

related to the originally described TRV Sym and TRV PpK20 RNA 1 molecules (Genbank accession numbers X06172 and AF314165). In central and northern Germany, however, we observed TRV RNA 1 variants which were more closely related to those which we had recently identified in two ornamental plants, i.e. in *Alstroemeria* and *Hosta* (Koenig et al., 2012 and 2013). These latter types of RNA 1 molecules have recently also been detected in potatoes (Yin et al., 2014). A third group of RNA 1 molecules in Northern Germany was found to be more closely related to those of some strains found in The Netherlands and North America. The RNA 1 of the resistance-breaking TRV type PpO85M described by Robinson (2004) has so far not been found in Germany. Investigations on the pathogenic effects of different TRV strains for various potato cultivars are now in progress.

#### References

- KOENIG, R., LESEMANN, D.E., PFEILSTETTER, E., WINTER, S., PLEIJ, C.W., 2011. Deletions and recombinations with the RNA1 3' ends of different tobamoviruses have created a multitude of tobacco rattle virus TCM-related RNA2 species in *Alstroemeria* and tulip. *J. Gen. Virol.* 92, 988-996.
- KOENIG, R., LESEMANN, D.E., PLEIJ, C.W., 2012. Tobacco rattle virus genome alterations in the *Hosta* hybrid 'Green Fountain' and other plants: reassortments, recombinations and deletions. *Arch. Virol.* 157, 2005-2008.
- ROBINSON, D.J., 2004. Identification and nucleotide sequence of a *tobacco rattle virus* RNA-1 variant that causes spraing disease in potato cv. Bintje. *J. Phytopathology* **152**, 286-290.
- YIN, Z., PAWEŁKOWICZ, M., MICHALAK, K., CHRZANOWSKA, M., ZIMNOCH-GUZOWSKA, E., 2014. The genomic RNA1 and RNA2 sequences of the tobacco rattle virus isolates found in Polish potato fields. *Virus Res.* 185, 110-113.

## **150 - Detektion und Diversität des European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in Ebereschen (*Sorbus aucuparia* L.) in Norwegen**

*Detection and variability of European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in Sorbus aucuparia L. in Norway*

**Theresa Büttner, Jenny Robel, Hans-Peter Mühlbach<sup>2</sup>, Susanne von Bargaen, Carmen Büttner**

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

<sup>2</sup> Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek; Ohnhorststr. 18, 22609 Hamburg, Deutschland, phytomedizin@agrar.hu-berlin.de

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) ist ein negativ-orientiertes einzelsträngiges RNA Virus, welches 4 Genomsegmente enthält (Mielke und Mühlbach 2007). Das Virus ist in weiten Teilen Europas in Ebereschen (*Sorbus aucuparia*) verbreitet (Robel et al. 2013). In dieser Studie wurden erstmals 31 Blattproben von Ebereschen mit Symptomen wie chlorotischen Ringflecken und Scheckungen von verschiedenen Standorten in Norwegen auf eine EMARaV-Infektion untersucht. Zur Detektion des Virus wurden zwei unabhängige Fragmente innerhalb des kodierenden Bereichs der viralen RNA2 (300 bp) bzw. der 3' nicht-translatierten Region der RNA3 (204 bp) mittels RT-PCR amplifiziert. Das Virus konnte in 9 Bäumen aus Mittelnorwegen nachgewiesen werden. Anhand des Sequenzvergleichs der RNA2 und RNA3 Fragmente wurde zum einen die Infektion der Ebereschen mit EMARaV bestätigt und zum anderen konnte die Variabilität der EMARaV Varianten miteinander verglichen werden. Die Identitäten der Aminosäuresequenzen der RNA2 Fragmente der norwegischen Varianten untereinander und im Vergleich mit EMARaV Sequenzen aus der Datenbank lagen zwischen 96,5-100%. Die RNA3 Fragmente zeigten auf Nukleotidebene Identitäten von 67,2-100% untereinander bzw. zu den bereits veröffentlichten Sequenzen. Es konnte gezeigt werden, dass es 2 Gruppen von Sequenzvarianten innerhalb der norwegischen viralen RNA3 Fragmente gab, die nicht mit der geografischen Distanz korrelierten.

#### Literatur

- MIELKE, N., H.-P. MÜHLBACH, 2007: A novel, multipartite, negative-strand RNA virus is associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.), *J. Gen. Virol.* **88**, 1337-1346.

