

Sektion 51 – Virologie/ Bakteriologie/ Mykologie II

51-1 – Koenig, R.; Engelmann, J.; Lesemann, D.-E.; Burgermeister, W.; Schiemann, J.; Deml, G.

Biologische Bundesanstalt für Land- und Forstwirtschaft, Institut für Pflanzenvirologie, Mikrobiologie und biologische Sicherheit

Ein modifiziertes Kakteenvirus als potentiell Hilsmittel für diverse biotechnologische Anwendungen, insbesondere in Zuckerrüben

A modified virus from a cactus species as a potential tool for various biotechnological applications, especially in sugarbeet

Pflanzenviren besitzen eine Reihe von einzigartigen Fähigkeiten, die zur Biodiversität beitragen und die als natürliche Ressourcen u.U. auch wirtschaftlich genutzt werden können. Ganzlängige cDNA-Klone pflanzenviraler Genome können so modifiziert werden, dass beliebige DNA-Sequenzen, z.B. Gene für therapeutisch interessante Proteine, Antikörper oder Enzyme sowie Genomeile von Pflanzen oder Viren, in das Virusgenom eingebracht und mit ihm in Pflanzen vermehrt und gegebenenfalls exprimiert werden können. Dadurch ergeben sich verschiedene biotechnologische Anwendungsmöglichkeiten: die Nutzung von Pflanzen als Bioreaktoren für die Herstellung spezifischer Produkte, eine molekulare Identifizierung von Resistenzgenen aufgrund des virus induced gene silencing (VIGS) sowie Vorhersagen über die Eignung von Virusgenomteilen zur Erzeugung bestimmter Formen transgener Resistenz. Viren, auf deren Grundlage virale Expressionsvektoren konstruiert werden, sollten eine Reihe von Eigenschaften besitzen, die die Anwendung der Vektoren in der Praxis erleichtern. Für Kulturpflanzen sollten sie apathogen sein und auch auf anderen Pflanzen höchstens milde oder besser gar keine Symptome hervorrufen. Ein enger Wirtspflanzenkreis, der sich auf die zu untersuchenden Pflanzenarten beschränkt, ist ebenso wünschenswert wie das Fehlen von Überträger-Organismen (z. B. Insekten, Nematoden, Pilze). Vorzugsweise sollten sie gestreckte Partikeln haben, um Probleme bei der Enkapsidierung der durch Fremdgene vergrößerten Nukleinsäure zu vermeiden. Ein monopartites Genom erleichtert die Handhabung der Vektoren. Das Vorhandensein verwandter Viren z.B. zum Austausch von Promotersequenzen, ist wünschenswert. Die meisten bisher beschriebenen pflanzenviralen Expressionssysteme basieren auf Viren, die vor allem Solanaceen infizieren. Zur Herstellung von Konstrukten, mit deren Hilfe verschiedene Aspekte der Zuckerrübenrhizomanie untersucht werden können, erschien das *Zygocactus virus X (ZVX)*, ein nur schwach pathogenes Kakteenvirus, besonders geeignet. Es erzeugt ein mildes systemisches Mosaik auf *Chenopodium quinoa* und *Tetragonia expansa* – den beiden wichtigsten Testpflanzen für das Beet necrotic yellow vein virus (BNYVV), dem Erreger der Zuckerrübenrhizomanie – und unter Versuchsbedingungen symptomlose Infektionen von Zuckerrüben. Der auf der Basis des ZVX von uns hergestellte Vektor besitzt gegenüber dem Ausgangsvirus eine weiter abgeschwächte Pathogenität. Sowohl auf Zuckerrüben, als auch auf den beiden genannten Testpflanzen werden ausschließlich lokale symptomlose Infektionen initiiert. Mit Hilfe dieses Vektorsystems wurde das Hüllprotein-Gen des BNYVV in allen drei genannten Pflanzenarten exprimiert. Dabei wurde eine BNYVV-Partikel-Bildung nachgewiesen, die entgegen früheren Annahmen offensichtlich auch ohne das Hüllprotein-Durchleseprotein möglich war.

51-2 – Feil, N.

Staatliches Weinbauinstitut Freiburg

Untersuchungen zur Interaktion zwischen dem virusübertragenen Nematoden *Xiphinema* index und verschiedenen *Vitis*-Arten

Eine der wichtigsten Virosen im Weinbau ist die Reisigkrankheit, verursacht durch das Grapevine Fanleaf Virus (GFLV), das Arabis Mosaik Virus (ArMV) oder das Raspberry Ringspot Virus (RRV). Die genannten Viren gehören zu der Gruppe der Nepo-Viren (nematodenübertragene, polyedrische Viren). Nematodenarten der Gattungen *Xiphinema* und *Longidorus* übertragen diese Viren. Viruskrankheiten kommen latent (nicht sichtbar) in Reben vor. Mit zunehmendem Alter der Rebstöcke können die Viren