



Mitteilungen

aus der Biologischen Bundesanstalt
für Land- und Forstwirtschaft Berlin-Dahlem

**55. Deutsche Pflanzenschutztagung
in Göttingen 25. - 28. September 2006**

400

Herausgegeben von der
Biologischen Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft
Berlin und Braunschweig

2006

Weitere SSCP-Analysen müssen zeigen, ob ähnliche Variabilitätswerte in der HSP70h- oder der RdRp-Domäne auftreten. Der Selektionsdruck sollte im genomischen Bereich des CP-Gens niedriger sein als in den anderen Regionen, da die Virusübertragung und -verbreitung hauptsächlich über Pfropfung / Vermehrung und Handel mit Reben geschieht und natürliche Vektoren dabei kaum eine Rolle spielen.

46-8 – Gentkow, J.¹⁾; Barga, S. von¹⁾; Rebenstorf, K.¹⁾; Candresse, T.²⁾; Büttner, C.¹⁾

¹⁾ Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät,
Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin

²⁾ INRA Bordeaux-Aquitaine, BP 81

Cherry leaf roll virus – Wirtspflanzenspezifische genetische Struktur eines pollenbürtigen Pflanzenvirus

Cherry leaf roll virus – Host-species-dependent genetic structure of a pollen-borne plant virus

Das Cherry leaf roll virus (CLRV) ist ein weltweit verbreitetes Pflanzenvirus, das Laubgehölze und Stauden natürlich infiziert. CLRV ist bislang das einzige bekannte Pflanzenvirus, das solch einen weiten Wirtspflanzenkreis an Gehölzen aufweist. Die Grundlagen der Anpassungsfähigkeit dieses Virus an verschiedene Wirtspflanzen und Umweltbedingungen sind bisher ungeklärt.

Phylogenetische Untersuchungen einer 375 bp langen Sequenz der 3'NCR (3' non coding region) haben gezeigt, dass die untersuchten 56 CLRV-Proben aus 19 Wirtspflanzenarten in sechs phylogenetische Gruppen differenzierbar sind, die zum großen Teil durch die natürliche Original-Wirtspflanzenart definiert werden. Die phylogenetischen Gruppen stimmten dabei für die untersuchten Proben zum großen Teil mit der serologischen Gruppierung bei Testung von 24 Isolaten mit 7 monoklonalen Antikörpern überein, die gegen ein französisches Walnuss-Isolat des CLRV produziert worden waren (Rebenstorf et al., 2006).

Die genetische Diversität der CLRV-RNA1 und -RNA2 wurde anhand spezifischer kodierender Sequenzabschnitte (RNA1: RdRP, RNA2: Hüllprotein) untersucht. Beim Vergleich eines 523 Nukleotide umfassenden Bereichs der RdRP-Sequenz von vier CLRV-Isolaten aus unterschiedlichen Wirtspflanzen verschiedener Herkunft wurden Sequenzunterschiede zwischen 9–21% festgestellt, die Unterschiede in der entsprechenden Aminosäuresequenz von 1–10% determinieren. Die vollständige Sequenz des Hüllproteins wurde für 8 CLRV-Isolate ermittelt. Auf Nukleotidebene wurden Sequenzunterschiede zwischen 1–23%, auf Aminosäureebene zwischen 1–15% ermittelt. Im Vergleich zu den untersuchten kodierenden Genomabschnitten weist die 3'NCR von 56 untersuchten Isolaten einen höheren Grad der Sequenzkonservierung auf (maximal 17% Unterschied). Die Sequenzähnlichkeiten sowohl der RdRP- als auch der Hüllproteinsequenz der untersuchten CLRV-Isolate entsprechen der von Rebenstorf et al. (2006) beschriebenen phylogenetischen Gruppierung anhand der nicht kodierenden Region. Sie unterstützen den Befund, dass die genetische Struktur von CLRV-Populationen vor allem durch den Einfluss der natürlichen Wirtspflanzenart bestimmt wird, während der Einfluss der geographischen Distanz vergleichsweise gering ist. Möglicherweise ist die Populationsstruktur dieses Virus epidemiologisch begründet, da CLRV im Gegensatz zu anderen Pflanzenviren vorrangig durch Pollen und Samen übertragen wird, was offenbar artspezifische Übertragungsbarrieren zur Folge hat. Die Ergebnisse dieser Arbeiten stellen einen Hinweis für eine Wirts-basierende Selektion der Viruspopulation für ein pollenbürtiges Virus dar, die sowohl RNA1 bzw. RNA2 spezifische als auch kodierende bzw. nicht kodierende Abschnitte des CLRV-Genoms beeinflusst.

Literatur

Rebenstorf, K., Candresse, T., Dulucq, M. J., Büttner, C., Obermeier, C. 2006. Host species-dependent population structure of a pollen-borne plant virus, Cherry leaf roll virus (CLRV). *J. Virol.* 80, 2453–2462.