

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*

hesperis übertragen werden. Das vollständige Genom dieses Virus (8,6 kb) wurde ermittelt und Sequenzvergleiche zeigten, daß es sich um ein Isolat des Carrot virus S handelt. Das Virusisolat aus Spanien konnte auf verschiedene Apiaceen, u. a. Möhre, Fenchel und Sellerie, übertragen werden. Dies ist der zweite dokumentierte Fund dieses Virus überhaupt und der erste Fund außerhalb Deutschlands. Es ist in der Virussammlung der DSMZ unter der Nummer PV-1090 verfügbar.

153 - Nachweis und vollständige Sequenzierung eines Carla- und eines Potex-virus aus *Epiphyllum spec.*

Detection and complete sequence of a Carla- and Potexvirus in Epiphyllum spec.

Edgar Maiss, Paul Rentz, Annette Hohe², Rosa Herbst²

Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin, Herrenhäuser Straße 2, 30419 Hannover, Deutschland

²Leibniz Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren / Erfurt e.V., Kühnhäuser Str. 101, 99090 Erfurt, Deutschland

In Kakteen wurden in der Vergangenheit verschiedene Viren, wie z. B. das *Cactus virus X* nachgewiesen. Nur wenig untersucht sind bislang allerdings Blattkakteen der Gattung *Epiphyllum*. Bei diesen Pflanzen treten immer wieder unterschiedliche Blütenfärbungen bzw. Blütenbrechungen auf, die auf Infektionen mit Viren schließen lassen. Ziel der Arbeiten war es, den Virusstatus von *Epiphyllum spec.* zu erfassen und eventuell auftretende Viren zu beschreiben. Aus ca. 50 Blüten- bzw. Blattproben von *Epiphyllum spec.* wurden zunächst dsRNAs gewonnen. Es wurden mehrere dsRNAs mit Größen von ca. 6.5 kb bis über 11 kb gefunden. Nach RT-PCR mit Zufallsprimern und Klonierung der DNA-Fragmente wurden die Sequenzen bestimmt, wobei Ähnlichkeiten zu Viren aus der Familie *Closteroviridae*, bzw. aus den Gattungen Carla- und Potexvirus gefunden wurden. Im weiteren Verlauf wurden die kompletten Sequenzen eines Carla- und eines Potexvirus bestimmt sowie die Häufigkeit des Auftretens in *Epiphyllum spec.* überprüft. Während es sich bei dem Carlavirus um ein neues Virus handelt, konnte das Potexvirus als ein Stamm des *Cactus virus X* identifiziert werden. Das Carlavirus wurde in ca. 80%, das Potexvirus in etwa 40% der untersuchten Pflanzen nachgewiesen. Die Genomorganisation beider Viren sowie ihre phylogenetische Einordnung in die Familie der *Flexiviridae* werden beschrieben und diskutiert.

Literatur

KOENIG, R., PLEIJ, C.W., LOSS, S., BURGERMEISTER, W., AUST, H., SCHIEMANN, J., (2004) Molecular characterisation of potexviruses isolated from three different genera in the family Cactaceae. *Archives of Virology* 149, 903-914. LVAREZ, J. M., R. SRINIVASAN, 2005.

MILICIC, D., UDJIBINAC, Z., (1961) Virus-Eiweißspindel in der Kakteen in Lokalläsionen von *Chenopodium*. *Protoplasma* 53, 584-596.

MILICIC, D. et al., (1966) Vergleichende serologische und elektronenmikroskopische Untersuchungen an Isolaten des Kakteen-X-Virus. *Phytopathol Z*, 55, 211-217.

WEBER, F., (1953) Viruskrankes *Epiphyllum*. *Plant Systematics and Evolution*, 100, 548-551.