

Besteht ein Zusammenhang zwischen der genetischen Variabilität der RNA3 des *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) und dem Standort bzw. der Wirtspflanzenart?

J. Robel¹, Theresa Büttner¹, H.-P. Mühlbach², S. von Barga¹ & C. Büttner¹

¹ Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin; Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, phytomedizin@agrar.hu-berlin.de

² Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek; Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg

European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) ist europaweit in Ebereschen (*Sorbus aucuparia*) verbreitet (Büttner et al., 2013). Die RNA3 des segmentierten (-)ssRNA Virus kodiert das virale Nucleocapsidprotein mit einer Größe von 35 kDa. Bisher wurde eine starke Konservierung der RNA3 (97-99 %) für EMARaV-Varianten aus Schweden, Finnland und Russland beschrieben (Kallinen et al., 2009; Valkonen and Rännäli, 2010; von Barga et al., 2013) und mit dem sehr engen Wirtspflanzenkreis bzw. einer ausschließlichen Übertragung durch eine einzige Vektorspezies, die Gallmilbe *Phytoptus pyri*, erklärt.

In dieser Studie wurde EMARaV in erkrankten Ebereschen *Sorbus aucuparia* aus Norwegen detektiert. Zudem war das Virus in zwei weiteren *Sorbus*-Arten nachweisbar, einer Schwedischen Mehlbeere (*Sorbus intermedia*) mit chlorotischen Ringflecken sowie einer Echten Mehlbeere (*Sorbus aria*) mit chlorotischen Linienmustern aus Västerås (Schweden). Die Nucleocapsid-kodierende Genomregion des Virus wurde mittels RT-PCR amplifiziert (Kallinen et al., 2009) und direkt sequenziert.

Ein Vergleich der Nucleotidsequenzen der gesamten RNA3 (Nucleotid 26-1481) mit Referenzsequenzen aus Deutschland, Schweden, Finnland und Russland zeigt eine hohe Konservierung der RNA3 der EMARaV-Varianten aus Mehlbeere und schwedischer Mehlbeere (95-98 %). Die Aminosäuresequenzen des kodierenden Bereichs der RNA3 weisen Identitäten von 97-99 % auf. Im Gegensatz dazu weicht die Sequenz der RNA3 des EMARaV in sechs von neun untersuchten Bäumen aus Norwegen deutlich ab. Beim Vergleich mit publizierten Sequenzen treten bis zu 30% Variabilität innerhalb der 3' nicht-kodierenden Region auf, die Aminosäuresequenz des p3-Proteins zeigt Unterschiede bis zu 8%.

Die Variabilität der RNA3 von EMARaV ist somit nicht von der Wirtspflanzenart abhängig. Welchen Einfluss geographischer Standort bzw. Vektor-Übertragung auf das Auftreten von EMARaV-Varianten haben und ob es sich um neue Stämme des Virus handelt muss in weiteren Untersuchungen geklärt werden.

Büttner, C., von Barga, S., Bandte, M., Mühlbach, H.-P., 2013. Forest diseases caused by viruses, in: Gonthier P., N.G. (Ed.), Infectious forest diseases. CABI, pp. 50-75.

Kallinen, A.K., Lindberg, I.L., Tugume, A.K., Valkonen, J.P., 2009. Detection, distribution, and genetic variability of European mountain ash ringspot-associated virus. *Phytopathology* 99, 344-352.

Valkonen, J.P.T., Rännäli, M., 2010. First Report of European mountain ash ringspot-associated virus in *Sorbus aucuparia* from Eastern Karelia, Russia. *Plant Disease* 94, 921-921.

von Barga, S., Arndt, N., Robel, J., Jalkanen, R., Büttner, C., 2013. Detection and genetic variability of European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in Sweden. *Forest Pathology* 43, 429-432.