

# Analyse der 3' nicht-kodierenden Region ausgewählter *Cherry leaf roll virus* – Isolate

H. Czesnick, J. Langer, S. von Bargaen und C. Büttner



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

## EINFÜHRUNG

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) ist ein weltweit verbreitetes Nepovirus der Familie *Comoviridae*. Der Wirtspflanzenkreis ist außergewöhnlich weit und umfasst Laub- und Obstgehölzen, sowie Zier- und Gemüsepflanzen.

Serologische und molekularbiologische Analysen weisen auf die Abhängigkeit der genetischen Diversität des CLRV von der Wirtspflanzenart hin. Der Vergleich einer 375 bp langen konservierten Sequenz der 3' nicht kodierenden Region (NCR) führte zu einer phylogenetischen Einteilung von 56 Isolaten in sechs Hauptgruppen (A = Sübkirsche, B = Rhabarber, C = Himbeere,

D1 = Walnuss-West, D2 = Walnuss-Ost, E = Holunder; Abb.3). Die phylogenetische Analyse der Hüllprotein-kodierenden Sequenz von 12 CLRV-Isolaten bestätigt diese Einteilung (Abb.2). In Hinblick auf die unterschiedliche phylogenetische Gruppierung des CLRV-Isolats aus Himbeere scheint es jedoch weitere Mechanismen zu geben, welche die genetische Heterogenität des CLRV beeinflussen.

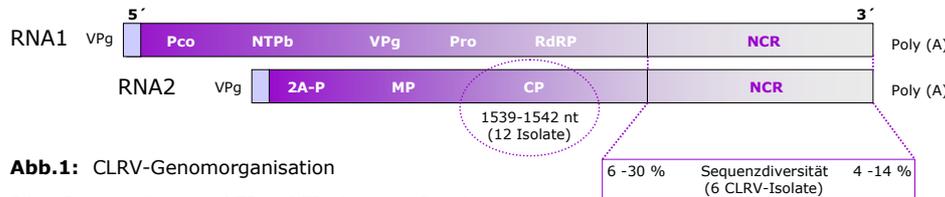


Abb.1: CLRV-Genomorganisation

PCo – Protease Cofaktor, NTPb – NTP-bindendes Protein, VPg – Genom-gekoppeltes virales Protein, Pro – Protease, RdRp – RNA-abhängige RNA-Polymerase, 2A-P – Protein unbekannter Funktion, MP – Transportprotein, CP – Hüllprotein, NCR – nicht kodierende Region

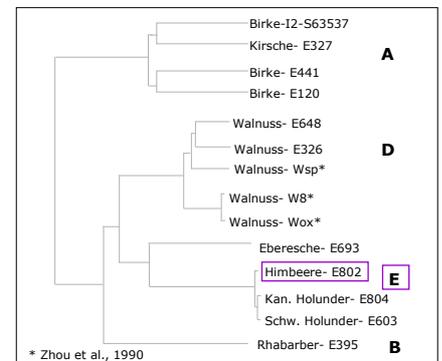


Abb.2: Phylogenetische Analyse der Hüllprotein- Sequenz von 14 CLRV-Isolaten

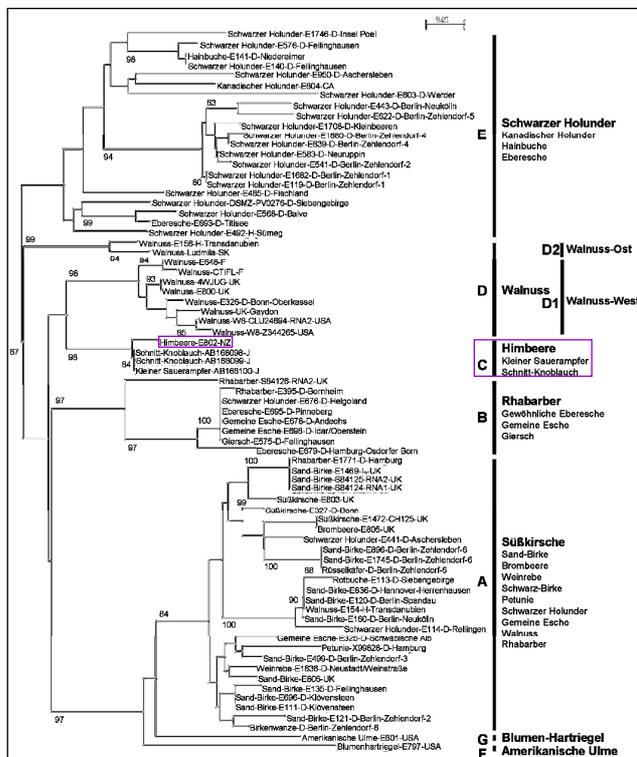


Abb.3: Phylogenetische Gruppierung von 56 Isolaten auf Basis eines 375 bp langen Fragments der 3' NCR (Rebenstorf et al., 2006)

## 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.  
 Bandte, M., Eschevarria-Laza, H.-J., Paschek, U., Ulrichs, C., Pestemer, W., Schwarz, D., Büttner, C. (2007): Transmission of plant viruses by water. In *Colombia Hortícola: Retos y oportunidades* (Eds. G. Fischer, S. Magnitskiy, L.e. Florez, D. Miranda and A. Medina), Produmedios, Bogota, Colombia, 31-43.

## CLRV-HIMBEER-ISOLAT

Das CLRV-Himbeer-Isolat E802 aus Neuseeland ist bisher das einzige Isolat, das nach Analyse zweier verschiedener Genombereiche in unterschiedliche phylogenetische Gruppen clusterte (Abb. 2 & 3). Vermutlich handelt es sich um eine natürliche Rekombinante aus zwei CLRV-Isolaten. Der Vergleich der gesamten 3' NCR von 6 CLRV-Isolaten zeigte eine hohe Sequenzvariabilität im 5' proximalen Abschnitt der 3' NCR (Abb.1). Hier könnte sich eine Rekombinationsstelle befinden.

Aufgrund der außerordentlich hohen Virulenz in Himbeere wurde CLRV 1986 von der EPPO für die Gattung *Rubus* in die A2 Quarantäneliste aufgenommen. Eine Neuordnung des genetischen Materials durch ein Rekombinationsereignis könnte dieses Verhalten erklären.

## AUSBLICK

Die 3' NCRs des CLRV-Himbeer-Isolats wurden in einer Full-length PCR amplifiziert. Nach der Sequenzierung folgt die Suche nach einer Stelle, an welcher der Wechsel der Cluster-Zugehörigkeit erkennbar ist.

Sollte eine Rekombination feststellbar sein, müssen die Transmissionswege des CLRV überprüft werden. Bisher ist eine Samen- und Pollenübertragbarkeit, sowie eine Verbreitung über das Bodenwasser nachgewiesen (Bandte et al., 2007). Die Übertragung von CLRV über tierische Vektoren wird diskutiert.