

Analyse kodierender und nicht kodierender Sequenzbereiche des bipartiten Genoms des *Cherry leaf roll virus* (CLRV)

J. Langer, S. von Bargaen, J. Gentkow, A. Rumbou und C. Büttner
Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,
Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin
phytomedizin@agrار.hu-berlin.de

Das *Cherry leaf roll nepovirus* (CLRV), ein Vertreter der Familie *Comoviridae*, ist ein weltweit verbreiteter Erreger an Laub- und Obstgehölzen, Zier- und Gemüsepflanzen. Der ausgesprochen weite Wirtspflanzenkreis des CLRV weist auf eine schnelle Anpassungsfähigkeit an verschiedene Wirtspflanzen und damit auf eine genetische Diversität zwischen CLRV-Isolaten verschiedener Herkünfte hin. Die Analyse einer 375 bp langen Sequenz der 3'-non coding region (3'NCR) von 56 CLRV-Proben aus 19 Wirtspflanzenarten ergab eine Einteilung in sechs phylogenetische Gruppen, die mit der serologischen Gruppierung von 24 Isolaten zum großen Teil übereinstimmen und den Einfluss der Wirtspflanzenart auf die genetische Struktur von CLRV-Populationen nahe legen. Auf dieser Grundlage wird sukzessiv das Genom ausgewählter CLRV-Isolate sequenziert und die genetische Variabilität der einzelnen kodierenden und nicht kodierenden Genomregionen untersucht.

Der Hüllprotein-kodierende Genombereich der RNA2 konnte für 12 CLRV-Isolate sequenziert werden und weist eine Länge von 1539-1542 nt auf (512 bzw. 513 aa). Der Sequenzvergleich ergab auf Nukleotidebene Unterschiede zwischen 1-25 %, auf Aminosäureebene zwischen 1-15 %. In einem 523 Nukleotide umfassenden Teilbereich der RdRP-kodierenden Sequenz der RNA1 von fünf CLRV-Isolaten wurden Sequenzdiversitäten zwischen 3-23 % ermittelt. Aus dem Vergleich der gesamten 3'NCR (1557-1602 nt) von sechs CLRV-Isolaten wurden Unterschiede zwischen 4-23 % errechnet. Im Gegensatz zur Hüllproteinsequenz weist die 3'NCR des CLRV einen konservierten Sequenzabschnitt mit max. 17 % Sequenzdiversität im 3'proximalen Drittel und einen variablen Bereich mit bis 25 % im mittleren Teil bzw. bis 33 % im - dem kodierenden Genombereich angrenzenden - ersten Drittel der 3'NCR. Die phylogenetische Analyse der bisher untersuchten Genomabschnitte bestätigt grundsätzlich die Gruppierung nach der Wirtspflanzenart. Eine Ausnahme bildete ein Himbeer-Isolat, welches sich nach Analyse der Hüllproteinsequenz sowie der serologischen Reaktivität in eine andere phylogenetische Gruppe einordnete als auf der Basis des 375 bp langen Fragments der 3'NCR. Somit könnte es sich hierbei um eine natürliche Rekombinante handeln.