

In Zusammenarbeit mit der regionalen Beratung (BOLAP GmbH, Speyer) wurde ein Monitoring initiiert, in dem bei den routinemäßigen Feldkontrollen von Trocken- und Bundzwiebelschlägen neben dem Auftreten von IYSV-Symptomen auch das Entwicklungsstadium der Kultur sowie die Befallsstärke durch *Thrips* sp. festgehalten wurde. 2008 wurden nur in zwei von insgesamt 50 Beobachtungsschlägen IYSV-Symptome gefunden und insgesamt war auch das *Thrips*-Vorkommen gering. Dagegen trat IYSV-Befall 2009 ab Ende Juni in abreifenden Sommertrockenzwiebelschlägen und in den zeitlich darauf folgenden Bundzwiebelbeständen des Spätherbstes wieder wesentlich häufiger und stärker auf. In elf von 31 Sommertrockenzwiebelschlägen und in fünf von 49 Bundzwiebelschlägen wurde IYSV Befall gefunden. In den Bundzwiebeln wurden Befallshäufigkeiten bis zu 50 % festgestellt. Auch 2010 sind bereits wieder erste Befallsherde bekannt geworden. An Porree wurde bisher kein Befall gefunden.

Es ist davon auszugehen, dass IYSV nicht mehr nur sporadisch auftritt, sondern nunmehr in der Anbauregion etabliert ist. Da die Bekämpfung des Virusvektors *Thrips tabaci* schon seit langem schwierig und unzureichend ist, muss mit einer weiteren Verbreitung des Virus gerechnet werden. Dies könnte insbesondere im Bundzwiebelanbau zu erheblichen Qualitätseinbußen führen; im Speisewiebelanbau sind Ertragsreduktionen aufgrund kleinerer Sortierungen zu befürchten. Aufgrund der großen ökonomischen Bedeutung der *Allium*-Kulturen im Rheintal sind dringend Bekämpfungskonzepte zu entwickeln und zu erproben.

099 - Lindner, K.<sup>1)</sup>; Kellermann, A.<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup> Julius Kühn-Institut; <sup>2)</sup> Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft

## **Das PVY Stammspektrum und die wirtschaftliche Relevanz im Pflanz- und Speisekartoffelbereich am Beispiel Bayerns**

Strain specification of PVY and its economic importance for ware and seed potatoes in Bavaria

Das *Potato virus Y* (PVY) ist das ökonomisch bedeutsamste Kartoffelvirus weltweit. Um PVY in eine Pflanzenschutz-strategie einzubeziehen, ist ein detailliertes Wissen zu Symptomen und Schadensumfang der Stammgruppen und Stämme des Krankheitserregers unerlässlich.

Im Laufe der letzten ca. 30 Jahre haben sich zwei neue Stämme des PVY, PVYNTN und PVYNW, herausgebildet, die zunehmend an Umfang und Bedeutung gewonnen haben. Beide Stämme sind vermutlich im Ergebnis von Rekombinationen der Stämme O und N entstanden und erweisen sich als infektionseffizienter als die „klassischen“ Stämme. Zudem ist insbesondere NTN in der Lage, Knollennekrosen zu verursachen, was zu deutlichen Qualitätseinbußen bei Kartoffelspeiseware führen kann. Beide Rekombinanten verursachen zudem Symptome an Kartoffelblättern, die sich von denen der O und N Stämme unterscheiden können. Im Rahmen der Pflanzkartoffelerzeugung erfolgen Feldselektionen infizierter Pflanzen ausschließlich und Bewertungen von Augenstecklingspflanzen (Ernteware) teilweise auf der Basis visueller Bonituren. Ziele der Arbeiten zum Thema sind deshalb, die durch PVY verursachten Symptome neu zu beschreiben und diese Schadbilder in einer Datenbank zu veröffentlichen sowie Verschiebungen im Stammspektrum und veränderte Virulenzen deutlich zu machen. Aus den gewonnenen Ergebnissen in Bayern können deutschlandweite Beratungsaussagen insbesondere für die Kartoffelvermehrungsbetriebe und das Anerkennungsverfahren abgeleitet werden. Zudem bilden die dargestellten Ergebnisse die Grundlage für ein gezieltes Vorgehen in der Resistenzzüchtung.

Im Rahmen der Bewertung atypischer PVY Blattsymptome aus dem Versuchsjahr 2009 wurden 96 gefriergetrocknete Proben von hoch PVY infizierten Kartoffelpflanzen, die als Infektionsmaterial für die LfL Verwendung finden, untersucht. Weiterhin sind 43 Blattproben aus der Feldinspektion und 137 Blattproben aus dem Nachkontrollanbau (beide Proben gefriergetrocknet) sowie 52 gefriergetrocknete und 14 frische Blattproben aus dem Augenstecklingstest (Beschaffenheitsprüfung) analysiert worden. Zudem wurden 184 symptomtragende Kartoffelknollen auf PVY getestet. Für die Zuordnung der symptomverursachenden PVY Isolate zu den PVY Stammgruppen kam der DAS ELISA mit PVYO (ADGEN-1052) und TAS ELISA mit PVYN (JKI 3C8/5B12) spezifischen monoklonalen Antikörpern zur Anwendung. Die Charakterisierung der PVY Stämme erfolgte mit der Multiplex PCR nach Lorenzen et al., 2006.

