

Genomorganisation der RNA1 des Cherry leaf roll virus (CLRV)

Genome organisation of the RNA1 of the Cherry leaf roll virus (CLRV)

SUSANNE VON BARGEN, JULIANE LANGER, ARTEMIS RUMBOU, JANA GENTKOW, CARMEN BÜTTNER

Einleitung

Bisher ist die Genomorganisation des *Cherry leaf roll virus*, welches viele Obst- und Laubgehölze infiziert, bis auf wenige Sequenzinformationen der 3' proximalen Bereiche der RNA1 und RNA2 nicht bekannt. Borja et al. (1995) ermittelten RNA1 kodierende Regionen für ein Isolat aus *Juglans regia*. Maliogka et al. (2004) konnten ebenso Teile der viralen Replikase eines Isolates aus *Fraxinus excelsior* sequenzieren, während von der RNA2 Hüllproteinsequenzen von verschiedenen CLRV-Isolaten aus *Juglans regia* (Zhou et al., 1998) bzw. *Betula* sp. (Scott et al., 1992) vorliegen. Zudem sind von diesen Virusisolaten sowie einem Isolat aus Rhabarber die 3' nicht-kodierenden Regionen der RNA1 veröffentlicht.

Material und Methoden

Die RNA1 des bipartiten Genoms eines CLRV-Isolates aus Rhabarber (*Rheum rhabarbarum*, E395) wurde mittels verschiedener cDNA-Synthese- und RACE-PCR-Verfahren aus Virusreinigungen vollständig sequenziert. Die genetische Organisation der RNA1 wurde mit dem kodierenden Sequenzbereich eines CLRV-Isolates aus Walnuss (*Juglans regia*, E326) sowie anderer Nepoviren verglichen.

Ergebnisse und Diskussion

Die Genomorganisation der RNA1 des CLRV entspricht der von anderen Nepoviren der Subgruppe C. Das Polyprotein1 des Rhabarberisolates (PP1, ORF_{12-6350 nt}; 2112 Aminosäuren) enthält N-terminal einen Protease-Cofaktor (PCo), gefolgt von einer NTB-bindenden Protein-Domäne (NTB) dem genomgekoppelten viralen Protein (VPg) sowie eine Protease (Pro) und die virale Replikase (RdRp). Die Funktion der putativen Proteine konnte anhand charakteristischer Aminosäure-Sequenzmotive identifiziert werden. Für das virale VPg von CLRV, welches höchste Ähnlichkeiten zum ToRSV-VPg kodierenden Bereich aufweist, wurden mit Hilfe der Computerprogramme NetPicoRNA V1.0 bzw. NetCorona V1.0 Protease-Schnittstellen an ähnlicher Position vorhergesagt (Q₁₁₂₁/S₁₁₂₂ und Q₁₁₅₀/S₁₁₅₁), wie sie für das *Tomato ringspot virus* (ToRSV) determiniert wurden.

Zusammenfassung

Die Genomorganisation des *Cherry leaf roll virus*, welches viele Obst- und Laubgehölze infiziert, ist bis auf wenige Sequenzinformationen der 3' proximalen Bereiche der RNA1 und RNA2 nicht bekannt. Die RNA1 des bipartiten Genoms von ausgewählten CLRV-Isolaten unterschiedlicher Herkunft (E395 aus *Rheum rhabarbarum*, E326 aus *Juglans regia*) wurde sequenziert und mit der genetischen Organisation anderer Nepoviren verglichen. Die Genomorganisation der RNA1 des CLRV entspricht der von anderen Nepoviren der Subgruppe C.

Summary

The complete organisation of the *Cherry leaf roll virus* genome, a virus which affects many fruit trees and other woody hosts, has not been determined to date. Sequences of the RNA1 of two CLRV isolates from different host plants (CLRV-E395 originating from *Rheum rhabarbarum* and CLRV-

E326 from *Juglans regia*) were obtained and compared with other established nepoviruses. The genome organisation of the RNA1 of CLRV strains E395 from rhubarb and E326 from the woody host walnut corresponds with other subgroup c nepoviruses.

Literatur

BORJA, M., SANCHEZ, F., ROWHANI, A., BRUENING, G., PONZ, F. (1995). Long, nearly identical untranslated sequences at the 3' terminal regions of the genomic RNAs of Cherry leafroll virus (walnut strain). *Virus Genes* 10, 245-252.

MALIOGKA, V., DOVAS, C I., EFTHIMIOU, K., KATIS N.I. (2004). Detection and differentiation of Comoviridae species using a semi-nested RT-PCR and a phylogenetic analysis based on the polymerase protein. *Journal of Phytopathology* 152, 404-409.

SCOTT, N.W., COOPER, J.I., LIU, Y.Y, HELLEN C.U.T. (1992). A 1.5 kb sequence homology in 3'-terminal regions of RNA-1 and RNA-2 of a birch isolate of cherry leaf roll nepovirus is also present, in part, in a rhubarb isolate. *Journal of General Virology* 73, 481-485.

ZHOU, Y, CIVEROLO, E.L., MELVIN, J.A. (1998). Comparative nucleotide sequences of the coat protein-encoding region of the genomes of Cherry leafroll virus strains infecting walnut. *Acta Horticulturae* 472, 321-329.

Autoren

Dr. Susanne VON BARGEN, Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, E-mail: susanne.von.bargen@agrar.hu-berlin.de

Dipl. Ing. Agr. Juliane LANGER, Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Dr. Artemis RUMBOU, Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

Dipl. Biol. Jana GENTKOW, Leibniz Institut für Pflanzenbiochemie, Weinberg 3, 06120 Halle

Prof. Dr. Carmen BÜTTNER, Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin