

165 - Taxonomische Analyse der mikrobiellen Gemeinschaft von Zuckerrüben unter unterschiedlichen Lagerbedingungen mittels Hochdurchsatz-Amplikonsequenzierung von unterschiedlichen Markergenen

Taxonomic analysis of the microbial community in stored sugar beets using high-throughput sequencing of different marker genes

Sebastian Liebe, Daniel Wibberg², Anika Winkler², Alfred Pühler², Andreas Schlüter², Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37077 Göttingen, Deutschland

²Centrum für Biotechnologie (CeBiTec), Genomforschung industrieller Mikroorganismen, Universitätstraße 27, 33615 Bielefeld, Deutschland

Zuckerrüben können während der Lagerung von verschiedenen phytopathogenen Mikroorganismen besiedelt werden, die durch Bildung von Lagerfäulen erhebliche Zuckerverluste verursachen. Ziel der Studie war es mittels Hochdurchsatz-Amplikonsequenzierung den Einfluss von unterschiedlichen Faktoren auf die mikrobielle Gemeinschaft gelagerter Zuckerrüben zu untersuchen.

Zu diesem Zweck wurden drei Zuckerrübenotypen an zwei unterschiedlichen Standorten angebaut und nach der Ernte für 12 Wochen bei 8°C und 20°C im Klimacontainer gelagert. Nach der Lagerung wurden die Zuckerrüben auf Lagerfäulen bonitiert. Für die Bestimmung der mikrobiellen Gemeinschaft wurde eine Amplikonsequenzierung für unterschiedliche Organismengruppen durchgeführt.

Die resultierenden Sequenzdaten wurden unter Verwendung der Programme Mothur und RDP-Classifier prozessiert und taxonomisch analysiert. Die unterschiedlichen Lagerungstemperaturen hatten den größten Einfluss auf die mikrobielle Gemeinschaft, gefolgt vom Standortfaktor. Dagegen beeinflussten die unterschiedlichen Zuckerrübenotypen die Zusammensetzung der mikrobiellen Gemeinschaft nur geringfügig. In Abhängigkeit von Standort und Lagerungstemperatur konnten erhaltene Sequenzen besonders häufig den Pilzgattungen *Botrytis*, *Fusarium* und *Talaromyces* zugeordnet werden, die wichtige Fäulniserreger beinhalten. Obwohl signifikante Unterschiede im Ausprägungsgrad der Lagerfäule bei unterschiedlichen Genotypen und Standorten festgestellt werden konnten, wies die taxonomische Zusammensetzung der Gemeinschaft nur geringe Unterschiede auf.

166 - Molecular characterization of a novel mycovirus found in *Rhizoctonia solani* AG 2-2IIIB

*Molekulare Charakterisierung eines neuen Mycovirus aus *Rhizoctonia solani* AG 2-2 IIIB*

Anika Bartholomäus, Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung (IfZ), Holtenser Landstraße 77, 37.79 Göttingen, Deutschland

Mycoviruses have been found in many plant pathogenic fungi and their presence can be associated with changes in virulence. Most of the mycoviruses have a dsRNA genome and their occurrence has also been reported for different anastomosis groups of *R. solani*. However, detailed information is only available for two of these mycoviruses named *R. solani* virus 717 and dsRNA virus 1, isolated from AG 2 and AG 1IA. In order to identify dsRNA mycoviruses of *R. solani* AG 2-2IIIB, the causal agent of late root and crown rot in sugar beet, different isolates have been screened for the presence dsRNA elements. We found that dsRNA elements are quite abundant in AG2-2 IIIB and that fragment number and size varies between isolates. Sequence determination by random-primed RT-PCR suggests that novel viruses of different viral families like *Endornaviridae* and

Partitiviridae are present. Molecular characterization of one novel partitivirus revealed the presence of two segments from about 2,0 and 1,7 kb. The first segment shows high sequence similarity to dsRNA segments of other viruses belonging to the *Partitiviridae*. It consists of one big ORF and shows sequence similarity to *Partitiviridae* RdRps, like *Heterobasidion* partitivirus 5 and 3. The second segment contains one ORF from smaller size that shows some sequence similarities to the coat protein of some cryptic plant viruses. Future work will try to identify biological effects of *R. solani* infection with mycoviruses.