

Genomorganisation der RNA2 des *Cherry leaf roll virus* (CLR V)

von Barga n, S.¹, Langer, J.¹, Rumbou, A.², Gentkow, J.³, Büttner, C.¹

¹ Humboldt-Universität zu Berlin, Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften, FG Phytomedizin, Kö nigin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin

² aktuelle Adresse: NAGREF, Volos, Griechenland

³ aktuelle Adresse: Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie Weinberg 3, 06120 Halle/Saale

susanne.von.barga n@agr ar.hu-berlin.de

Bisher ist die Genomorganisation des *Cherry leaf roll virus* (CLR V), welches viele Obst- und Laubgehölze infiziert, bis auf wenige Sequenzinformationen der 3' proximalen Bereiche der RNA1 und RNA2 nicht veröffentlicht. CLR V wurde aufgrund der langen 3' nicht-kodierenden Region in die Subgruppe C der Nepoviren eingeordnet. Nach vollständiger Sequenzierung der RNA1 eines CLR V-Isolates aus Rhabarber (E395, unveröffentlichte Daten) liegt erstmals auch die vollständige RNA2-Sequenz dieses Virus vor.

Die genetische Organisation der RNA2 wurde mit anderen Nepoviren verglichen. Die Genomorganisation der RNA2 des CLR V-Isolates E395 aus Rhabarber zeigt höchste Übereinstimmungen zur RNA2 des *Tomato ringspot virus* (ToRSV) Subgruppe C.