Zehn Apfelsorten wurden im Jahr 2005 getestet. Die Testungen erfolgten vergleichend mit vier verschiedenen Gehölzindikatoren und einem Multiplex RT–PCR–Verfahren, mit dem vier häufiger auftretende Apfelviren gleichzeitig erfasst werden. Im Jahr 2006 werden die vergleichenden Untersuchungen an 15 weiteren Apfelsorten fortgeführt.

Die Testungen im Jahre 2005 zeigten folgende Ergebnisse:

- In 3 von 10 untersuchten Sorten wurde mittels Multiplex RT–PCR das Stammnarbungs–Virus (ASPV) und das Apfelmosaik–Virus (ApMV) nachgewiesen.
- Die vergleichenden Untersuchungen mittels Indikatortestung und Multiplex–RT–PCR zeigten übereinstimmende Ergebnisse. Nur in einem Fall konnten Symptome der Chlorotischen Blattfleckung des Apfels (ACLSV) an den Indikatoren Hopa und Spy mit der Multiplex–RT–PCR nicht bestätigt werden. Die zugesicherte Virusfreiheit des Pflanzmaterials bei der Sorte ‚Pinova' wurde nicht eingehalten.
- Die Aussagekraft der Versuchsanlage ist somit durch den unterschiedlichen Virusstatus der Sorten von vornherein eingeschränkt.
- Der Verwendungszweck des Pflanzenmaterials wurde den liefernden Baumschulen im Vorwege mitgeteilt. Trotzdem zeigen die Untersuchungen nicht zu tolerierende Auffälligkeiten und weisen darauf hin, dass die Obstbauern für Neuaufpflanzungen zum Teil noch virusbelastete Ware erhalten.

110 – Jelkmann, W.[1]; Leible, S.[1], Rott, M.[2]
[1] Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenschutz im Obstbau
[2] CFIA – Centre for Plant Health

Little cherry Closteroviren –1 und –2, ihre genetische Variabilität und Nachweis mittels Real–Time–PCR

Little cherry closteroviruses –1 and –2, their genetic variability and Real–Time–PCR detection

Die Kleinfrüchtigkeit der Süßkirsche (little cherry) wird durch die Closteroviren Little cherry virus –1 oder –2 (LChV–1, LChV–2) verursacht. Die Infektion von sensitiven Süßkirschsorten resultiert in kantigen, bitter oder wässrig schmeckenden, zu kleinen sowie nicht vollständig abreifenden Früchten. Die Pflanzen sind in ihrem Wachstum erheblich beeinträchtigt. Hohe Ernteverluste sind zu verzeichnen, da die Früchte nicht mehr vermarktet werden können. In langjährigen Arbeiten konnten die mit der Krankheit assoziierten Closteroviren molekular charakterisiert werden. Die Arbeiten führten zur Entwicklung diagnostischer Verfahren mittels Polymerase–Kettenreaktion (PCR). Neuere Untersuchungen zur Variabilität der beiden Viren wurden an einer großen Anzahl von Virusisolaten aus verschiedenen Kontinenten durchgeführt. Als Resultat konnte eine „Real–Time–PCR" entwickelt werden, die Isolate beider Viren zuverlässig und gleichzeitig in einem Test nachweisen kann.

111 – Langer, J.; Gentkow, J.; Rebenstorf, K.; Rumbou, A.; Bargen, S. von; Büttner, C.
Humboldt–Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich–Gärtnerische Fakultät, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin

Vergleich der Hüllproteine ausgewählter Cherry leaf roll virus– Isolate aus unterschiedlichen genetischen Gruppen

Coat protein sequence comparison of selected CLRV–isolates from different genetic groups

Das Cherry leaf roll nepovirus (CLRV), ein Vertreter der Familie Comoviridae , ist ein weltweit verbreiteter Erreger an Obstgehölzen, Zier– und Gemüsepflanzen. CLRV–Isolate weisen sowohl unterschiedliche serologische Eigenschaften auf, als auch eine Wirtspflanzen–spezifische Variabilität innerhalb eines Teilbereichs der langen 3´nicht kodierenden Region (3´NCR) (Rebenstorf et al., 2006).

Zur Untersuchung der Diversität von CLRV–Isolaten anhand kodierender Genomabschnitte wurden die vollständigen Hüllprotein–Sequenzen von acht Isolaten ermittelt, die aus folgenden Wirtspflanzen stammten: Eberesche (*Sorbus aucuparia*), Schwarzer Holunder (*Sambucus nigra*), Englische Walnuss, (*Juglans regia*), Hänge–Birke (*Betula pendula*), Rhabarber, (*Rheum rhabarbarum*) und Himbeere (*Rubus*