

ASAV in Blättern ohne Symptome wird diskutiert. Außerdem wurde ASaV in Deutschland und Norditalien entdeckt und die bisher bekannte Verbreitung des Virus dadurch erweitert. In Hamburg wurde ASaV sowohl in Straßenbäumen als auch in einer naheliegenden Baumschule nachgewiesen. Diese Studie trägt zu einer detaillierten Charakterisierung des neuartigen Virus in *Fraxinus* spp. bei und weist auf eine wichtige Rolle des Pflanzenhandels in der Verbreitung des Virus hin.

Literatur

ROGBACH J., H.-L. DIECKMANN, T. BÜTTNER, H.-P. MÜHLBACH, S. VON BARGEN, C. BÜTTNER 2015: Genetic variability and phylogeny of European mountain ash ringspot-associated virus RNA3 and RNA4. *Forests* **6**, 4072–4087.

55-6 - Auftreten neuartiger Viren in Eichen

Occurrence of new plant viruses in oak

Marius Rehanek, Susanne von Bargaen, Hector Fernandez, Martina Bandte, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

An der forstwirtschaftlich stark genutzten Stieleiche (*Quercus robur* L.) werden seit Jahrzehnten virusverdächtige Symptome an unterschiedlichen Standorten in Europa und den USA beobachtet und dokumentiert (Bandte et al., 2020), aber erst die Hochdurchsatzsequenzieretechnik (HTS) hat zur Aufklärung des Erregers der lang beobachteten Symptome geführt. Es wurde ein neuer Vertreter der Gattung *Emaravirus* (Fam. *Fimoviridae*, Ord. *Bunyavirales*) identifiziert, welche Pflanzenviren mit ökonomischer und ökologischer Bedeutung umfasst. Das Negativstrang RNA-Genom der Emaraviren ist segmentiert und besitzt einen Kern von vier Genomsegmenten, von denen jedes Segment für ein virusspezifisches Protein kodiert. Die RNA 1 kodiert die RNA-abhängige RNA-Polymerase, die RNA 2 den Glykoproteinvorläufer, die RNA 3 das virale Nukleokapsidprotein und die RNA 4 das vermutete Transportprotein (Mielke-Ehret und Mühlbach, 2012). Blattmaterial von Stieleichen an Forst- und urbanen Standorten Deutschlands und Skandinaviens wurde über mehrere Jahre bonitiert und beprobt und die verschiedenen viralen Genomsegmente durch diagnostische RT-PCRs spezifisch in erkrankten Eichen nachgewiesen. Dabei wurde eine enge Assoziation der Virusdetektion mit der Ringfleck-Symptomatik an den Blättern der Stieleichen ersichtlich. Der erfolgreiche Virusnachweis in Eichenpopulationen verschiedener Standorte sowohl in Deutschland als auch in Schweden und Norwegen indiziert eine weite Verbreitung des common oak ringspot-associated virus (CORaV) (Rehanek et al., 2021).

Bei einer Analyse verschiedener Stadtbaumarten (u. a. Eiche, Ulme, Ahorn, Esche, Felsenbirne) auf Virusinfektionen im Jahr 2018 mittels HTS (RNASeq, Illumina) wurden darüber hinaus Virussequenzen identifiziert, die Ähnlichkeiten mit der Hel-Pro-Pol Region von Viren aus der Familie *Secoviridae* aufwiesen. Für den weiteren Nachweis wurden diagnostische Primer für ein RT-PCR basiertes Screening abgeleitet.

Zur Einschätzung der Bedeutung der neu identifizierten Viren ist eine weitere Charakterisierung erforderlich. Dazu werden erste Ergebnisse vorgestellt.

Literatur

BANDTE, M., M. REHANEK, B. LEDER, S. VON BARGEN, C. BÜTTNER, 2020: Identification of an emaravirus in a Common oak (*Quercus robur* L.) conservation seed orchard in Germany: implications for oak health. *Forests* **11**, e1174.

MIELKE-EHRET, N., H.-P. MÜHLBACH, 2012: Emaravirus: A Novel Genus of Multipartite, Negative Strand RNA Plant Viruses. *Viruses* **4**, 1515–1536.

REHANEK, M., S. VON BARGEN, M. BANDTE, D.G. KARLIN, C. BÜTTNER, 2021: A novel emaravirus comprising five RNA segments is associated with ringspot disease in oak. *Archives of Virology* **166**:987–990. <https://doi.org/10.1007/s00705-021-04955-w>.

Finanzierung: Fazit Stiftung, COST-DIVAS (FA1407), DFG: BU890/27-1