

---

## Sektion 15

### Forst und Wald II

---

#### 15-1 - Ringfleckigkeit an Flatterulme – Untersuchung assoziierter Pathogene

*Ringspots on European white elm – analysis of associated pathogens*

**Anne-Mareen Eisold, Markus Rott, Susanne von Barga, Martina Bandte, Carmen Büttner**

Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Deutschland, phytomedizin@agr.ar.hu-berlin.de

Seit dem Jahr 2000 werden ca. 150-jährige Flatterulmen (*Ulmus laevis* Pall.) im Schlosspark Caputh regelmäßig untersucht. Von 30 bonitierten Ulmen weisen 16 Bäume regelmäßig virustypische Symptome wie Blattscheckungen, chlorotische Blattflecken, Mosaik und Ringflecken auf. In Voruntersuchungen konnten Faktoren wie pilzliche und bakterielle Pathogene als Verursacher der Symptome ausgeschlossen werden. Mittels Elektronenmikroskopie wurden flexible Partikel mit einer Länge von ca. 800 nm detektiert. Potyviren wurden bereits durch DAS-ELISA sowie RT-PCR mit Potyvirus-spezifischen Primern ausgeschlossen (Bandte et al. 2004).

Ziel dieser Arbeit ist die Identifizierung viraler Pathogene, die mit der Erkrankung assoziiert sind. Krautige Biotestpflanzen (*Chenopodium quinoa* Willd.) wurden mit homogenisierten Knospen erkrankter Flatterulmen inokuliert und zeigten daraufhin virustypische Symptome wie Chlorosen, Nekrosen und Wuchsdepressionen. Aus Pflanzenmaterial der inokulierten *C. quinoa* wurden Viruspartikel nach Dijkstra & de Jager (1998) angereichert. Im Transmissionselektronenmikroskop waren in dieser Virusanreicherung sowohl bacilliforme Partikel mit einer Länge von ca. 70 nm, als auch quasi-isometrische Partikel mit einem Durchmesser von etwa 25 nm und filamentöse Partikel mit einer Länge von etwa 350 nm zu erkennen. Aus der Virusanreicherung wurde virale RNA isoliert, eine sequenzunabhängige random (r)PCR nach Froussard et al. (1992) durchgeführt und die generierten Fragmente kloniert und sequenziert. Der Abgleich dieser Sequenzen mit der NCBI Datenbank ergab eine Übereinstimmung mit Sequenzbereichen der RNA1 und RNA3 des *Elm mottle virus* (EMoV). Aus diesen Bereichen wurden spezifische Primer abgeleitet, welche den direkten Nachweis von EMoV in den beprobten Bäumen mittels RT-PCR ermöglichen. Auch aus inokulierten *C. quinoa* isolierte dsRNA entsprach in der Größe dem EMoV Genom. Die Virusanreicherung zeigte ferner in der SDS-PAGE eine zusätzliche Bande, die mit einer molekularen Masse von 25 kDa der Größe des Hüllproteins von EMoV entspricht. Somit können die quasi-ikosaedrischen und bacilliformen Partikel dem EMoV zugeordnet werden.

Um eine Eingruppierung der filamentösen Partikel in das Genus *Carlavirus* zu prüfen, wurde RNA aus Blattmaterial von inokulierten *C. quinoa* und symptomtragenden Flatterulmen isoliert und eine RT-PCR mit Carlavirus-spezifischen Primern durchgeführt. Eine Infektion mit Carlaviren in den untersuchten Ulmen und den inokulierten *C. quinoa* konnte nicht nachgewiesen werden.

Das tripartite Genom des vorliegenden EMoV-Isolates soll nun vollständig charakterisiert werden.

#### Literatur

- BANDTE, M., M. ESSING, C. OBERMEIER, C. BÜTTNER, 2004: Investigations on virus-diseased elm trees (*Ulmus laevis* Pall.) in eastern Germany. *Investigación agraria. Sistemas y recursos forestales* **13**, 65-69.
- DIJKSTRA, J., C. P. DE JAGER, 1998: *Practical plant virology: protocols and exercises*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 238-273.
- FROUSSARD P., 1992: A random-PCR method (rPCR) to construct whole cDNA library from low amounts of RNA. *Nucleic Acids Research* **20**, 2900.