

**ARBEITSGEMEINSCHAFT FÜR LEBENSMITTEL-
VETERINÄR- UND AGRARWESEN**



„Pflanzenschutz als Beitrag zur Ernährungssicherung“



Tagungsbericht 2013

BERICHT

ALVA – Jahrestagung 2013

„Pflanzenschutz als Beitrag zur Ernährungssicherung“

23. - 24. Mai 2013

Tagungsort

LFZ für Wein- und Obstbau,

Klosterneuburg

Wiener Straße 74

3400 Klosterneuburg

Tel: +43 (0) 2243 37910

Fax: +43 (0) 2243 26705

www.weinobstklosterneuburg.at

Impressum

Herausgeber

Arbeitsgemeinschaft für Lebensmittel-, Veterinär- und Agrarwesen

Präsident

Univ.-Doz. Dr. Gerhard Bedlan

Für den Inhalt verantwortlich

Die Autoren

Zusammengestellt von

Mag. Astrid Plenk

Druck

RepaCopy Wien DC, Triesterstraße 122, 1230 Wien

© 2013 Arbeitsgemeinschaft für Lebensmittel-, Veterinär- und Agrarwesen

ISSN 1606-612X

Variabilität Protein-kodierender Genombereiche des Cherry leaf roll virus

Variability of protein-coding genome regions of Cherry leaf roll virus

Juliane Langer^{1*}, Artemis Rumbou¹, Jana Gentkow²,
Susanne von Bargaen¹ & Carmen Büttner¹

Zusammenfassung

Das Cherry leaf roll virus (CLRV) der Gattung Nepovirus (Comovirinae, Secoviridae) ist weltweit in einer Vielzahl von verschiedenen Wirtspflanzenarten aus 26 Pflanzengattungen, vornehmlich in Gehölzen, verbreitet. Die beiden genomischen einzelsträngigen RNA-Moleküle des CLRV kodieren für Polyproteine, die durch die virale Protease in die funktionellen Proteine gespalten werden. Die Genomvariabilität wurde anhand der RNA1-kodierten Proteine VPg, Protease, RdRP und des RNA2-kodierten Hüllproteins von CLRV-Isolaten aus verschiedenen Wirtspflanzen untersucht. Auf der Basis von Nukleotid- und Aminosäuresequenzidentitäten differieren die Variabilitätswerte der untersuchten Proteine nur geringfügig bei maximal 22,7 % bzw. 15,1 %. Dagegen zeigte das Verhältnis von synonymen zu nicht-synonymen Nukleotidsubstitutionen, dass insgesamt auf alle untersuchten Protein-kodierenden Genombereiche ein hoher ($dS/dN > 1$), auf die Protease aber der signifikant höchste negative Selektionsdruck wirkt. Dieses lässt vermuten, dass beim CLRV die genetische Evolution der Protease stark eingeschränkt ist und in anderen Protein-kodierenden Genombereichen beispielsweise funktionelle Interaktionen mit wirtsartspezifischen Faktoren eine höhere Variabilität bedingen können.

Abstract

Cherry leaf roll virus (CLRV) is a nepovirus (Comovirinae, Secoviridae.) that occurs worldwide in a multitude of host species in 26 plant genera, predominantly infecting woody species. Both genomic single-stranded, positive-sense RNA molecules of CLRV code for polyproteins, which are cleaved into functional proteins by the viral protease. Genetic variation was estimated for the RNA1-encoded proteins VPg, protease, RdRP, and the RNA2-encoded coat protein (CP) of CLRV isolates from different host species. Based on nucleotide and amino acid sequence identities, variability of analyzed proteins differ only marginal with a maximum of diversity of 22.7 % and 15.1 %, respectively. In contrast, the ratio of synonymous and non-synonymous nucleotide substitutions among the protein-coding regions indicated a high negative selection ($dS/dN > 1$) on the proteins, but significantly highest selective constraints were denoted for the protease ($dS/dN 78.91$). This suggests that genetic evolution of the CLRV protease is more restricted compared to other protein-coding genome regions which might rather functionally interact with host-specific factors providing higher genetic variability of viral proteins.

Adressen der Autoren

¹ Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin

² Leibniz-Institut für Pflanzenbiochemie, Weinberg 3, D-06120 Halle/Saale

* Ansprechpartnerin: DR. Juliane LANGER, langerj@rz.hu-berlin.de