

Differenzierung von *Cherry leaf roll virus* (CLRV) mittels molekularer Methoden

S. von Bargaen¹, J. Buchhop¹, K. Rebenstorf¹, J. Gentkow¹, T. Chandresse² und C. Büttner¹

¹ Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,

Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55 /57, 14195 Berlin

² UMR GD2P, INRA et Université Bordeaux 2, IBVM, BP81, Villenave d'Ornon, Frankreich

phytomedizin@agrar.hu-berlin.de

Das Kirschblattrollvirus (*Cherry leaf roll virus*, CLRV) ist ein weltweit verbreiteter Erreger der neben Obst- und Zierpflanzen, auch Gemüsepflanzen infiziert. CLRV besitzt innerhalb der Pflanzenviren die seltene Fähigkeit eine Vielzahl von Gehölzen unterschiedlichster Gattungen zu infizieren und wurde bislang in 17 verschiedenen Gattungen von Laubbäumen und Sträuchern nachgewiesen. Es besitzt isometrische Partikel mit einem bipartiten, einzelsträngigen, positiv orientiertem RNA-Genom. Aufgrund der langen nicht kodierenden Region am 3'Ende (3'NCR) der viralen RNAs wird CLRV der Subgruppe C des Genus *Nepovirus* zugeordnet. Untersuchungen haben gezeigt, dass sich die CLRV-Isolate aus unterschiedlichen Wirtspflanzen bezüglich ihrer RNA-Sequenzen unterscheiden. So teilt eine phylogenetische Analyse einer 280 bp langen Teilsequenz innerhalb des konservierten Genomabschnitts am 3'Ende CLRV-Isolate aus verschiedenen Gehölzgattungen in sieben verschiedene Gruppen ein. Die genetische Struktur dieses Pollen- und Samen-übertragbaren Virus ist dabei vorwiegend, jedoch nicht ausschließlich, durch die natürliche Wirtspflanzenart determiniert [1].

Die Sequenzierung Hüllprotein-kodierender Bereiche verschiedener CLRV-Isolate aus unterschiedlichen phylogenetischen Gruppen, die auf nicht kodierenden Bereichen der 3'NCR beruhen, unterstützt die Wirtspflanzen-basierte Einteilung der Virus-Isolate. Erwartungsgemäß korrelierte die genetische Diversität der Hüllprotein-Sequenzen mit der serologischen Klassifizierung, die durch ELISA mit zwei polyklonalen und sieben monoklonalen Antiseren vorgenommen werden konnte. Weiterhin ließen sich CLRV-Isolate in Gehölzen nachweisen und mit Hilfe geeigneter Restriktionsenzyme (IC-RT-PCR-RFLP) den drei phylogenetischen Hauptgruppen zuordnen bzw. diese voneinander differenzieren. Somit konnte ein Verfahren entwickelt werden, um CLRV-Isolate unterschiedlicher Herkunft direkt aus natürlichen Wirtspflanzen genetisch zu differenzieren.

[1] REBENSTORF, K., CANDRESSE, T., DULUCQ, M.J., BÜTTNER, C., OBERMEIER, C. (2006): Host Species-Dependent Population Structure of a Pollen-Borne Plant Virus, Cherry leaf roll virus. *Journal of Virology*, In print, März 2006