

Genetische Variabilität von Alder yellows Phytoplasma Stämmen in *Alnus glutinosa* im natürlichen Habitat

Sabine Holz¹, Bojan Duduk², Jelena Mitrovic², Carmen Büttner¹, Michael Kube¹

¹ Fachgebiet Phytomedizin, Humboldt-Universität zu Berlin, Berlin, ² Institute of Pesticides and Environmental Protection, Belgrade/Serbia

Die Schwarzerle, *Alnus glutinosa*, ist häufig mit Phytoplasmen der Alder yellows Gruppe (AldYp) infiziert. In vorangegangenen Studien wurde gezeigt das 80% der infizierten Bäume keine Phytoplasma-Infektion assoziierten Symptome wie Vergilbung, Zurücksterben von Zweigen, reduzierte Belaubung oder kleine Blätter aufzeigen. Asymptomatischen Bäume zeigten im Vergleich zu den symptomatischen Bäumen zudem eine höhere Phytoplasmenkolonisierung auf.

Im Sommer 2013 wurden 58 asymptomatische Schwarzerlen aus dem Spreewald (Erlenbruchwald, Brandenburg) untersucht. Die Phytoplasmeninfektion der AldYp-Gruppe wurde durch partielle Amplifikation des *rRNA* Operons sowie folgender nested PCR und Sequenzierung ausgewählter PCR-Produkte festgestellt. Phytoplasmen, die der AldYp-Gruppe angehören, wurden in allen untersuchten Proben nachgewiesen. Die Zuordnung zur taxonomischen Gruppe 16SrV-C erfolgte mittels RFLP unter Verwendung der Restriktionsendonuklease *TaqI*, wobei 57 von 58 Proben das identische Muster zeigten und der Gruppe zugeordnet werden konnten. Ein RFLP-Muster zeigte eine Mischinfektion auf. Eine weitere Untersuchung des Markergens, *map* (Methionin-Aminopeptidase), zeigte eine geringere Variabilität der AldYp-Stämme innerhalb des Spreewaldes auf sowie Mischinfektionen mit nahe verwandten Stämmen. In einer phylogenetischen Analyse konnten die AldYp-Stämme einer genetischen Gruppe zugeordnet werden. Die phylogenetische Analyse zeigte eine nahe Verwandtschaft mit Stämmen des German Palatinate grapevine yellows sowie AldYp-Stämmen aus Frankreich auf.

In dieser Studie konnte zum ersten Mal gezeigt werden, dass die Phytoplasmeninfektion der Schwarzerle nicht nur sehr häufig auftritt, sondern in einem Habitat 100% erreichen kann. Unsere Daten weisen zumindest auf einen balancierten Parasitismus hin.