
Sektion 33 - Molekulare Phytomedizin / Diagnose- und Nachweisverfahren

33-1 - Dierker, L.; von Bargaen, S.; Büttner, C.

Humboldt-Universität zu Berlin

Identifizierung von Protein-Protein-Interaktionen im Wirt-Pathogen-System *Arabidopsis thaliana*/Cherry leaf roll virus

Identification of protein-protein-interactions in the host-pathogen-system Arabidopsis thaliana/Cherry leaf roll virus

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 das Saatgut und horizontal durch den Pollen erfolgen. Etwa 20 % aller Pflanzenviren sind durch das Saatgut übertragbar (Maule and Wang, 1996), so dass dieser Übertragungsweg eine große epidemiologische Relevanz besitzt. Die molekularen Mechanismen sind bisher nur wenig untersucht. Untersuchungen aus dem Jahr 2009 konnten eine Übertragung von CLRV durch das Saatgut von *Arabidopsis thaliana* über mehrere Generationen nachweisen (Rumbou et al., 2009). Es wird vermutet, dass neben dem viralen Transportprotein (MP, 385 aa, 42 kDa) auch das Hüllprotein (CP, 512 aa, 56 kDa) an der Ausbreitung in der Pflanze beteiligt ist.

Zur Identifizierung von pflanzlichen Proteinen, die an den multiplen Virus-Pflanze-Interaktionen während der Infektion des meristematischen Gewebes und der Samenentwicklung beteiligt sind, wird das Hefe Zwei-Hybrid System (YTHS) in Verbindung mit dem Modellsystem CLRV/*A. thaliana* verwendet. Beide viralen Proteine wurden als Köder zur Durchmusterung einer cDNA-Bibliothek von *A. thaliana* cv. Columbia (Nemeth et al., 1998) eingesetzt. Bisher wurden 37 potentiell positive pflanzliche Interaktionspartner des CLRV-MP über Selektion mit den Reporter genen HIS3 und LacZ gefunden. In ersten Untersuchungen mit dem viralen CP wurden zwei Transformanten positiv auf die Reporter gene getestet. Plasmide, die für potentielle pflanzliche Interaktionspartner kodieren, werden aus Hefe isoliert und sollen nach Sequenzierung mittels Daten-bankabgleich (NCBI) identifiziert werden. Zudem konnte eine spezifische Interaktion des Proteins At-4/1 aus *A. thaliana* mit dem CLRV-MP, nicht aber mit dem CP detektiert werden. Das Protein At-4/1 ist sowohl mit dem Endoplasmatischen Reticulum assoziiert als auch an den Plasmodesmata lokalisiert und vermittelt spezifisch den intra- und interzellulären Transport des *Tomato spotted wilt virus* (TSWV, Paape et al., 2006). Beide Viren nutzen die MP-vermittelte Ausbreitung in der Wirtspflanze entlang tubulärer Strukturen, so dass gleiche Transportmechanismen denkbar sind.

Literatur:

- MAULE, A.J., WANG, D., 1996: Seed transmission of plant viruses: a lesson in biological complexity. *Trends in Microbiology* 4, 153-158.
- NEMETH, K., SALCHERT, K., PUTNOKY, P., BHALERAO, R., KONCZ-KALMAN, Z., STANKOVIC-STANGELAND, B., BAKO, L., MATHUR, J., OKRESZ, L., STABEL, S., GEIGENBERGER, P., STITT, M., REDEI, G.P., SCHELL, J., KONCZ, C., 1998: Pleiotropic control of glucose and hormone responses by PRL1, a nuclear WD protein, in *Arabidopsis*. *Genes & Development* 12, 3059-3073.
- PAAPE, M., SOLOVYEV, A.G., EROKHINA, T., MININA, E.A., SCHEPETILNIKOV, M.Y., LESEMAN, D.-E., SCHIEMAN, J., MOROZOV, S.Y., KELLMANN, J.-W., 2006: At-4/1, an interactor of the *Tomato spotted wilt virus* movement protein, belongs to a new family of plant proteins capable of directed intra- and intercellular trafficking. *Mol Plant Microbe Interact* 19, 874-883.
- RUMBOU, A., VON BARGEN, S., BÜTTNER, C., 2009. A model system for plant-virus interaction – infectivity and seed transmission of *Cherry leaf roll virus* (CLRV) in *Arabidopsis thaliana*. *European Journal of Plant Pathology* 124, 527-532.

33-2 - Robel, J.¹⁾; Dieckmann, L.¹⁾; Mühlbach, H.-P.²⁾; von Bargaen, S.¹⁾; Büttner, C.¹⁾

¹⁾ Humboldt-Universität zu Berlin

²⁾ Universität Hamburg

Genetische Variabilität der Nucleocapsidprotein (p3)- und der p4-kodierenden Genomregion des *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) aus *Sorbus aucuparia* L. verschiedener europäischer Standorte

Genetic variability of the nucleocapsid protein (p3)- and p4-coding region of European mountain ash ringspot-associated virus (EMARaV) in Sorbus aucuparia L. of various European regions

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) konnte 2005 mit der Ringfleckigkeit der Eberesche assoziiert werden (Benthack et al., 2005), wenig später wurde das gesamte Genom charakterisiert (Mielke und Mühlbach, 2007). Jede RNA des viergeteilten ss(-)RNA-Genoms kodiert für ein Protein. Durch Sequenzver-