

**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](http://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

# **Heterologe Expression der viralen Proteinase des Cherry leaf roll virus (CLR)**

## **Heterologous expression of the viral proteinase of Cherry leaf roll virus (CLR)**

Markus Rott\*, Carmen Büttner & Susanne von Bargaen

### **Zusammenfassung**

Das bipartite Genom des Cherry leaf roll virus (CLR) besteht aus einzelsträngiger RNA, die zwei Polyproteine (P1 und P2) kodiert. P1 beinhaltet charakteristische Domänen für einen Proteinase-Cofaktor (PCo), eine Helikase (Hel), ein genome-linked Protein (VPg), eine Proteinase (Pro) und eine RNA-abhängige Polymerase (Pol). P2 beinhaltet das movement Protein (MP), das coat Protein (CP), sowie eine Region am 5`-Ende, der noch keine Funktion zugeordnet werden konnte (von Bargaen et al., 2012). Die Polyproteine werden posttranslational durch die virale Proteinase zu funktionellen Einheiten prozessiert. Die Analyse der Vollständigensequenz zeigt diverse putative Prozessierungsstellen. Zur funktionalen Charakterisierung der Proteinase von CLR wird diese, sowie Bereiche des P2-Polyproteins, die putative Erkennungsstellen kodieren, heterolog in *E. coli* exprimiert. Nach nativer Aufreinigung der Proteine werden die proteolytische Aktivität der Proteinase, sowie die putativen Prozessierungsstellen des P2 in vitro experimentell verifiziert.

### **Abstract**

The bipartite genome of the Cherry leaf roll virus (CLR) consists of positively orientated single-stranded RNA, which encodes for two polyproteins (P1 and P2). P1 harbors characteristic domains for a proteinase-cofactor (PCo), a helicase (Hel), a genome-linked protein (VPg), a proteinase (Pro), and an RNA-depending polymerase (Pol). P2 includes the movement protein (MP), the coat protein (CP) and a region at the 5`-end, that has not been functionally assigned by now (von Bargaen et al. 2012). The polyproteins are processed to their functional units by the viral proteinase posttranslationally. In-silico-analysis of the full-length sequence revealed several putative processing-sites. In order to functionally characterize the proteinase of CLR, the proteinase and regions of the P2 comprising putative processing sites are expressed in *E. coli* and purified under native conditions. Subsequently, they will be subjected to in vitro-activity-assays to experimentally verify the proteolytic activity and the putative cleavage sites.

### **Literatur**

VON BARGEN S, LANGER J, ROBEL J, RUMBOU A, BÜTTNER C, 2012: Complete nucleotide sequence of Cherry leaf roll virus (CLR), a subgroup C nepovirus. *Virus Research* 163, 678-683.

### **Adressen der Autoren**

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

\* Ansprechpartner: DR Markus ROTT, markus.rott@agrar.hu-berlin.de