In dem untersuchten Blattmaterial konnten 111 PVYNTN Infektionen und 201 PVYNW Infektionen, von denen 11 als Mischinfektionen auftraten, sowie 2 PVYN und 2 PVYO Infektionen nachgewiesen werden. Für 37 Proben war keine PVY Infektion zu bestätigen. Das Infektionsmaterial der LfL wies zu 100 % PVYNW auf. In den weiteren Blattproben traten die Vertreter des PVYNTN Stammes und die des PVYNW Stammes nahezu paritätisch auf. Die „klassischen“ PVY Isolate PVYO und PVYN wurden jeweils nur zweimal diagnostiziert. Bezüglich des PVY Stammvorkommens deuten sich Sortenpräferenzen an. Die 184 Kartoffelknollen wiesen 159 PVYNTN Infektionen auf, in elf Fällen wurde PVYNW nachgewiesen, neun Infektionen davon traten in Mischinfektion mit PVYNTN auf. Für zwei Knollen mit Ringnekrosesymptomen war ausschließlich PVYNW nachzuweisen. Für 23 Knollen konnte kein PVY Befall diagnostiziert werden. Die Knolleneinsendungen bestanden aus 85 Knollen der Sorte

'Ditta', von denen 78 Knollen PVYNTN aufwiesen und 83 Knollen der Sorte 'Nicola', für die ebenfalls 78 PVYNTN Infektionen diagnostiziert werden konnten.

Es ist anzunehmen, dass die Kartoffelsorten bezüglich der Ausbildung von Knollennekrosen unterschiedlich stark auf eine PVY Infektion reagieren. 'Ditta' und 'Nicola' erweisen sich vermutlich als sehr anfällig. Zusammenfassend kann bestätigt werden, dass, übereinstimmend mit dem weltweiten Trend, die Rekombinanten NW und NTN mittlerweile das PVY Stammspektrum dominieren.

100 - Jelkmann, W.; Hergenahn, F.; Berwarth, C.  
Julius Kühn-Institut

### **Übertragung von *Little cherry virus-1* (LChV-1) durch *Cuscuta europea* auf krautige Wirtspflanzen**

Transmission of *Little cherry virus-1* (LChV-1) by *Cuscuta europea* to herbaceous host plants

In order to identify alternative hosts different *Cuscuta* species were investigated in transmission trials. LChV-1 and -2 were graft inoculated onto *Prunus avium* F12 rootstocks and parasited by *Cuscuta europea*. *N. occidentalis* '37B' served as receptor host plant and could be infected systemically with LChV-1. Transmissions were done in the greenhouse over a period of up to 6 months. Virus detection from *Cuscuta* and *N. occidentalis* tissue was done by RT-PCR. Virus transmission was not successful for LChV-2. Propagation of LChV-1 by mechanical transmission on *N. occidentalis* failed, however, the virus was serially transferred by grafting.

101 - Robel, J.; Langer, J.; Von Bargen, S.; Büttner, C.  
Humboldt-Universität zu Berlin

### **Die 3' nicht-kodierenden Regionen des *Cherry leaf roll virus* – identisch oder variabel?**

The 3' non-coding regions of *Cherry leaf roll virus* – identical or variable?

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) ist ein weltweit verbreitetes Pflanzenvirus mit umfangreichem Wirtsspektrum, darunter zahlreiche Forst- und Obstgehölze. Das bipartite CLRV-Genom weist zwei positivorientierte, einzelsträngige und getrennt verpackte RNA-Moleküle auf. Das CLRV besitzt sowohl die längste 3' NCR (1538-1602 nt), als auch die kürzeste 5' NCR (11 nt) aller charakterisierten Nepoviren. Unter den bisher sequenzierten CLRV-Isolaten wurde ein CLRV-Isolat aus Himbeere identifiziert, welches im Gegensatz zu allen anderen CLRV-Isolaten in den 3' NCRs zwischen RNA1 und RNA2 Sequenzidentitäten von nur 73,4 % zeigte.

Bislang wurde davon ausgegangen, dass die 3' NCRs beider RNAs aller bekannten Nepoviren nahezu identisch sind, um wichtige funktionelle Elemente in diesem Genombereich zu konservieren. Die Variabilität dieses Genombereichs wurde anhand mehrerer unabhängiger Amplifikationsprodukte der beiden 3' NCRs verschiedener CLRV-Isolate durch restriction-fragment-length-polymorphism (RFLP)-Analysen mit den Restriktionsenzymen AluI, DraI und HincII untersucht. Die Restriktionsmuster geben erste Hinweise auf das Vorhandensein von 3' NCR-Varianten innerhalb replizierender RNA-Populationen, die von den aus bekannten Sequenzen abgeleiteten Bandenmustern (in silico-Restriktion) abweichen.

CLRV-Isolate aus Rhabarber, Walnuss und Kirsche erwiesen sich in je drei unabhängigen RNA-Populationen als homogen innerhalb der 3' NCR von RNA1 und RNA2. Dagegen zeigt der Vergleich der RNA-Populationen des CLRV-Isolats aus Holunder eine größere Variantenvielfalt innerhalb des untersuchten Genombereiches. Bei den drei verwendeten Restriktionsenzymen treten jeweils zwei Restriktionsmuster der 3' NCR in gleicher Häufigkeit auf, so dass hier keine Konsensus-Sequenz für das Holunderisolat definiert werden kann.

Die bisherigen Ergebnisse zeigen CLRV-Isolat-abhängige Unterschiede in der Homogenität der RNA1 und RNA2-3' NCR. Dies lässt vermuten, dass die 3' NCR auf RNA1 und RNA2 nicht generell vollständig konserviert sein muss, um funktionelle Strukturen bzw. die Replikationsfähigkeit des Virus zu erhalten. Die Sequenzierung der identifizierten 3' NCR-Varianten wird weitere Informationen über die Variabilität der CLRV-3' NCR liefern.