

# **BHGL – Schriftenreihe Band 29, 2013**

---

DEUTSCHE GARTENBAUWISSENSCHAFTLICHE  
GESELLSCHAFT e.V.

UND

BUNDESVERBAND DER HOCHSCHUL-  
ABSOLVENTEN/INGENIEURE GARTENBAU UND  
LANDSCHAFTSARCHITEKTUR e.V. - BHGL

## **48. Gartenbauwissenschaftliche Jahrestagung**

Kurzfassung der Vorträge und Poster

---

Bonn, 27. Februar – 2. März 2013

ISSN 1613-088X

DEUTSCHE GARTENBAUWISSENSCHAFTLICHE  
GESELLSCHAFT e.V.

UND

BUNDESVERBAND DER HOCHSCHUL-  
ABSOLVENTEN/INGENIEURE GARTENBAU UND  
LANDSCHAFTSARCHITEKTUR e.V. - BHGL

**48.**

**Gartenbauwissenschaftliche Jahrestagung**

**Biodiversität: Aktive Nutzung und  
nachhaltige Förderung durch den Gartenbau**

Kurzfassung der Vorträge und Poster

Bonn, 27. Februar - 2. März 2013

ISSN 1613-088X

## **Unredigierte Tagungsinformation**

**Beiträge in ausschließlich wissenschaftlicher Verantwortung  
der jeweiligen Autoren**

**Zusammenstellung:** Holger Hoffmann,  
FG Biosystem- und Gartenbautechnik,  
Leibniz Universität Hannover,  
Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover

**Tagungsorganisation:** Kompetenzzentrum Gartenbau (KOGA),  
Prof. Dr. Georg Noga / Dr. Christa Lankes /  
Dr. Bernhard Oertel,  
c/o Campus Klein-Altendorf, Gartenbau,  
Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und  
Ressourcenschutz (INRES) – Gartenbauwissenschaft,  
Auf dem Hügel 6, 53121 Bonn

und

Geschäftsstelle der Deutschen  
Gartenbauwissenschaftlichen Gesellschaft e.V. (DGG),  
Prof. Dr. Dr. Christian Ulrichs / Nadja Förster

**Herausgeber:** Bundesverband der Hochschulabsolventen/Ingenieure  
Gartenbau und Landschaftsarchitektur e.V., BHGL,  
Claire-Waldoff-Straße 7, 10117 Berlin

und

Deutsche Gartenbauwissenschaftliche Gesellschaft e.V.  
Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin

### Nachweis von Viren in Gehölzen

Anne-Mareen Eisold, Jenny Robel, Luise Dierker, Martina Bandte, Markus Rott, Susanne von Bergen, Carmen Büttner

Humboldt Universität zu Berlin, FG Phytomedizin

phytomedizin@agrار.hu-berlin.de

Viren in Gehölzen des Forstes und öffentlichen Grüns sind weit verbreitet und können wirtschaftliche Schäden verursachen (Büttner *et al.*, im Druck).

Mit Hilfe mehrjähriger, visueller Bonituren bezüglich virusverdächtiger Symptome wie chlorotischen Ringflecken und Scheckung können erste Hinweise zum Auftreten dieser Pathogene gesammelt werden. Für den spezifischen Nachweis eines Virus sind serologische oder molekulare Verfahren notwendig. So hat beispielsweise das Auftreten charakteristischer Symptome wie Adernbänderung, chlorotische Ringflecken, Blattrollen und Kleinblättrigkeit an Birken (*Betula pendula* ROTH, *Betula pubescens* EHRH.) im finnischen und skandinavischen Raum seit Beobachtung der ersten Symptome im Jahr 2002 massiv zugenommen (Jalkanen *et al.*, 2007). Diese Symptome stehen in Verbindung mit dem *Cherry leaf roll virus* (CLRV). Für die Routinediagnostik von CLRV in Gehölzen wurde die IC-RT-PCR etabliert (Werner *et al.*, 1997). Dazu werden die CLRV-Partikel aus dem Pflanzenhomogenat durch spezifische Antikörper gebunden und anschließend die virale RNA mit Hilfe einer RT-PCR nachgewiesen. Alternativ kann eine RNA-Isolierung aus dem Pflanzenmaterial mit nachfolgender RT-PCR durchgeführt werden. Für das neuartige *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) in der Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.) wurde ebenfalls eine RT-PCR zur Routinediagnostik etabliert (Mielke *et al.*, 2008). Als Startpunkt für die DNA-Replikation wurden *Primer*-Paare von jeder der vier viralen RNAs des EMARaV abgeleitet.

Die Identifizierung bisher unbekannter Viren in Gehölzen erfordert eine mehrjährige Vorgehensweise. Derzeit erfolgt die Untersuchung eines in Flatterulmen (*Ulmus laevis* PALL.) auftretenden bisher unbekanntem Erregers, der mit chlorotischen Ringflecken und Nekrosen assoziiert ist (Büttner und Führling, 1993). Zur Entwicklung eines standardisierten Nachweisverfahrens muss dieser Erreger charakterisiert werden. Ausgehend von der Isolierung virusspezifischer, doppelsträngiger RNA (dsRNA) (Tsanetakis und Martin, 2008) sollen Sequenzinformationen mittels RT-PCR unter Verwendung unspezifischer *Primer* (*random hexamere*) generiert werden. Datenbankabgleiche ermöglichen die taxonomische Klassifizierung des Virus. Zudem können spezifische *Primer* für eine Routinediagnostik abgeleitet werden.

Büttner, C., von Bergen, S., Bandte, M. & Mühlbach, H.-P., 2013: Forest Infectious forest disease. (Gonthier, P. & Nicolotti, G.) CABI, Oxfordshire, United Kingdom, in press

Büttner, C. & Führling, M., 1993: Nachrichtenblätter Deutscher Pflanzenschutzdienst 45, 110-115

Jalkanen, R., Büttner C., & v. Bergen, S., 2007: *Silva Fennica* 41 (4), 755-762

Mielke, N., Weber, M., Khan, S. & Mühlbach, H.-P., 2008: *Journal of Forest Pathology* 38, 371-380

Tsanetakis, I. E. & Martin, R. R., 2008: *Journal of Virological Methods* 149, 167-170

Werner, R., Mühlbach, H.P. & Büttner, C., 1997: *Journal of Forest Pathology* 5, 309-318