

Nachweis des *European mountain ash ringspot-associated virus* in *Sorbus aria* und *Sorbus intermedia*

JENNY ROBEL¹, THERESA BÜTTNER¹, HANS-PETER MÜHLBACH²,
SUSANNE VON BARGEN¹ und CARMEN BÜTTNER¹

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57,
14195 Berlin

² Universität Hamburg, Biozentrum Klein Flottbek, Ohnhorststr. 18, 22609
Hamburg

Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) ist vor allem in Nord- und Mitteleuropa in Ebereschen (*Sorbus aucuparia*) weit verbreitet und führt an Blättern zu Symptomen wie chlorotischen Ringflecken und Scheckungen (Büttner *et al.*, 2013) sowie zur Degeneration der Pflanze.

Bisher war ausschließlich *S. aucuparia* als Wirtspflanze von EMARaV bekannt. Mit den vorliegenden Untersuchungen konnte erstmals dieses Virus in Mehlbeere (*Sorbus aria*) und der Schwedischen Mehlbeere (*Sorbus intermedia*) nachgewiesen werden. Beide Arten besitzen einen hohen Zierwert für öffentliches Grün und werden aufgrund ihrer Robustheit häufig als Straßen- und Alleebäume gepflanzt. Bisher sind keine Infektionen dieser Spezies durch Pflanzenviren beschrieben. Durch die enge Verwandtschaft der Mehlbeere zur Eberesche liegt eine Infektion mit EMARaV nahe.

In 2012 wurden Blätter einer Schwedischen Mehlbeere mit chlorotischen Ringflecken sowie eine Mehlbeere mit chlorotischen Linienmustern aus Västerås (Schweden) untersucht. Gesamt-RNA symptomtragender Blätter von *S. aria* und *S. intermedia* wurde nach Mielke und Muehlbach (2007) isoliert. Mittels RT-PCR wurden Fragmente von allen vier viralen RNAs amplifiziert und im Anschluss sequenziert. Die Amplifikation von Fragmenten der RNA1-RNA3 erfolgte analog zu Mielke *et al.* (2008). Die P4-kodierende Region der RNA4 wurde mit P4-spezifischen Oligonukleotiden vervielfältigt. Es konnten alle vier viralen RNAs von EMARaV in *S. aria* und *S. intermedia* nachgewiesen werden. Der nBLAST des 159 bp Fragments aus der 3' nicht-translatierten Region (3' UTR) der RNA3 führte zu hohen Identitäten (98 %) der EMARaV-Variante aus *S. aria* zu EMARaV-Varianten aus Schweden, Tschechien und Finnland. Auch der Vergleich des 3' UTR Fragmentes aus *S. intermedia* mit 99 % Identität zu EMARaV-Varianten aus Schweden, Finnland und Deutschland bestätigte das Vorkommen von EMARaV in weiteren *Sorbus*-Spezies.

References

Mielke N, Muehlbach H-P. 2007. Journal of General Virology **88**: 1337-1346.

Mielke N, Weber M, Khan S, Mühlbach H-P. 2008. Forest Pathology **38**: 371-380.

Büttner C, von Barga S, Bandte M, Mühlbach H-P. 2013. Forest diseases caused by viruses. In: Gonthier P, Nicolotti G. (eds) Infectious forest diseases: CABI, Oxfordshire. in press.