
Sektion 35

Virologie / Bakteriologie / Mykologie / Molekulare Phytomedizin I

35-3 - Ist eine Bekämpfung von Obstphytoplasmen mit Endophyten möglich?

Can fruit tree phytoplasmas be controlled by endophytes?

Wolfgang Jarausch, Michelle Fritz

AIPlanta-IPR, RLP AgroScience, Breitenweg 71, 67435 Neustadt an der Weinstraße,
wolfgang.jarausch@agrosience.rlp.de

Die Erreger bedeutender Obstkrankheiten sind Phytoplasmen: '*Candidatus Phytoplasma mali*' verursacht die Apfeltriebsucht (AT), '*Candidatus Phytoplasma prunorum*' die Europäische Steinobstvergilbung (European stone fruit yellows, ESFY) und '*Candidatus Phytoplasma pyri*' den Birnenverfall. Eine direkte Bekämpfung der Phloem-limitierten Phytoplasmen ist zurzeit nicht möglich. Eine Kontrolle der Insektenüberträger soll die weitere Ausbreitung der Krankheiten verhindern. Genetisch resistente Unterlagen von Apfel und Birne befinden sich noch im Entwicklungsstadium, können aber keine Infektion der anfälligen Sorte verhindern. Umweltverträgliche Strategien, die eine direkte Bekämpfung der Phytoplasmen im Baum ermöglichen, wären deshalb wünschenswert. In diesem Kontext wurde der Einsatz von Endophyten untersucht, die potentiell eine direkte oder indirekte Wirkung auf die Phytoplasmen haben. Hierzu wurden bakterielle Endophyten aus ESFY-befallenen Aprikosen und Pfirsichen, welche sich von der Krankheit wieder erholt hatten (recovery), isoliert. Die kultivierten Spezies wurden mittels 16S rDNA Sequenzanalyse identifiziert. Die phytoplasma-inhibierende Wirkung von ausgewählten Kandidaten-Spezies wurde durch Inokulation von Phytoplasma-infizierten *in vitro* Kulturen von *Malus* und *Prunus* untersucht. Der Phytoplasma-Titer wurde mittels quantitativer PCR bestimmt. Verschiedene Wachstumsparameter wurden gemessen und statistisch ausgewertet. Es konnten vier Gruppen von Endophyten gefunden werden: solche, die *in vitro* Pflanzen nicht besiedeln konnten; solche, die phytotoxisch wirkten; solche, die die Pflanzen besiedeln konnten aber keinen Effekt auf die Phytoplasmen hatten und schließlich Spezies, die zu einer signifikanten Reduktion des Phytoplasma-Titers führten. Weitere Untersuchungen müssen nun zeigen, ob die selektierten Endophyten *ex vitro* Pflanzen bzw. Bäume von *Malus* und *Prunus* dauerhaft besiedeln und weiterhin ihre phytoplasma-hemmende Wirkung entfalten können.

35-4 - Charakterisierung eines *Nucleorhabdovirus* aus *Physostegia*

Characterization of a nucleorhabdovirus from Physostegia

Wulf Menzel¹, Dennis Knierim¹, Katja Richert-Pöggeler², Stephan Winter¹

¹Leibniz-Institut DSMZ - Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH,
wulf.menzel@dsmz.de

²Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Im Juli 2014 wurde eine *Physostegia* (Fam. Lamiaceae) mit starken Chlorosen und Blattscheckung sowie Verformungen der Blätter aus Österreich erhalten.

Elektronenmikroskopische Untersuchungen zeigten Ribonukleoproteinkomplexe sowie von einer Membran umhüllte, Glykoprotein tragende Viruspartikel, die auf eine Infektion mit Rhabdoviren hindeuteten. Mittels eines gesamt-RNA-Templates in einem Next Generation Sequenzier-Ansatz konnte ein Rhabdovirus identifiziert werden. Eine Contig-Sequenz von 13.193 Basen aus insgesamt 40.376 Reads zeigt die höchsten Sequenzidentitäten mit 70,7 % zu einem *Eggplant mottle dwarf virus* (EMDV) Isolat (Genbank-Nr. KJ082087), gefolgt von 53 % zu einem *Potato yellowing virus* Isolat (Genbank-Nr. EU183122). Die nt-Identitätswerte zwischen anerkannten Nucleorhabdoviren reichen von 38,4% bis 58,6%. Aufgrund der Tatsache, dass kein Sequenzidentitäts-Schwellenwert für die Abgrenzung verschiedener Spezies innerhalb der Gattung *Nucleorhabdovirus* definiert wurden, bleibt es fraglich, ob es sich bei dem in *Physostegia* gefundenen Isolat um eine abweichendes EMDV Isolat handelt oder ob es zu einer eigenständigen, bisher nicht beschriebenen Art gehört. Das charakterisierte Isolat zeigte keine serologische Reaktion mit einem gegen ein EMDV Isolat aus Aubergine gewonnenen Antiserum (DSMZ AS-0136). Aufgrund der auf dem ursprünglichen Wirt beobachteten Symptome wurde das Isolat *Physostegia chlorotic mottle virus* (PhCMoV) genannt und ist in der DSMZ Pflanzenvirus Sammlung unter der Nummer PV-1182 verfügbar.

35-5 - Funktionsfähigkeit von Reassortanten von *Beet soil-borne mosaic virus* (BSBMV) und *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) sowie „co-infection exclusion“ in *Nicotiana benthamiana*

Viability of Beet soil-borne mosaic virus (BSBMV) and Beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) reassortants and co-infection exclusion in Nicotiana benthamiana

Marlene Laufer¹, Hamza Mohammad², Mark Varrelmann¹, Edgar Maiss²

¹Institute of Sugar Beet Research, Dept. of Phytopathology, Göttingen, dach@ifz-goettingen.de

²Leibniz University Hannover, Institute of Horticultural Production Systems, Dept. Phytomedicine, Plant Virology

Beet soil-borne mosaic virus (BSBMV) and *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) belong to the genus *Benyvirus* in the family *Benyviridae*. They possess a similar genome organisation with 4-5 ssRNA genome components, high sequence homology and a similar host range. Both species cause diseases in *Beta vulgaris* with variable symptom expression and tissue affinity. In the US, both viruses occur in mixed infection, but information about interaction between both species is limited. In order to understand the interaction with the hosts and between virus species, co-infection and reassortants experiments were performed.

Infectious cDNA clones of BSBMV and BNYVV (A-type) were used for reassortants experiments in *N. benthamiana* and *Beta macrocarpa*. RNA₁₊₂ reassortants were viable and displayed systemic movement in *N. benthamiana* but symptoms occurred delayed and were less pronounced. The RNA₃ components of both species were transreplicated, mediated long-distance movement in *B. macrocarpa* and were exchangeable between species. Both virus clones were fluorescently labeled (GFP, mRFP) by replacement of the coat protein-readthrough open reading frame. The distribution in single- and mixed infections of *N. benthamiana* were studied by confocal laser scanning microscopy.

Differentially labeled isolates of the same species as well as the two virus species were spatially separated and displayed co-infection exclusion in the host tissue. Separation of one species from an RNA₁₊₂ reassortant showed that a specific genome component combination was not required for this effect. In contrast, mixture of both benyvirus species with either *Tobacco rattle virus* or *Potato virus X* displayed co-infection of the same cell.