

Auftreten und Bedeutung des *Cherry leaf roll virus* in Laubbäumen am Beispiel von Steinfrüchten

J. Langer, S. von Bargaen, M. Bandte, J. Hamacher, C. Büttner
Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät,
Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften,
Fachgebiet Phytomedizin; Königin-Luise-Str. 19, D-14195 Berlin
phytomedizin@agrar.hu-berlin.de



Agro-Horti-Testlabor

Einleitung

Das natürliche Auftreten des *Cherry leaf roll virus* (Kirschenblattrollvirus, CLRV) ist weltweit in einer Vielzahl von Forst-, Obst- und Ziergehölzen im gemäßigten Klimabereich bekannt. In bisher 17 Gattungen, darunter beispielsweise *Betula* spp. (Abb. 1), *Sambucus nigra*, *Juglans regia* (Abb. 2) und *Prunus avium* (Abb. 3), wurde das Virus nachgewiesen und zahlreiche Isolate phylogenetisch eingeordnet.

Daten zum weltweiten Auftreten des CLRV geben uns einen Einblick in den weiten Wirtskreis und verdeutlichen den wirtschaftlichen Stellenwert. Studien zur Epidemiologie und den molekularen Eigenschaften des Virus und verschiedener Isolate aus unterschiedlichen Gehölzen und Herkunftstragen zur Aufklärung der Übertragungsmechanismen durch Pollen und Samen, durch Wasser und durch potentielle Vektoren bei.



Abb.1: *Betula pendula*; Habitus, Blatt- und Stammsymptome



Abb. 2: *Juglans regia*; Habitus, Blatt- und Stammsymptome



Abb.3: *Prunus avium*; Habitus, Blattsymptome

Bedeutung von Varianten des *Cherry leaf roll virus*

Der bislang einzigartig große Wirtspflanzenkreis innerhalb der Gehölze weist auf eine schnelle Anpassungsfähigkeit des CLRV an verschiedene Wirtspflanzen hin.

Spezifische genetische Wirtsadaptionen haben sich offenbar beispielsweise bei CLRV-Isolaten, die aus Walnuss stammen, vollzogen, da alle bisher analysierten Walnuss-Isolate verschiedener geographischer Herkunft eine homogene phylogenetische Gruppe bilden. Diese beruht im untersuchten Genombereich im Wesentlichen auf einer charakteristischen Sequenzdeletion von acht Nukleotiden im Vergleich zu CLRV-Isolaten aus anderen Wirtspflanzen (Abb. 4). Dieses deutet auf eine spezifische Selektion bestimmter CLRV-Sequenzvarianten in Walnuss hin, was auch durch molekulare Befunde aus eigenen CLRV-Übertragungsversuchen bestätigt wird. Nach mechanischer Inokulation von Gehölzsämlingen aus fünf Gattungen mit CLRV-Isolaten aus verschiedenen Wirtspflanzen wurden in infizierten Walnüssen CLRV-Varianten nachgewiesen, die sich eindeutig von denen aus Birke, Eberesche, Holunder und Kirsche unterscheiden ließen. Zwei der sechs Walnuss-Varianten wiesen dabei auch die charakteristische Sequenzdeletion auf (Abb. 4; Walnuss-1c29/3c27).

Verbreitung des *Cherry leaf roll virus* bei Steinfrüchten

Das CLRV ist eine bedeutende Virose an Walnuss. Die „Walnut Blackline“ tritt nur bei Pfropfkombinationen aus Englischer Walnuss (*Juglans regia*) und nicht-*regia*-Unterlagen auf und ist gekennzeichnet durch eine Gewebekrotisierung der Pfropfstelle (Abb. 2) infolge einer Überempfindlichkeitsreaktion von CLRV-resistenten Unterlagen, wenn das Edelreis CLRV-infiziert ist. Wirtschaftlich bedeutend ist das CLRV in Walnuss-plantagen in den USA, Frankreich und Osteuropa.

Von einem zunehmenden Auftreten des CLRV in Kirschplantagen im Nordwesten der USA wird berichtet, dass vor allem bei Mischinfektionen mit *Prunus necrotic ringspot virus* (PNRSV) oder *Prune dwarf virus* (PDV) zu großen Ertragseinbußen führt. Mischinfektionen mit CLRV in Kirsch-anlagen treten auch in Ungarn, Rumänien und der Türkei auf.

In Olivenanbaugebieten werden im Rahmen von Zertifizierungsprogrammen für Pflanz- und Vermehrungsmaterial detaillierte Virus-Überwachungsprogramme durchgesetzt, denen zufolge sich das CLRV innerhalb der letzten Jahre in der Türkei, in Italien, Spanien, Portugal, Syrien und im Libanon in Olivenplantagen etabliert hat. Krankheitssymptome an der Olive (*Olea europaea*) sind bislang nicht direkt mit CLRV-Infektionen assoziiert worden. Allerdings tritt das CLRV überwiegend in Mischinfektionen auf, die allgemein mit dem „leaf-yellowing“-Symptomkomplex im Zusammenhang stehen.

