars die männlichen Blüten besuchen. Von den Blüten bzw. Wurzeln aus wird das Xylem kolonisiert. Außerdem kann sich das Bakterium über infizierten Boden und kontaminierte Werkzeuge verbreiten. Im Boden kann *R. syzygii* ssp. *celebesensis* für mindestens ein Jahr überleben.

Neben Bananen und Kochbananen kann *R. syzygii* ssp. *celebesensis* auch Zierpflanzen (Gattung *Heliconia*, *Strelitzia reginae*, *Canna indica*, *Datura stramonium*, *Asclepios currassavica*) und Schwarzen Nachtschatten infizieren. Im Gegensatz zu anderen Spezies des RSSC werden Kartoffel-, Auberginen-, Erdnuss-, Tabak-, Chili- bzw. Paprikapflanzen sowie Ingwerpflanzen nicht infiziert [5].

Resistente Bananenvarietäten stehen nicht zur Verfügung. Die Bekämpfung erfolgt, indem phytosanitäre Maßnahmen ergriffen und die Übertragung durch Insekten eingeschränkt wird. Hierfür werden Insektizide versprüht oder Nützlinge wie *Bacillus* sp., *Beauveria bassiana* oder Nematoden eingesetzt [6].

Die Genomsequenz von *R. syzygii* ssp. *celebesensis* liegt vor [2, 7].

Ralstonia syzygii ssp. *indonesiensis* wurde bis 2014 als *R. solanacearum* Phylotyp IV bezeichnet. Das Bakterium kommt auf Mauritius sowie in China, Indien, Japan, Korea und den

Philippinen vor. Es liegt ein Bericht zum Auftreten des Bakteriums in Australien aus dem Jahr 1979 vor, es wurde dort inzwischen jedoch wieder eliminiert [4].

R. syzygii ssp. *indonesiensis* kann Tabakpflanzen, Kartoffel-, Gewürznelken-, Tomaten- und Paprikapflanzen infizieren und ruft eine Bakterienwelke hervor, bei der die Pflanzen vollständig eingehen. Im Gegensatz zu *R. solanacearum* kann *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* Kartoffelpflanzen aufgrund seiner Temperaturadaptation nur in den Tropen und Subtropen, nicht jedoch in den gemäßigten Breiten infizieren [8]. *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* kann im Boden lange überdauern [9]. Es stehen keine resistenten Kartoffel-Zuchtlinien zur Verfügung. Zudem wurde berichtet, dass *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* auch Zuchtlinien infizieren kann, die gegen *R. pseudosolanacearum* resistent sind [6]. Die Bekämpfung der Pflanzenkrankheit beruht vor allem auf der Ergreifung von phytosanitären Maßnahmen. Die Genomsequenz von *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* liegt vor [2].

Ralstonia syzygii ssp. *syzygii* wurde zunächst als *Pseudomonas syzygii* beschrieben [10]. Es stellte bis zur taxonomischen Umordnung 2014 den einzigen Vertreter der Spezies *R. syzygii* dar. Das Bakterium kommt nur in Indonesien und Sumatra vor und ruft eine Erkrankung (*Sumatra disease*) bei Gewürznelkenpflanzen hervor. Diese äußert sich durch Welkesymptome und vorzeitigen Blattfall. Betroffene Äste vertrocknen und der Baum stirbt innerhalb von sechs bis 18 Monaten ab [11]. Der Wirtsbereich von *R. syzygii* ssp. *syzygii* beschränkt sich auf Gewürznelkenpflanzen und einzelne weitere Spezies der Familie *Myrtaceae* wie *Syzygium aquaeum*, die nur in den Tropen und Subtropen vorkommen [12]. Das Bakterium wird durch die am Xylem saugenden Zikaden *Hindola fulva* und *Hindola striata*, aber auch durch kontaminierte landwirtschaftliche Ausrüstung übertragen [13]. Es infiziert Xylemzellen und vermehrt sich im Xylem.

