34-2 - Charakterisierung der Transportprotein- kodierenden Region des *Cherry leaf roll virus* (CLRV)

Analysis of the putative movement protein- coding region of Cherry leaf roll virus (CLRV)

Luise Dierker, Susanne von Bargen, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakültät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Deutschland, Markus.Rott@agrar.hu-berlin.de

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) der Gattung *Nepovirus* ist weltweit in einer Vielzahl krautiger und holziger Wirtspflanzenarten vertreten. Die natürliche Verbreitung kann vertikal durch Saatgut und horizontal durch Pollen erfolgen, so dass bei einer systemischen Ausbreitung des Virus in der Wirtspflanze auch die reproduktiven Organe infiziert sind. Die interzelluläre Ausbreitung des Virus innerhalb der Pflanze über Plasmodesmata erfolgt entlang tubulärer Strukturen die durch das Transportprotein gebildet werden. Der interzelluläre Transport von CLRV erfolgt als Partikel. Daher ist davon auszugehen, dass neben dem Transportprotein (MP, 385 aa, 42 kDa) auch das Hüllprotein (CP, 512 aa, 56 kDa) an der Aubreitung in der Pflanze beteiligt ist. Das Transportprotein von CLRV gehört zur Familie der 30 K *movement*-Proteine und besitzt eine zentrale Domäne aus β-Faltblattelementen und α-Helices (Melcher, 2000). Innerhalb dieser Region weist das MP von CLRV ein konserviertes Prolin an Position 223 der Aminosäuresequenz auf, wie es für Transportproteine der Nepoviren charakteristisch ist (Mushegian et al., 1994). In dieser Arbeit wurden CLRV-Sequenzen von Transportprotein-kodierenden Bereichen von Isolaten verschiedener phylogenetischer Gruppen miteinander verglichen. Zudem wurde die Domänenstruktur der CLRV-MPs mit Hilfe verschiedener Computerprogramme analysiert. Basierend darauf wurden Deletionsmutanten des MP von CLRV aus Rhabarber hergestellt. Diese Mutanten wurden im Hefe Zwei-Hybrid-System (YTHS) eingesetzt, um funktionelle Bereiche des MP, die Protein-Interaktionsdomänen darstellen und u.a. zur Dimerisierung dieses Proteins beitragen, zu determinieren.

Literatur

MELCHER, U., 2005: The `30 K` superfamily of viral movement proteins. J. Gen. Virol. **81** (1), 257-266.

MUSHEGIAN, A. R., 1994: The putative movement domain encoded by nepovirus RNA-2 is conserved in all sequenced nepovirus. Arch. Virol. **135** (3-4), 437-441.

34-4 - Komparative Analysen der vollständigen Genome der Acholeplasmataceae zeigen grundlegende Unterschiede im Metabolismus und Virulenzfaktoren auf

Comparative Analyses of the Complete Genoms of Acholeplasmataceae show Basic Differences in Metabolism and Virulence Factors

Michael Kube, Christin Siewert, Sabine Holz, Bojan Duduk[2], Jelena Mitrovic[2], Erich Seemüller[3], Richard Reinhardt[4] ,Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Fakultät für Lebenswissenschaften, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin
[2]Institute of Pesticides and Environmental Protection, Belgrade/Serbia
[3]Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau
[4]Max Planck Genome Centre Cologne, Köln

Die Acholeplasmataceae umfassen das provisorische Taxon *Candidatus* Phytoplasma und *Acholeplasma*. Die Phytoplasmen sind mit Krankheiten in über eintausend Pflanzen assoziiert, während die saprophytischen Acholeplasmen nicht als primäre Pathogene charakterisiert sind. Für die Gattung *Acholeplasma* lag bisher nur die Genomsequenz von *A. laidlawii* vor. Um diese Informationslücke zu schließen, bestimmten wir vollständig die Genome von *A. palmae* und *A. brassicae* via Sanger- und Pyrosequenzierung. Die zirkulären Chromosomen von *A. palmae* und *A. brassicae*