

438

Julius-Kühn-Archiv

58. Deutsche Pflanzenschutztagung

10. - 14. September 2012
Technische Universität Braunschweig

- Kurzfassungen der Beiträge -



Julius Kühn-Institut
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Sektion 33 - Molekulare Phytomedizin / Diagnose- und Nachweisverfahren

33-2 - Robel, J.¹⁾; Dieckmann, L.¹⁾; Mühlbach, H.-P.²⁾; von Barga, S.¹⁾; Büttner, C.¹⁾

¹⁾ Humboldt-Universität zu Berlin

²⁾ Universität Hamburg

Genetische Variabilität der Nucleocapsidprotein (p3)- und der p4-kodierenden Genomregion des *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) aus *Sorbus aucuparia* L. verschiedener europäischer Standorte

Genetic variability of the nucleocapsid protein (p3)- and p4-coding region of European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in Sorbus aucuparia L. of various European regions

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) konnte 2005 mit der Ringfleckigkeit der Eberesche assoziiert werden (Benthack et al., 2005), wenig später wurde das gesamte Genom charakterisiert (Mielke und Mühlbach, 2007). Jede RNA des viergeteilten ss(-)RNA-Genoms kodiert für ein Protein. Durch Sequenzver-

gleiche gelang die Zuweisung der möglichen Funktionen der Proteine, die von den ersten drei RNAs kodiert werden. Die RNA4 kodiert für ein Protein (p4, 233 aa), das keine Sequenzähnlichkeiten zu bisher bekannten Proteinen aufweist. Es wird vermutet, dass es sich bei diesem Protein um ein Transport-Protein handelt, das an der systemischen Ausbreitung in der Pflanze bzw. bei der Übertragung durch die als Vektor vermutete Gallmilbe *Phytoptus pyri* beteiligt sein könnte.

Bisher wurde die Variabilität des Nucleocapsid (NC)-kodierenden Genombereichs (RNA3) von EMARaV-Varianten verschiedener Standorte in Finnland und Russland untersucht und eine hohe Konservierung des Nucleocapsids (97 - 99 %) gezeigt (Kallinen et al., 2009, Valkonen und Rännäli 2010). Analog dazu wird die Variabilität des p4 untersucht und mit den bisherigen Ergebnissen diskutiert.

In den Jahren 2010 und 2011 wurden Proben von Ebereschen verschiedener europäischer Standorte mit charakteristischen Symptomen entnommen und die RNA3 sowie die p4-kodierende Genomregion mittels RT-PCR aus Gesamt-RNA amplifiziert. Die generierten Produkte von insgesamt achtzehn Ebereschen wurden im Anschluss sequenziert und die Variabilität des Nicht-Strukturproteins p4 mit der Variabilität des NC-Proteins von EMARaV auf Nucleotid- und Aminosäureebene verglichen.

Literatur

- BENTHACK, W., MIELKE, N., BÜTTNER, C., MÜHLBACH, H.-P., 2005: Double-stranded RNA pattern and partial sequence data indicate plant virus infection associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). *Arch Virol* 150:37-52.
- KALLINEN, A. K., LINDBERG, I. L., TUGUME, A. K., VALKONEN, J. P. T., 2008: Detection, Distribution, and Genetic Variability of *European mountain ash ringspot-associated virus*. *Phytopathology* 99, 344-352.
- MIELKE, N., MUEHLBACH, H.-P., 2007: A novel, multipartite, negative-strand RNA virus is associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). *J Gen Virol* 88, 1337-1346.
- VALKONEN, J. P. T., RÄNNÄLI, M., 2010: First Report of *European mountain ash ringspot-associated virus* in *Sorbus aucuparia* from Eastern Karelia, Russia. *Disease Notes* 94 (7), 921.