

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