In zahlreichen Himbeer-Kulturen Neuseelands führte das CLRV, insbesondere in den 1970iger Jahren, zu großen Ertragseinbußen. Seit den 1980iger Jahren besitzt daher das CLRV den Quarantänestatus in allen *Rubus* spp. bei der Einfuhr von Pflanzenmaterial.

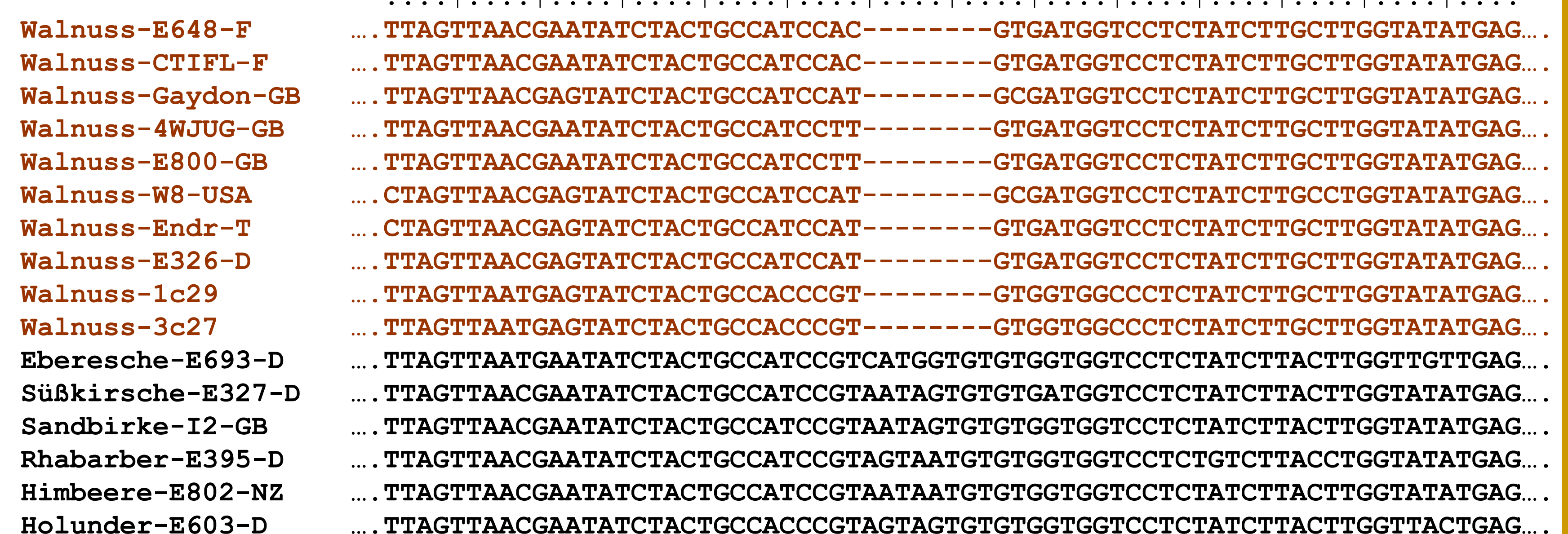
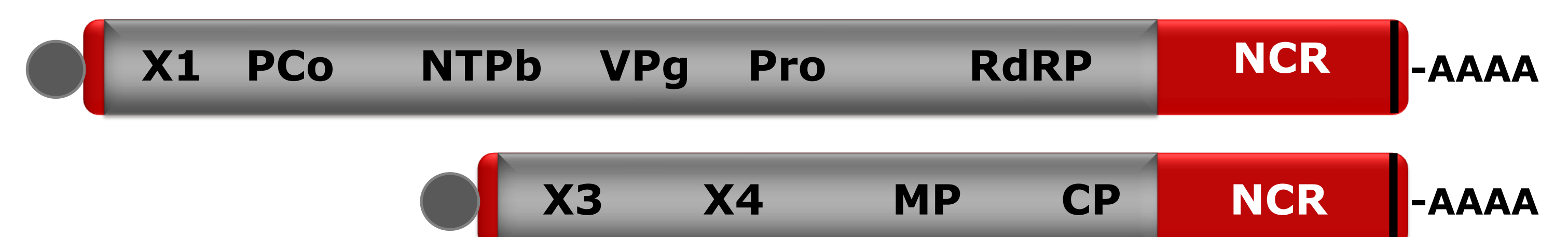


Abb. 4a: Genomorganisation des CLRV

Abb. 4b: Nukleotidsequenzvergleich im 3' nicht kodierenden Genombereich (3' NCR) von CLRV-Walnuss-Isolaten und CLRV-Isolaten aus anderen Wirtspflanzen.

Danksagung

Dieses Projekt wird finanziell durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (Bu 890/12-1) unterstützt.

Dankenswerterweise dürfen wir unsere Arbeiten - seit Beginn der Großbaumaßnahmen in unserem Gebäude - am Julius Kühn-Institut in Dahlem durchführen und haben dort unseren vorübergehenden Sitz in der Königin-Luise-Str. 19, 14195 Berlin