Mittels eines gegen das Pastinakisolat hergestellten Antiserums konnte CTLV in den Folgejahren vereinzelt in Möhren verschiedener Herkünfte in Deutschland nachgewiesen werden. Serologisch lässt sich das CTLV eindeutig von den anderen an Umbelliferen vorkommenden Potyviren wie z. B. *Apium virus Y*, *Carrot virus Y* und *Celery mosaic virus* unterscheiden. CTLV verursacht an Möhre eine auffällige Fadenblättrigkeit, je nach Kulturbedingungen (insbesondere Gewächshaus) bleiben die infizierten Pflanzen auch völlig symptomlos.

Auf der Suche nach möglichen Überwinterungswirten wurde CTLV in zahlreichen Gierschproben verschiedener Standorte gefunden, die teilweise deutliche Virussymptome (Scheckung, Chlorosen) zeigten. Auch hier konnte an einzelnen Standorten ein deutliches Abschwächen der Symptome über den Sommer beobachtet werden. Da Giersch als weit verbreitete und ausdauernde Pflanzenart in Europa und Asien vorkommt, stellt sie eine möglich Virusquelle dar. Untersuchungen des Hüllproteingens zeigten eine teils hohe Variabilität zwischen verschiedenen Isolaten. Die Aminosäuresequenzen des Hüllproteins variierten bis zu 14 %, wobei die Unterschiede insbesondere am N-Terminus vorliegen. In Versuchen mit der an Umbelliferen verbreiteten Lausart *Cavariella aegopodii* konnte eine Übertragbarkeit von Gierschisolaten des CTLV auf nicht-persistente Weise auf Möhre nachgewiesen werden.

50-4 - Maiss, E.[1]; Menzel, W.[2]; Vetten, H.-J.[3]
[1] Leibniz Universität Hannover; [2] Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ);
[3] Julius Kühn-Institut

Molekulare Charakterisierung des *Parsley latent virus* (PlLV)

Molecular Characterization of *Parsley latent virus* (PlLV)

Im Jahr 1979 beschrieben Bos et al. [1] das Vorkommen des *Parsley latent virus* (PlLV) in Petersilie (*Petroselinum crispum*). In 17 von 24 getesteten Petersiliensorten aus fünf verschiedenen europäischen Ländern wurde das Virus nachgewiesen, jedoch zeigten die infizierten Pflanzen keinerlei sichtbare Symptome. Gereinigte Viruspartikel wiesen einen Durchmesser von ca. 27 nm auf, mit einem RNA Gehalt von 36 %. Das Molekulargewicht des Hüllproteins wurde mit ca. 22 kDa bestimmt. Ziel der hier vorgestellten Arbeiten war es, die komplette Sequenz des PlLV zu ermitteln, um eine taxonomische Eingruppierung des Virus vornehmen zu können. Darüber hinaus sollten aktuelle Petersiliensorten auf das Vorhandensein des PlLV getestet werden.

PlLV enthält zwei einzelsträngige (+)RNAs. Die kompletten Sequenzen der RNA1 und RNA2 wurden mit 7.022 Basen bzw. 3.418 Basen ohne den 3'-poly(A)Schwanz bestimmt. Sowohl im 5'- wie im 3'-nicht translatiertem Bereich weisen beide RNAs Sequenzidentitäten auf, was darauf hindeutet, dass diese Bereiche eine Funktion bei der Replikation und/oder Verpackung der RNAs haben könnten. RNA1 und RNA2 zeigen jeweils ein durchgängiges offenes Leseraster (ORF), welches für RNA1 ein Protein mit einem MW von 256.8 kDa und für RNA2 ein MW von 114.7 kDa ergibt. Anhand von Sequenzanalysen und Motifvergleichen auf RNA1 kodierten Polyproteins kann auf das Vorliegen einer Helikase, einer RNA-abhängigen RNA Polymerase (RdRp), einer Protease vom Cystein-Typ (C-pro) und eines Proteasekofaktors (Pro-co) geschlossen werden. Das Polyprotein, kodiert durch RNA2, enthält am N-Terminus eine LDL-Movementproteinmotif. Des Weiteren sind in diesem Polyprotein drei Proteine mit Molekulargewichten um 22 kDa enthalten, welche die mutmaßlichen Hüllproteine repräsentieren. Sequenzvergleiche erbrachten die höchsten Ähnlichkeiten des PlLV mit dem *Cherry rasp leaf virus* [2] und dem *Apple latent spherical virus* [3], so dass eine Einordnung in das Genus *Cheravirus* diskutiert wird.

Basierend auf den PlLV Sequenzen wurden Oligonukleotide entwickelt, die es erlauben, mittels RT-PCR einen PlLV Nachweis zu führen. In RT-PCRs wurden zehn Persiliensorten (drei mit krausen Blättern, sieben mit glatten Blättern) auf das Vorkommen von PlLV getestet. PlLV wurde in keiner Petersiliensorte mit glatten Blättern nachgewiesen. In allen drei getesteten Petersiliensorten mit krausen Blättern ('Mooskrause 2', 'Afrodite', 'Gekrulde/Triplex') konnte das PlLV nachgewiesen werden. Weitere Untersuchungen sind geplant, die zeigen sollen, ob das Virus in allen gegenwärtig genutzten krausblättrigen Sorten verbreitet ist und wie sich der Virusbefall auf den Ertrag dieser Petersiliensorten auswirkt.

Literatur

[1] Bos, L., Huttinga, H., and Maat, D. Z. (1979). *Parsley Latent Virus*, a new and prevalent seed-transmitted, but possibly harmless virus of *Petroselinum Crispum*. Netherlands Journal of Plant Pathology 85(3), 125-136.

[2] James, D. (2004). Nucleotide sequence analysis and detection of *cherry rasp leaf virus*. Proceedings of the Xixth International Symposium on Virus and Virus-Like Diseases of Temperate Fruit Crops: Fruit Tree Diseases(657), 99-101.

[3] Li, C. J., Yoshikawa, N., Takahashi, T., Ito, T., Yoshida, K., and Koganezawa, H. (2000). Nucleotide sequence and genome organization of *Apple latent spherical virus*: a new virus classified into the family Comoviridae. Journal of General Virology 81, 541-547.