Die Erkrankung verursacht Ernteverluste von 5 – 10 % pro Jahr [6] und kann durch den Einsatz von Insektiziden mit den Wirkstoffen Aldicarb und Carbofuran (in der Europäischen Union nicht zugelassen) oder Antibiotika bekämpft werden, wobei die dauerhafte Bekämpfung mit Antibiotika nicht praktikabel ist. Resistente Gewürznelkensorten stehen nicht zur Verfügung. Zurzeit werden Strategien untersucht, das Bakterium selbst durch den Einsatz von endophytischen Bakterien bzw. die Vektoren durch den Einsatz von Parasiten der Zikaden zu bekämpfen [6].

Die Genomsequenz von *R. syzygii* ssp. *syzygii* liegt vor [2].

In der TRBA 466 Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) werden *R. syzygii* ssp. *celebesensis*, *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* und *R. syzygii* ssp. *syzygii* der Risikogruppe 1 mit dem Hinweis p2¹ zugeordnet [14].

¹ „Wegen der Pflanzenpathogenität können aus pflanzenschutzrechtlicher Sicht Sicherheitsmaßnahmen erforderlich werden, die, vergleichbar mit den Sicherheitsmaßnahmen der Schutzstufe 2, ein Entweichen des Prokaryonten in die äußere Umgebung bzw. in andere Arbeitsbereiche minimieren.“

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV wird *Ralstonia syzygii* ssp. *syzygii* der **Risikogruppe 1** zugeordnet. *Ralstonia syzygii* ssp. *celebesensis* und *Ralstonia syzygii* ssp. *indonesiensis* werden als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

R. syzygii ssp. *syzygii* wird gemäß 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. 6790-10-53, April 2007) der **Risikogruppe 1** zugeordnet, weil sich der Wirtsbereich des Bakteriums auf Gewürznelken und andere Pflanzen der *Myrtaceae* beschränkt, die in Europa bislang nicht angebaut werden.

Bei *R. syzygii* ssp. *celebesensis* und *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* handelt es sich um phytopathogene Bakterien, die in Deutschland bisher nicht nachgewiesen wurden, deren Wirtspflanzen aber in Deutschland verbreitet sind. Gemäß 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. 6790-10-53, April 2007) werden sie daher der **Risikogruppe 2** zugeordnet. Für beide Subspezies bestehen pflanzenschutzrechtliche Vorgaben (s. Hinweise).

Hinweise

R. syzygii ssp. *celebesensis* und *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* sind in Anhang II Teil A der „Durchführungsverordnung (EU) 2019/2072 der Kommission zur Festlegung einheitlicher Bedingungen für die Durchführung der Verordnung (EU) 2016/2031 des Europäischen Parlaments und des Rates in Bezug auf Maßnahmen zum Schutz vor Pflanzenschädlingen und zur Aufhebung der Verordnung (EG) Nr. 690/2008 der Kommission sowie zur Änderung der Durchführungsverordnung 2018/2019 der Kommission“ als Quarantäneschadorganismen gelistet, die nicht im Gebiet der Europäischen Union auftreten. Außerdem ist *R. syzygii* als Spezies auf der A1-Liste der *European and Mediterranean Plant Protection Organisation* (EPPO) als Erreger verzeichnet, der in der EPPO-Region vorkommt und dessen Bekämpfung als Quarantäneschadorganismus den EPPO-Mitgliedsstaaten empfohlen wird.

Bei gentechnischen Arbeiten mit *R. syzygii* ssp. *celebesensis* und *R. syzygii* ssp. *indonesiensis* sind die entsprechenden pflanzenschutzrechtlichen Vorgaben zu berücksichtigen. Vor der Aufnahme von gentechnischen Arbeiten müssen Antragsteller mit dem für ihr Bundesland zuständigen Pflanzengesundheitsdienst Kontakt aufnehmen, um den Umgang mit dem Schadorganismus anzuzeigen und die Handhabung (Kultur, Vermehrung und Beseitigung) mit den Verantwortlichen des Pflanzengesundheitsdienstes abzustimmen.

