

in five clusteral phylogroups. Virulence assays carried out on rice near isogenic lines carrying defined resistant genes demonstrated a significant difference in genotype by strain interaction.

**118-Langer, J.<sup>1)</sup>; Gentkow, J.<sup>2)</sup>; von Bargaen, S.<sup>1)</sup>; Büttner, C.<sup>1)</sup>**

<sup>1)</sup> Humboldt-Universität zu Berlin

<sup>2)</sup> Leibniz-Institut Halle

**Variabilität Protein-kodierender Genombereiche des *Cherry leaf roll virus***

*Variability of protein-coding genome regions of Cherry leaf roll virus*

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) der Gattung *Nepovirus* (Comovirinae, Secoviridae) ist weltweit in einer Vielzahl von verschiedenen Wirtspflanzenarten aus 26 Pflanzengattungen, vornehmlich in Gehölzen, verbreitet. Die beiden genomischen einzelsträngigen RNA-Moleküle des CLRV kodieren für Polyproteine, die durch die virale Protease in die funktionellen Proteine gespalten werden. Die Genomvariabilität wurde anhand der RNA1-kodierten Proteine VPg, Protease, RdRP und des RNA2-kodierten Hüllproteins von CLRV-Isolaten aus verschiedenen Wirtspflanzen bestimmt. Auf der Basis von Nukleotid- und Aminosäuresequenzidentitäten differieren die Variabilitätswerte der untersuchten Proteine nur geringfügig bei maximal 22,7 % bzw. 15,1 %. Dagegen zeigte das Verhältnis von synonymen zu nicht-synonymen Nukleotidsubstitutionen, dass insgesamt auf alle untersuchten Protein-kodierenden Genombereiche ein hoher ( $dS/dN > 1$ ), auf die Protease aber der signifikant höchste negative Selektionsdruck wirkt. Dieses lässt vermuten, dass beim CLRV die genetische Evolution der Protease stark eingeschränkt ist und in anderen Protein-kodierenden Genombereichen beispielsweise funktionelle Interaktionen mit wirtsartspezifischen Faktoren eine höhere Variabilität bedingen können.

**119-Rott, M.; Büttner, C.; von Bargaen, S.**

Humboldt-Universität zu Berlin

**Heterologe Expression der viralen Proteinase des *Cherry leaf roll virus* (CLRV)**

*Heterologous expression of the viral proteinase of Cherry leaf roll virus (CLRV)*

*Cherry leaf roll virus* (CLRV), ein *Nepovirus* der Subgruppe C, gehört zur 2009 eingeführten Familie der Secoviridae (Sanfacon et al., 2009). Das bipartite Genom besteht aus einzelsträngiger RNA, die zwei Polyproteine (P1 und P2) kodiert. P1 beinhaltet charakteristische Domänen für einen Proteinase-Cofaktor (PCo), eine Helikase (Hel), ein genome-linked Protein (VPg), eine Proteinase (Pro) und eine RNA-abhängige Polymerase (Pol). P2 beinhaltet neben einer Region am 5'-Ende, der noch keine Funktion zugeordnet werden konnte, das movement Protein (MP), sowie das coat Protein (CP) (von Bargaen et al., 2012). Die Polyproteine werden posttranslational durch die virale Proteinase zu funktionellen Einheiten prozessiert. Die Analyse der Vollängensequenz zeigt diverse putative Prozessierungsstellen, die analog zu experimentell bestätigten Schnittstellen verwandter Proteinasen aus den Nepoviren *Tomato ringspot virus* (ToRSV, Wang et al., 1999, Wang und Sanfacon, 2000) und *Arabidopsis mosaic virus* (ArMV, Wetzel et al., 2008) liegen. Zur funktionalen Charakterisierung der Proteinase von CLRV wird diese, sowie Bereiche des P2-Polyproteins, die putative Erkennungsstellen kodieren, heterolog in *E. coli* exprimiert. Anschließend erfolgt die native Aufreinigung der Proteine unter Verwendung eines N-terminalen His-Tags über NTA-Agarose. Die proteolytische Aktivität der Proteinase, sowie die putativen Prozessierungsstellen des P2 werden *in vitro* experimentell verifiziert.

**120-Landgraf, M.<sup>1)</sup>; von Bargaen, S.<sup>1)</sup>; Bandte, M.<sup>1)</sup>; Büttner, C.<sup>1)</sup>; Jalkanen, R.<sup>2)</sup>; Bergmann, K.-C.<sup>3)</sup>; Kube, M.<sup>1)</sup>; Kneipp, J.<sup>1)</sup>; Vogel, L.<sup>4)</sup>; Behrendt, H.<sup>5)</sup>**

<sup>1)</sup> Humboldt-Universität zu Berlin

<sup>2)</sup> Finnish Forest Research Institute, Finland

<sup>3)</sup> Allergie-Centrum-Charité Berlin

<sup>4)</sup> Paul-Ehrlich-Institut

<sup>5)</sup> Technische Universität München

**Alteration of allergen potential by *Cherry Leaf Roll Virus* (CLRV) in infected birch pollen**

Our group has a major focus on the *Cherry Leaf Roll Virus* – CLRV a virus in trees which was correlated to a birch decline observed in Finland. The plant virus *Cherry leaf roll virus* infects many woody and herbaceous species and is widespread in temperate regions. The medical importance of the plant virus CLRV was never investigated. A negative impact on human health has to be seen in an allergen reaction to the virus modified pollen. Up to 80 %