

**ARBEITSGEMEINSCHAFT FÜR LEBENSMITTEL-
VETERINÄR- UND AGRARWESEN**



„Angewandte Forschung – gibt es neue Wege?“



Tagungsbericht 2014

BERICHT

ALVA – Jahrestagung 2014

„Angewandte Forschung – gibt es neue Wege?“

19. - 20. Mai 2014

Tagungsort

LFZ Franzisco Josephinum,

Schloß Weinzierl 1

3250 Wieselburg-Land

Tel: +43 7416 52437 0

Fax: +43 7416 52437-49

www.josephinum.at

Impressum

Herausgeber

Arbeitsgemeinschaft für Lebensmittel-, Veterinär- und Agrarwesen

Präsident

Univ.-Doz. Dr. Gerhard Bedlan

Für den Inhalt verantwortlich

Die Autoren

Zusammengestellt von

Mag. Astrid Plenk

Druck

RepaCopy Wien DC, Triesterstraße 122, 1230 Wien

© 2014 Arbeitsgemeinschaft für Lebensmittel-, Veterinär- und Agrarwesen

ISSN 1606-612X

Nachweis verschiedener Genomregionen des *Cherry leaf roll virus* (CLRV) in gepfropften Moorbirken finnischer Herkunft mittels (semi-) nested RT-PCR

Detection of different genomic regions of Cherry leaf roll virus (CLRV) in grafted downy birch from Finnish accessions by (semi-) nested RT-PCR

Rana Demiral^{1*}, Artemis Rumbou¹, Risto Jalkanen²,
Susanne von Barga¹ und Carmen Büttner¹

Zusammenfassung

Seit 2002 werden in Finnland insbesondere an den Birkenarten Moor- (*B. pubescens*) und Hängebirke (*B. pendula*) zunehmend Symptome wie Blattrollen, Chlorosen und Nekrosen, die mit Degenerations- und Absterbeerscheinungen der Bäume einhergehen, beobachtet (BÜTTNER *et al.*, 2011). Symptome dieser Art sind für das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) charakteristisch (JALKANEN *et al.* 2007). CLRV ist ein *Nepovirus* der Subgruppe C (Familie *Secoviridae*) und besteht aus einem bipartitem, einzelsträngigen, positiv orientierten RNA-Genom. Bisherige Studien haben gezeigt, dass es schwierig bzw. nicht immer möglich ist, CLRV in Birken insbesondere finnischer Abstammung nach zu weisen (BREUHAWN, 2013). Aufgrund dieser Problematik wurden (semi-) nested RT-PCR Verfahren entwickelt, um drei verschiedene Bereiche des CLRV Genoms zu amplifizieren. Zur Testung wurden 19 Moorbirken eingesetzt, die 2011 mit Reiserln CLRV-infizierter *B. pubescens* aus Rovaniemi (Finnland) gepfropft wurden. In dieser Studie konnte mithilfe der verschiedenen (semi-) nested RT-PCR Verfahren gezeigt werden, dass 18 Bäume, CLRV-infiziert waren. Mindestens eine der drei Genom-Regionen des CLRV (RdRp, CP, 3' UTR) konnte in der Mehrzahl der Bäume detektiert werden. Die Ergebnisse belegten zudem, dass die nested bzw. semi-nested RT-PCR gegenüber einer einstufigen RT-PCR zur CLRV Detektion eine größere Empfindlichkeit aufwies. Die CLRV-Infektion der Bäume konnte durch Klonierung und Sequenzierung der amplifizierten Bereiche des Virusgenoms bestätigt werden. Ein Sequenzvergleich mit bisher charakterisierten CLRV-Isolaten der Datenbank des NCBI zeigte, dass die CLRV-Varianten in den gepfropften Moorbirken überwiegend der phylogenetischen Gruppe A (REBENSTORF *et al.* 2006) zuzuordnen waren.

Abstract

An increasing birch decline in Finland is observed since 2002. Especially the birch species downy birch (*B. pubescens*) and silver birch (*B. pendula*) are affected. Trees suffer from loss of vigor, and leaves indicate vein banding, leaf roll, chloroses and necroses (BÜTTNER *et al.*, 2011). These symptoms are typically induced in birch by *Cherry leaf roll virus* (CLRV) (JALKANEN *et al.* 2007). CLRV belongs to the subgroup c of the genus *Nepovirus* (family *Secoviridae*) and consists of a bipartite, single stranded, positive RNA-genome. Previous studies have shown a difficulty to detect CLRV in birches especially of Finnish accessions (BREUHAWN, 2013). Due to the limitations of the established methods (semi-) nested RT-PCRs method was developed targeting three different genome regions of the virus. Nineteen downy birches were used for validation of the method. Trees were grafted in 2011 with scions of CLRV-infected downy birches originating from Rovaniemi (Finland). CLRV infection of 18 grafted trees could be demonstrated applying the different (semi-) nested RT-PCRs. At least one of the three genome regions of the CLRV (RdRp, CP, 3' UTR) could be detected in the majority of trees. Results confirmed the enhanced sensitivity of the (semi-) nested RT-PCR approach in comparison with conventional RT-PCR. Cloning and sequencing of the amplified PCR-fragments confirmed infection of the trees with CLRV. Sequence comparison with characterized CLRV isolates from the NCBI database revealed that all CLRV variants but one found in grafted downy birch trees are most closely related to strains of phylogenetic group A (REBENSTORF *et al.* 2006).

Literatur

BREUHAHN M., 2013: Evaluation of and virus detection in *Betula* spp. grafted with Cherry leaf roll virus-infected scions of German and Finnish provenance. BSc-Arbeit Humboldt-Universität zu Berlin, 63 Seiten.

BÜTTNER C., VON BARGEN S., BANDTE M., MYRTA A., 2011. Cherry leaf roll virus. In: Hadidi A, Barba M., Candresse T., Jelkmann W., eds. Virus and Virus-Like Diseases of Pome and Stone Fruit. Minnesota, USA: APS Press, 119–25.

JALKANEN R., BÜTTNER C., VON BARGEN S., 2007. Cherry leaf roll virus abundant on *Betula pubescens* in Finland. *Silva Fennica* 41(4): 755-762

REBENSTORF K., CANDRESSE T., DULUCQ M.J., BÜTTNER C., OBERMEIER C., 2006: Host species dependent population structure of a pollen-borne plant virus, Cherry leaf roll virus. *Journal of Virology* 80, 2453-2462.

Adressen der Autoren

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin

²The Finnish Forest Research Institute Metla, Northern Research Unit, Eteläranta 55, FI-96300 Rovaniemi, Finland

* Ansprechpartner: Rana Demiral, phytomedizin@agrار.hu-berlin.de