

---

## Sektion 15

### Molekulare Phytomedizin

---

#### 15-1 - Molekulare Analyse der Ursachen für die *Rz1* Resistenzüberwindung in Zuckerrüben durch das *Beet necrotic yellow vein virus*

*Investigations on the molecular mechanism of Rz1 resistance breaking in sugar beet by Beet necrotic yellow vein virus*

**Sebastian Liebe<sup>1</sup>, Edgar Maiss<sup>2</sup>, Mark Varrelmann<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Institute of Sugar Beet Research, Department Phytopathology, Holtenser Landstr. 77, 37077 Göttingen

<sup>2</sup>Leibniz University Hannover, Institute of Horticultural Production Systems, Dept. Phytomedicine, Herrenhäuser Str.2, 30419 Hannover

Das *Beet necrotic yellow vein virus* (BNYVV) verursacht die wirtschaftlich bedeutende Rhizomania-Krankheit an der Zuckerrübe. Infizierte Pflanzen weisen systemische Adernvergilbungen auf, sowie einen kleinen Rübenkörper mit starker Seitenwurzelbildung. Das Resistenzgen *Rz1* wird seit mehreren Jahrzehnten zur Kontrolle von BNYVV im Zuckerrübenanbau eingesetzt, jedoch führte der hohe Selektionsdruck zum Auftreten von resistenzbrechenden Populationen. Sequenzanalysen führten zur Identifizierung von Mutationen im RNA3 kodierten Pathogenitätsfaktor P25 an den Aminosäurepositionen 67-70 (AS67-70). Ebenso konnte in einigen Populationen das Vorhandensein einer zusätzlichen RNA (RNA5) nachgewiesen, die den Pathogenitätsfaktor P26 kodiert.

Um den Mechanismus der Resistenzüberwindung genauer zu untersuchen, ist eine gezielte Veränderung des viralen Genoms mit einem reversen genetischen System notwendig. Im Rahmen eines laufenden Projektes wird daher unter Nutzung eines infektiösen cDNA Klons des BNYVV die *Rz1* Resistenzüberwindung untersucht. Hierfür wurden zunächst natürliche Viruspopulationen aus Europa in einem Gewächshaustest auf ihre resistenzbrechenden Eigenschaften untersucht. Anschließend wurde der Virustyp, die Sequenzvariabilität des P25 und das Vorhandensein der RNA5 bestimmt. Ebenso erfolgte eine Tiefensequenzierung von ausgewählten Populationen, die aus anfälligen und resistenten Genotypen isoliert wurden. Die resistenzbrechenden Eigenschaften von Mutationen wurden mit einem Vollängenklon des BNYVV in Zuckerrübe überprüft.

Unter Gewächshausbedingungen konnte die *Rz1* Resistenzüberwindung für mehrere Populationen nachgewiesen werden. Die Viruspopulationen konnten dem BNYVV A-, B- oder P-Typ zugeordnet werden. Die Sequenzvariabilität des P25 variierte in Abhängigkeit der Population, wobei die größte Variabilität im Bereich der AS67-70 auftrat. Das Vorhandensein einer zusätzlichen RNA5 konnte in zahlreichen europäischen Populationen nachgewiesen werden, wobei die RNA5s entweder dem P- oder J-Typ zugehörten. Ein Vergleich der mittels Tiefensequenzierung bestimmten Genomsequenz von zwei Populationen ließ keinen wesentlichen Selektionsdruck des Genotyps erkennen. Darüberhinaus konnte bei einer Population mittels Tiefensequenzierung ein Reassortment aus A-, B- und P-Typ nachgewiesen werden. Unter Anwendung des reversen genetischen Systems konnte der Effekt von verschiedenen Mutationen im P25 sowie der RNA5 auf die *Rz1* Resistenzbrechung nachgewiesen werden. Die bisherigen Ergebnisse verdeutlichen, dass BNYVV unter einem starken Selektionsdruck steht, verursacht durch die Anpassung an die *Rz1* Resistenz.

Finanzierung: Das IGF-Vorhaben BR 52/19 AiF der Forschungsvereinigung Gemeinschaft zur Förderung der privaten deutschen Pflanzenschutz e. V. – GFP wird über die AiF im Rahmen des Programms zur Förderung der Industriellen Gemeinschaftsforschung und –entwicklung (IGF) vom Bundesministerium für Wirtschaft und Technologie aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages gefördert.