

## **Studien zur Detektion eines unbekanntes Agens an Flatterulme (*Ulmus laevis* Pall.)**

*Ulmus laevis* gehört heute in Deutschland als Reliktbaumart zu den gefährdeten heimischen Gehölzarten. Melioration und Rückgang der natürlichen Standorte bedingen einen starken Rückgang dieser bedeutenden Baumart. Als Ursache für das sog. Ulmensterben wird die Dutch-Elm-Disease als Hauptverursacher für Degenerationen diskutiert. Aus eigenen langjährigen Beobachtungen an vielen Ulmen verschiedener Standorte sind virusverdächtige Symptome sehr offensichtlich und sollten als mitwirkender Verursacher von Degenerationserscheinungen in Betracht gezogen werden. Dass Virusinfektionen die Prädisposition der Bäume verändern können, ist bekannt, und das kann auch für bisher unbekannte Viren in Ulmen gelten. Virologische Untersuchungen an solchen Baumarten liegen nur spärlich vor, denn sie sind ausgesprochen schwierig durchzuführen und bedürfen einer langjährigen schrittweisen Herangehensweise. Dies gilt vor allem für bisher nicht beschriebene Viren. Zu den vermutlich virusbedingten chlorotischen Ringflecken in Ulme gibt es bisher nur die eigenen Untersuchungen, die hier an einem Fallbeispiel vorgestellt werden. Seit dem Jahr 2000 wird ein Altbaumbestand mit 30 Flatterulmen (*Ulmus laevis*) im Schloßpark Caputh regelmäßig bonitiert. Die Hälfte der Bäume weist die für Viren typischen Symptome wie chlorotische Ringspots, Nekrosen, Astverkahlung und Absterbeerscheinungen auf.

In vorangegangenen Untersuchungen konnte das verursachende Agens mechanisch übertragen werden. Zur näheren Charakterisierung des Pathogens wurden aus *Chenopodium quinoa*, welche mit homogenisierten Knospen von Flatterulmen aus Caputh mit Symptomen inokuliert worden waren, virale Partikel aufgereinigt und anschließend mittels SDS-PAGE das putative virale Hüllprotein analysiert. Aus der Virusaufreinigung wurde RNA isoliert und eine *random* PCR (rPCR) durchgeführt. Parallel erfolgte sowohl aus inokulierten *C. quinoa* als auch aus Blattmaterial symptomtragender *U. laevis* die Isolation virusspezifischer dsRNA, die ebenfalls zur rPCR eingesetzt wurde. Die rPCR Fragmente wurden ausgeschnitten, kloniert und sequenziert.

Im Vergleich zur nichtinokulierten Kontrolle wies die Probe der inokulierten *C. quinoa* in der SDS-PAGE eine zusätzliche Proteinbande mit einer Größe von ca. 25 kDA auf. In Verbindung mit flexiblen Partikeln, die in vorangegangenen Untersuchungen

(Bandte et al., 2004) im TEM gezeigt werden konnten, deutet dies darauf hin, dass bei den Flatterulmen eine Infektion mit einem viralen Pathogen vorliegt. Die ausstehenden Daten aus der Sequenzierung sowie die Analyse der dsRNA werden zur weiteren Aufklärung beitragen.

Bandte M, Essing M, Obermeier C, Büttner C (2004). Investigations on virus-diseased elm trees (*Ulmus laevis* Pall.) in eastern Germany. Investigación agraria. Sistemas y recursos forestales 13, pp. 65-69.