

*graminis* übertragen. *P. graminis* bildet Dauersporen, in denen das Virus über mehrere Jahre überdauern kann und infektiös bleibt. Bis heute ist gegenüber dem Virus nur eine Translokations-Resistenz bekannt. Diese verhindert, dass SBWMV von den infizierten Wurzeln in die Blätter der Wirtspflanze wandern kann. Ertragsverluste durch SBWMV können nur durch den Anbau von resistenten Pflanzen verhindert werden. Die molekularen Grundlagen, wie SBWMV mit der Wirtspflanze während der Infektion interagiert sind noch unbekannt. Mit der Untersuchung vom viralem Movement Protein (MP), einem Protein von Bedeutung für die Bewegung des Virus durch die Pflanze, soll die Interaktion zwischen SBWMV und der Wirtspflanze besser verstanden werden. Dafür nutzen wir Fluoreszenz-markiertes MP, um dessen zelluläre Lokalisationen und pflanzliche Interaktionspartner in der Modellpflanze *Nicotiana benthamiana* zu identifizieren. Ein besseres Verständnis der Interaktion soll anschließend helfen, neue Strategien zur Bekämpfung von SBWMV zu finden.

Finanzierung: DFG

### **149 - Aufklärung der SBWMV-Wirt-Interaktion - Subzelluläre Lokalisierung von CP-RT während der Infektion**

*Illuminating SBWMV-host interaction – Subcellular localization of CP-RT during infection*

**Nico Sprotte, Claudia Janina Strauch, Sabine Bonse, Annette Niehl**

Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogeniagnostik, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig, Deutschland

Bodenbürtige Getreideviren verursachen erhebliche Ernteverluste und stellen daher eine große Bedrohung für die Landwirtschaft in Europa, Asien und Amerika dar. Das bodenbürtige Weizenmosaikvirus (SBWMV) infiziert verschiedene Pflanzenarten wie Weizen, Roggen oder Gerste und wird durch einen Plasmodiophorida namens *Polymyxa graminis* übertragen. Resistenzen gegen die Virusinfektion sind kaum beschrieben; in Weizen kodieren die Gene *Sbm1* und *Sbm2* für eine Translokationsresistenz, die die Infektion auf die Pflanzenwurzeln beschränkt. Eine erfolgreiche Infektion der Wurzeln und die Translokation des Virus in das obere Pflanzengewebe hängt vom viralen Movement Protein (MP) und dem Coat Protein Readthrough Protein (CP-RT) ab. Wir modifizierten einen SBWMV cDNA-Klon, um fluoreszierende CP-RT-Fusionsproteine (CP-RT:FP) zu exprimieren und diese hinsichtlich ihrer subzellulären Lokalisation und ihrer Funktion während der Virusinfektion zu untersuchen.

Finanzierung: DFG

### **150 - Einfluss von Vergilbungsviruspezies der Zuckerrübe auf Ertrag und Qualität nach künstlicher Feldinokulation und Nachweis genotypischer Unterschiede bezüglich der Anfälligkeit**

*Influence of sugar beet virus yellows species on yield and quality after artificial field inoculation and detection of genotypic differences with respect to susceptibility*

**Roxana Hossain, Celin Lachmann, Mark Varrelmann**

Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstr. 77, 37077 Göttingen

Die viröse Vergilbung, die durch einen Komplex aus verschiedenen Virusarten verursacht wird, wird hauptsächlich durch die Blattlausart *Myzus persicae* übertragen. In Europa sind das *Beet yellows virus* (BYV), das *Beet mild yellowing virus* (BMYV) und das *Beet chlorosis virus* (BChV) wirtschaftlich am bedeutendsten, während das *Beet mosaic virus* (BtMV) vergleichsweise selten nachgewiesen wird. Die Symptome sind sehr variabel und zeichnen sich durch Chlorosen und Nekrosen sowie beim BtMV durch mosaikartige Vergilbung älterer Blätter aus. Das Befallsrisiko hängt von natürlichen Schwankungen der Blattlauspopulation ab und wird durch klimatische Bedingungen sowie dem Infektionszeitpunkt während der Vegetation beeinflusst. In der Vergangenheit wurde die viröse Vergilbung bei Zuckerrüben