

DEUTSCHE GARTENBAUWISSENSCHAFTLICHE
GESELLSCHAFT e. V.

UND

BUNDESVERBAND DER HOCHSCHUL-
ABSOLVENTEN/INGENIEURE GARTENBAU UND
LANDSCHAFTSARCHITEKTUR e.V.-BHGL

42. Gartenbauwissenschaftliche Tagung

**"Chancen und Grenzen der nicht-invasiven
Qualitätsanalytik im Gartenbau – Wie ist
Produktqualität messbar?"**

Kurzfassungen der Vorträge und Poster

Geisenheim, 23.02 bis 26.02.2005

ISSN 1613-088X

Phylogenetische Analyse von 63 verschiedenen Isolaten von Kirschenblattrollvirus-Isolaten aus 17 unterschiedlichen Gehölzarten

K. Rebenstorf¹, C. Obermeier², S. von Barga¹, und C. Büttner¹

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet

Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, D-14195 Berlin,

kathrin.rebenstorf@agrar.hu-berlin.de

²Sustainable Disease Resistance Team, Horticulture Research International, Wellesbourne,

United Kingdom, CV 35 9EF

In den vergangenen vier Jahren wurden vor allem deutschlandweit aber auch in Ungarn und England Blattproben gesammelt und auf eine CLRV-Infektion mittels IC-RT-PCR überprüft. Zur Verfügung gestellte CLRV-Isolate auch aus weiteren Ländern, wurden vergleichend in die Untersuchungen mit einbezogen. Die für die IC-RT-PCR verwendeten Primer begrenzen eine ca. 420bp lange Region innerhalb des 3'-terminalen, hochkonservierten nicht-kodierenden Genombereiches des CLRV.

Es zeigte sich, dass CLRV in Deutschland weit verbreitet ist und in den unterschiedlichsten Gehölzgattungen vorkommt. Durch eine phylogenetische Analyse wurden 280bp lange Sequenzen der verschiedenen Isolate, die innerhalb der 420bp langen DNA-Amplifikate liegen, miteinander verglichen. Insgesamt 63 CLRV-Isolate aus 17 verschiedenen Pflanzenarten lassen sich in sechs verschiedene Gruppen unterteilen, die grösstenteils mit den natürlichen Wirtspflanzen korrelieren aus denen sie isoliert wurden und sich folgendermaßen nach den am häufigsten darin vertretenen Wirtspflanzen einteilen lassen: 1. Holunder, 2. Walnuss, 3. Rhabarber, 4. Birke, 5. Hartriegel, 6. Ulme. Die Sequenzunterschiede der CLRV-Isolate zwischen den Gruppen liegen zwischen 84% und 93% und die Unterschiede innerhalb einer Gruppe zwischen 93% und 100%.

Die Untersuchungen haben gezeigt, dass in Deutschland und weltweit eine große Bandbreite verschiedener CLRV-Stämme oder Varianten auftritt, die zwar nicht ausschließlich, aber doch vorwiegend holzige Pflanzen als natürliche Wirte besitzen. Verschiedene Stämme bzw. Varianten des CLRV lassen sich aufgrund des mit Hilfe der IC-RT-PCR amplifizierten Sequenzfragmentes und anschließender phylogenetischer Analyse eindeutig unterscheiden.

Wir danken Herrn Dr. J. Hamacher vom Institut für Pflanzenkrankheiten der Universität Bonn, Herrn Dr. A.T. Jones vom Scottish Crop Research Institute in Dundee (Schottland), Herrn Dr. T. Candresse vom Institut de Biologie Végétale Moleculaire in Bordeaux (Frankreich) und dem Pflanzenschutzamt in Velence (Ungarn) für die Bereitstellung von Isolaten.