

## **Genetische Variabilität von *Cherry leaf roll virus* (CLRV)-Isolaten aus unterschiedlichen Wirtspflanzen**

J. Langer, S. von Bargaen, J. Gentkow, A. Rumbou, C. Büttner  
Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,  
Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin  
[phytomedizin@agrار.hu-berlin.de](mailto: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 breite 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. Phylogenetisch verschiedene CLRV-Isolate aus unterschiedlichen Wirtspflanzen wurden zur vollständigen Sequenzierung des Genoms ausgewählt. Die genetische Variabilität bislang ermittelter Teilsequenzen der viralen RNA1 bzw. RNA2, die sowohl kodierende als auch nicht kodierende Genomregionen umfassen, wurde untersucht.

Der Hüllprotein-kodierende Genombereich der RNA2 konnte für 12 CLRV-Isolate sequenziert werden und weist eine Länge von 1539-1542 nt auf, was einer Polypeptidkette der Hüllproteine von 512 bzw. 513 aa entspricht. 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 hochkonservierten Sequenzabschnitt mit max. 17 % Sequenzdiversität im 3'proximalen Drittel und einen variablen Bereich mit bis 25 % Diversität im mittleren Teil bzw. bis 33 % im - dem kodierenden Genombereich angrenzenden- ersten Drittel der 3'NCR. Die phylogenetische Analyse der bisher untersuchten Genomabschnitte von insgesamt 12 unterschiedlichen CLRV-Isolaten 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.