ROBEL, J., M. BANDTE, H.-P. MÜHLBACH, S. VON BARGEN, C. BÜTTNER, 2013: Ein neuartiges Virus in *Sorbus aucuparia* L.: Nachweis und Verbreitung des European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV). In: Jahrbuch der Baumpflege. DUJESIEFKEN, D., Braunschweig, Haymarket Media, 47-53 S.

## **151 - Charakterisierung des *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) in Mehlbeerenarten (*Sorbus* spp.)**

*Characterization of the European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in whitebeam species (Sorbus spp.)*

**Luisa Dieckmann, Jenny Robel, Susanne von Bargaen, Carmen Büttner**

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

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) ist ein negativ-orientiertes einzelsträngiges RNA-Virus bestehend aus 4 Genomsegmenten der Gattung *Emaravirus* (Benthack et al., 2005; Mühlbach und Mielke, 2011). An den Blättern der Eberesche (*Sorbus aucuparia* L.) führt eine Infektion mit EMARaV zur Bildung von Scheckungen und/oder chlorotischen Ringflecken und kann die Degeneration der Pflanze bewirken (Mielke und Mühlbach, 2007). Neben der Eberesche als Wirtspflanze konnte EMARaV erstmals in Mehlbeerenarten nachgewiesen werden (Robel et al. 2013). Die RNA1, RNA2, RNA3 sowie die p4-kodierende Region der RNA4 der Virusvariante aus *Sorbus intermedia* wurden mittels PCR amplifiziert und sequenziert. Die Sequenzen wurden mit der publizierten Virusvariante des Typstammes aus *Sorbus aucuparia* verglichen. Die Identität der Nukleotidsequenzen des untersuchten 5370 bp Fragments der RNA1 von EMARaV aus *Sorbus intermedia* beträgt im Vergleich zu *Sorbus aucuparia* (NC013105) 98 %. Die 2335 bp lange RNA2 der beiden Virusvarianten ähnelt sich zu 99 %. Die RNA3 ist 1560 bp lang und gleicht zu 98 % dem Fragment der Vergleichssequenz (DQ831828). Die Identität der Nukleotidsequenzen des p4-Proteins beider EMARaV-Varianten beträgt 100 %. Die Genome von EMARaV aus *Sorbus intermedia* und *Sorbus aucuparia* besitzen zueinander Sequenzidentitäten von mindestens 98 %. Die genetische Variabilität des Virus wird offenbar durch andere Faktoren als die jeweilige Wirtspflanze beeinflusst.

### Literatur

- BENTHACK W., N. MIELKE, C. BÜTTNER, H. P. MÜHLBACH. 2005: Double-stranded RNA pattern and partial sequence data indicate plant virus infection associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). *Arch. Virol.* 150, 37-52.
- MIELKE N, MÜHLBACH HP. 2007: A novel, multipartite, negative-strand RNA virus is associated with the ringspot disease of European mountain ash (*Sorbus aucuparia* L.). *Journal of General Virology* 88: 1337-1346.
- MÜHLBACH HP, MIELKE-EHRET N. 2011: *Emaravirus*. *Virus Taxonomy* 767-770.
- ROBEL J, BÜTTNER T, MÜHLBACH HP, VON BARGEN S, BÜTTNER C. 2013: First detection of European mountain ash ringspot-associated virus in *Sorbus aria* and *Sorbus intermedia*. AAB Conference.

## **152 - Vollständige Genomsequenz eines *Carrot virus S* Isolates aus Meerfenchel aus Spanien**

**W. Menzel, P. Menzel, S. Winter**

Leibniz Institut DSMZ, Abteilung Pflanzenviren, Braunschweig

Aus dem dsRNA Extrakt einer Möhrenprobe aus Bingenheim wurde die Teilsequenz (2,2 kb) eines bisher unbekanntes Carlavirus ermittelt und 2008 publiziert. Alle Versuche, diese Virus in den folgenden Jahren bei der Untersuchung von hunderten Möhrenprobe und Proben anderer Apiaceen aus verschiedenen Regionen Deutschlands wiederzufinden, waren nicht erfolgreich. Von einer zufällig an der Felsküste im Norden von Mallorca gesammelten, stark chlorotischen Meerfenchelprobe (*Crithmum maritimum*, Fam. Apiaceae) konnte ein Virus mechanisch auf *Nicotiana*