

Übertragbarkeit von *Cherry leaf roll virus*-Isolaten auf unterschiedliche Gehölgattungen

Juliane Langer, Susanne von Barga, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,
Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D- 14195 Berlin
phytomedizin@agr.ar.hu-berlin.de

Die phylogenetische Analyse verschiedener Genombereiche von *Cherry leaf roll virus* (CLR_V) -Isolaten aus unterschiedlichen Wirtspflanzen und geographischen Herkünften zeigte einen überwiegenden Einfluss der natürlichen Wirtspflanzenart auf die genetische Populationsstruktur des CLR_V. Inwiefern die molekularen Eigenschaften mit den biologischen korrelieren ist epidemiologisch bedeutsam. In einem Freilandversuch wurde daher in erster Linie die Übertragbarkeit von CLR_V-Isolaten auf fünf verschiedene potentielle Wirtsgehölze (*Sambucus nigra*, *Juglans regia*, *Prunus avium*, *Sorbus aucuparia*, *Betula pendula*) untersucht, um die Anpassungsfähigkeit von CLR_V-Isolaten an verschiedene Wirte zu bewerten und möglicherweise artspezifische Übertragungsbarrieren nachzuweisen. Zwei Jahre nach Inokulation der einjährigen Sämlinge mittels der *stem slashing*-Methode konnten in den durch IC-RT-PCR detektierten CLR_V-infizierten Gehölzen die inokulierten CLR_V-Isolate mit Sequenz-basierten Methoden nicht als Infektionsursache nachgewiesen werden. Zudem wurden in nicht inokulierten Kontrollen aller fünf Gehölzarten CLR_V-infizierte Individuen nachgewiesen. Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass eine natürliche Infektion der Versuchsbäume stattgefunden hat. Die CLR_V-Verbreitung im Bestand könnte durch Blattläuse unterstützt worden sein, da Virus-beladene Tiere an Holunderpflanzen nachgewiesen werden konnten. Diese Befunde legen nahe, dass das CLR_V ein natürlich vorkommendes Agens ist, das gesunde Gehölze in kurzer Zeit infizieren kann.