

074-Müller, C.

Landesamt für Verbraucherschutz, Landwirtschaft und Flurneuordnung

Virustestung von Pflanzkartoffeln in Brandenburg

Die Beschaffenheitsprüfung auf Viruskrankheiten ist Bestandteil des Anerkennungsverfahrens von Pflanzkartoffeln und erfolgt auf der Grundlage der Pflanzkartoffelverordnung. Pflanzkartoffelpartien des Land Brandenburg werden im Augenstecklingsverfahren getestet. Dazu erfolgt nach der Anzucht von Stecklingen im Gewächshaus eine serologische Testung und visuelle Bewertung der Pflanzen. Vorstufen- und Basispflanzgut wird zu 100 Prozent serologisch auf Befall mit folgenden Viren geprüft: Kartoffel-Y-Virus (*Potato Virus Y*), Kartoffel-Blattroll-Virus (*Potato leafroll virus*), Kartoffel-M-Virus (*Potato virus M*), Kartoffel-X-Virus (*Potato virus X*), Kartoffel-S-Virus (*Potato virus S*) und Kartoffel-A-Virus (*Potato virus A*). Für zertifiziertes Pflanzgut erfolgt eine visuelle Kontrolle und anschließend die serologische Testung aller Pflanzen mit virusverdächtigen Symptomen. Das Poster gibt einen Überblick über das Testverfahren und eine zusammenfassende Bewertung der Untersuchungsergebnisse der vergangenen Jahre. Von den sechs im Anerkennungsverfahren geprüften Viren erwies sich das Kartoffel-Y-Virus in allen Untersuchungsjahren als das wirtschaftlich bedeutendste. Aberkennungen und Abstufungen von Partien waren fast ausnahmslos auf dieses Virus zurückzuführen. In den vergangenen drei Jahren wurde jedoch auch wieder das Kartoffelblattroll-Virus in einer zunehmenden Anzahl von Proben nachgewiesen.

075-Czesnick, H.; Langer, J.; von Bargen, S.; Büttner, C.

Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin

Analyse der 3' nicht kodierenden Region ausgewählter *Cherry leaf roll virus* -Isolate

Analysis of the 3' non coding region of selected *Cherry leaf roll virus*-isolates

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV), ein Nepovirus der Familie Comoviridae, ist ein weltweit verbreiteter Erreger an Laubgehölzen im Forst und öffentlichen Grün sowie an Obstgehölzen, Zier- und Gemüsepflanzen. Der ausgesprochen weite Wirtspflanzenkreis des CLRV weist auf eine schnelle Anpassungsfähigkeit an verschiedene Wirtspflanzen und damit auf eine genetische Diversität zwischen CLRV-Isolaten verschiedener Herkünfte hin. Die Analyse einer 375 bp langen Sequenz der 3'-non coding region (3'NCR) von 56 CLRV-Proben aus 19 Wirtspflanzenarten ergab eine Einteilung in sechs phylogenetische Hauptgruppen, die mit der serologischen Gruppierung von 24 Isolaten zum großen Teil übereinstimmen und den Einfluss der Wirtspflanzenart auf die genetische Struktur von CLRV-Populationen nahe legen. Auch die phylogenetische Analyse der Hüllprotein-kodierenden Genomregion von insgesamt 12 unterschiedlichen CLRV-Isolaten bestätigt grundsätzlich jedoch nicht ausschließlich die Gruppierung nach der Wirtspflanzenart. Am Beispiel eines Himbeer-Isolats ergab sich nach Analyse der Hüllproteinsequenz sowie der serologischen Reaktivität eine andere phylogenetische Gruppierung als auf der Basis des 375 bp langen Fragments der 3'NCR. Somit könnte es sich hierbei um eine natürliche Rekombinante handeln. Durch den Sequenzvergleich der vollständigen 3' nicht kodierenden Region des Himbeer- Isolats mit ausgewählten Isolaten unterschiedlicher Wirtspflanzen werden Hinweise auf mögliche Rekombinationsereignisse erwartet.

076-Rabenstein, F.; Richert-Pöggeler, K.

Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Nachweis und Identifizierung von Viren in Zuchtmaterial von Zierpflanzen

Detection and identification of viruses in breeding material of ornamentals

Im Rahmen einer Kooperation mit einer Zuchtfirma für Zierpflanzen wurden Proben auf einen Befall mit Viren vorrangig mit serologischen Methoden untersucht. Darüber hinaus kamen in einzelnen Fällen auch elektronenmikroskopische Nachweismethoden sowie biologische Untersuchungen zum Wirtspflanzenkreis zum Einsatz. Die Pflanzenproben stammten aus Zuchtmaterial der Gattungen *Angelonia*, *Aubrieta*, *Diascia*, *Lavendula*, *Nemesia*, *Osteospermum*, *Petunia*, *Phlox*, *Phygelius*, *Scaevola*, *Sedum* und *Verbena*. In ca. 500 Proben aus Petunienzuchtmaterial waren die Tobamoviren *Tomato mosaic virus* und *Tobacco mosaic virus* am häufigsten zu finden. Obwohl die befallenen Pflanzen in der Regel kaum Virussymptome zeigten, wurden diese aus dem Zuchtprozess eliminiert. Ein weiteres Tobamovirus, das *Tobacco mild green mosaic virus*, war vereinzelt in *Scaevola*-Arten vorhanden. In *Nemesia*-Arten trat neben den beiden serologisch eng verwandten