R. syzygii ssp. *syzygii* ist nicht in Anhang II der Durchführungsverordnung (EU) 2019/2072 verzeichnet.

Literatur

1. **Safni I, Cleenwerck I, Vos P de, Fegan M, Sly L, Kappler U** (2014). Polyphasic taxonomic revision of the *Ralstonia solanacearum* species complex: proposal to emend the descriptions of *Ralstonia solanacearum* and *Ralstonia syzygii* and reclassify current *R. syzygii* strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *syzygii* subsp. nov., *R. solanacearum* phylotype IV strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *indonesiensis* subsp. nov., banana blood disease bacterium strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *celebesensis* subsp. nov. and *R. solanacearum* phylotype I and III strains as *Ralstonia pseudosolanacearum* sp. nov.. *Int J Syst Evol Microbiol* **64**(Pt 9):3087–103.
2. **Prior P, Ailloud F, Dalsing BL, Remenant B, Sanchez B, Allen C** (2016). Genomic and proteomic evidence supporting the division of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum* into three species. *BMC Genomics* **17**(1):1–11.
3. **Paudel S, Dobhal S, Am Alvarez, Arif M** (2020). Taxonomy and Phylogenetic Research on *Ralstonia solanacearum* Species Complex: A Complex Pathogen with Extraordinary Economic Consequences. *Pathogens (Basel, Switzerland)* **9**(11):886.
4. **EPPO** (2022). *Ralstonia syzygii* World distribution. <https://gd.eppo.int/taxon/RALSSY/distribution>. Besucht am 03.08.2022.
5. **Baharuddin B** (1994). Pathological, biochemical, and serological characterization of the blood disease bacterium affecting banana and plantain (*Musa* spp.) in Indonesia. Dissertation. Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen.
6. **Safni I, Subandiyah S, Fegan M** (2018). Ecology, Epidemiology and Disease Management of *Ralstonia syzygii* in Indonesia. *Front Microbiol* **9**:419.
7. **Prakoso AB, Joko T, Soffan A, Sari JP, Ray JD, Drenth A, Subandiyah S** (2022). Draft Genome Sequence of *Ralstonia syzygii* subsp. *celebesensis* from Indonesia, the Causal Agent of Blood Disease of Banana. *Phytopathology* **112**(7):1584–6.
8. **Ailloud F, Lowe T, Cellier G, Roche D, Allen C, Prior P** (2015). Comparative genomic analysis of *Ralstonia solanacearum* reveals candidate genes for host specificity. *BMC Genomics* **16**(1):1–11.
9. **Suga Y, Horita M, Umekita M, Furuya N, Tsuchiya K** (2013). Pathogenic characters of Japanese potato strains of *Ralstonia solanacearum*. *J Gen Plant Pathol* **79**(2):110–4.
10. **Roberts SJ, Eden-Green SJ, Jones P, Ambler DJ** (1990). *Pseudomonas syzygii*, sp. nov., the Cause of Sumatra Disease of Cloves. *System Appl Microbiol* **13**(1):34–43.
11. **Bennett CPA, Hunt P, Asman A** (1985). Association of a xylem-limited bacterium with Sumatra disease of cloves in Indonesia. *Plant Pathol* **34**(4):487–94.
12. **Lomer CJ, Eden-Green SJ, Boa ER, Supriadi S** (1992). Evidence for a forest origin of Sumatra disease of cloves. *Trop Sci*(32):95–8.
13. **Eden Green SJ, Balfas R, Sutarjo T, Jamalius** (1992). Characteristics of the transmission of Sumatra disease of cloves by tube-building cercopoids, *Hindola* spp.. *Plant Pathol* **41**(6):702–12.
14. **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 17.08.2022.