Tymoviren *Nemesia ring necrosis virus* (NeRNV) und *Scrophularia mottle virus* auch das Tospovirus *Impatiens necrotic spot virus* (INSV) auf. Das INSV war das häufigste Virus in Zuchtmaterial der Gattung *Diascia*. Die genannten Viren konnten isoliert und auf Testpflanzen vermehrt werden. In Ultradünnschnitten INSV- infizierter *Nicotiana benthamiana* - Pflanzen waren im Zytoplasma charakteristische tospovirus-ähnliche Partikel zu beobachten. Gegen die Tobamoviren sowie gegen ein Isolat des NeRNV wurden polyklonale Antiseren in Kaninchen zur Komplettierung der Serumbank des JKI hergestellt. In Nemesien mit NeRNV waren die für Tymoviren charakteristischen Veränderungen an den Chloroplasten in Ultradünnschnitten zu beobachten. Zusätzlich waren zahlreiche vesikuläre Strukturen und virus-ähnliche Partikeln festzustellen, die mit zytoplasmatisch dichten, amorphen Massen assoziiert waren. Das *Cucumovirus Cucumber mosaic virus* war sehr häufig in Zuchtklonen der Kapmagerite *Osteospermum ecklonis* enthalten. Darüber hinaus konnte aus einer Probe der Kapstachelbeere *Physalis peruviana*, die aus dem Botanischen Garten der Freien Universität in Berlin-Dahlem stammte, das *Potyvirus Colombian datura virus* nachgewiesen und isoliert werden. Die Isolate beider Viren, die erstmalig für Deutschland nachgewiesen wurden, zeigten einen sehr breiten Wirtspflanzenkreis mit extrem starken Symptomen, die häufig zum Absterben der Testpflanzen führten. In Ultradünnschnitten CMV infizierter Kapmagerite waren zahlreiche Viruspartikel sichtbar, die kristalline Aggregate bildeten. Weitere Viren, die bisher nicht identifiziert werden konnten, waren in *Aubrieta*-, *Phlox*- und *Sedum*-Arten elektronenmikroskopisch nachweisbar. Die positive Reaktion mit einem Gruppen-spezifischen Antiserum weist auf das Vorkommen von Potyviren in diesen Arten hin. Tests mit einem Antiserum gegen *Angelonia flower break virus* (*Angelonia flower mottle virus*) verliefen bei Angelonien negativ.

077-Kleespies, R.; Leclerque, A.

Julius Kühn Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz

Genetische und elektronenmikroskopische Charakterisierung von *Rickettsiella tipulae*, eines intrazellulären bakteriellen Pathogens der Wiesenschnake, *Tipula paludosa*

Rickettsiella tipulae ist ein intrazelluläres bakterielles Pathogen der Wiesenschnake, *Tipula paludosa* (Diptera: Tipulidae), das üblicherweise als eigene Art innerhalb der Gattung *Rickettsiella* aufgefasst wird. Letztere war ursprünglich der alpha-proteobakteriellen Ordnung *Rickettsiales* zugeordnet, wurde jedoch in den vergangenen Jahren aufgrund der Sequenzierung des 16S rRNA-Gens einer weiteren Art, *Rickettsiella grylli*, der nur entfernt verwandten Gammaproteobakterienordnung *Legionellales* zugewiesen. Die hier vorgestellten elektronenmikroskopischen Untersuchungen an Wiesenschnaken ergeben die für Befall mit *Rickettsiella* typischen histo- und zytologischen Befunde. Eine zusätzliche phylogenetische Analyse auf der Grundlage PCR-amplifizierter, nahezu vollständiger 16S rDNA-Sequenzen (siehe Abbildungen) stützt die taxonomische Klassifizierung von *Rickettsiella tipulae* in die Ordnung *Legionellales*. Keine Rechtfertigung erfährt hingegen die Annahme, der *Rickettsiella*-Pathotyp *tipulae* bilde dort eine eigene Spezies. Vielmehr ist auf der Grundlage der 16S rDNA-Analyse von einer großen phylogenetischen Nähe zum besser untersuchten Maikäferpathogen *Rickettsiella melolonthae* und damit von einer Zugehörigkeit zur Art *Rickettsiella popilliae* auszugehen. Eine abschließende Beurteilung des Sachverhalts macht jedoch die Einbeziehung weiterer genetischer Marker erforderlich.

078-Braje, I.¹⁾; Albrecht, A.²⁾; Laun, N.¹⁾; Krauthausen, H.-J.¹⁾; Rabenstein, F.²⁾

¹⁾ Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum Rheinpfalz

²⁾ Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

***Acidovorax valerianellae* als Erreger bakterieller Blattflecken an Feldsalat**

Acidovorax valerianellae as the causative agent of bacterial black spots on corn-salad

Seit 1999 treten in Deutschland vermehrt schwarze Blattflecken an Feldsalat auf, die vorrangig auf einen Befall mit dem Bakterium *Acidovorax valerianellae* (Av) zurückzuführen sind. Die Symptome sind vor allem nach feuchten Witterungsperioden an Keimblättern und älteren Blättern sichtbar und können eine Vermarktung beeinträchtigen oder unmöglich machen. Als Übertragungswege sind der Boden und eine Saatgutkontamination belegt. Eine Überdauerung im Boden war nach Inokulation eines Feldbestands für mehrere Monate mit Fangpflanzen nachweisbar. Zur Lösung der offenen epidemiologischen Fragen werden serologische und molekularbiologische Diagnosemethoden entwickelt. Während im Agglutinationstest mit polyklonalen Antiseren (PAS) keine Differenzierung von *Acidovorax*-Herkünften möglich war, zeigten erste Ergebnisse mit ELISA-Varianten und Western blots (WBs), dass eine Differenzierung auf der Basis von