

4 4 7

Julius-Kühn-Archiv

59. Deutsche Pflanzenschutztagung

23. - 26. September 2014
Albert-Ludwigs-Universität Freiburg

- Kurzfassungen der Beiträge -



Chlorosen, Blattrollen und Nekrosen in Fennoskandinavien beobachtet, welche mit dem *Cherry leaf roll virus* (CLRV) assoziiert werden konnten (Jalkanen et al., 2007). In Schweden konnte *Arabis mosaic virus* (ArMV) an Holunder nachgewiesen werden. ArMV wurde bereits in deutschen Birken des Straßenbegleitgrüns bestätigt, in Finnland war ArMV an Birken bisher nicht nachzuweisen (Bandte et al., 2009).

ArMV gehört zu Gattung der Nepoviren und hat ein bipartites Genom; es besteht aus zwei positiv orientierten, einzelsträngigen RNAs. Der Wirtskreis umfasst eine Vielzahl krautiger und holziger Pflanzen, darunter Birke, Schwarzer Holunder und Esche (Büttner et al., 2013). Übertragen wird das Virus mechanisch, vegetativ, über Samen und vektorieell durch Nematoden der Gattung *Xiphinema*. Nach ersten Ergebnissen einer dsRNA-Isolation war nicht auszuschließen, dass ArMV auch in finnischen Birken in Form einer Mischinfektion mit CLRV vorkommt. Aufgrund des ökologischen und ökonomischen Wertes von Birken in Finnland vor dem Hintergrund der epidemieartigen Verbreitung von Virus-verdächtigen Symptomen an ihnen seit 2002, gilt es die Symptome einem oder mehreren Viren eindeutig zuzuordnen.

Es wurden 10 Birken (9 *Betula pubescens*, 1 *Betula pendula*) des Straßenbegleitgrüns in zwei aufeinanderfolgenden Jahren (August 2012 und 2013) ausgewählt. Zum einen wurde eine Reverse Transkription Polymerase Kettenreaktion (RT-PCR) mit ArMV-spezifischen Primern für beide RNAs (Wetzel et al., 2004 und Bertolini et al., 2001) durchgeführt. Weiterhin wurden die Proben serologisch mittels Double Antibody Sandwich Enzyme-linked Immunosorbent Assay (DAS-ELISA) getestet. Unabhängig vom gewählten Verfahren konnte in keiner der 20 untersuchten Proben eine Infektion mit ArMV bestätigt werden.

Literatur

- BANDTE, M., VON BARGEN, S., ARNDT, N., GRUBITS, E., JALKANEN, R., BÜTTNER, C.: Bedeutende Viren an Birke - Fallbeispiele aus Deutschland, Finnland und den USA. In: *Jahrbuch der Baumpflege 2009*. DUJESIEFKEN, D., Braunschweig, *Haymarket Media*, 215-221.
- BERTOLINI, E., OLMOS, A., MARTÍNEZ, M. C., GORRIS, M. T., CAMBRA, M., 2001: Single-step multiplex RT-PCR for simultaneous and colourimetric detection of six RNA viruses in olive trees. *Journal of Virological Methods* **96**, 33-41.
- BÜTTNER, C., VON BARGEN, S., BANDTE, M., MÜHLBACH, H.: Forest Diseases Caused by Viruses. In: *Infectious Forest Diseases*. Gonthier, P., Nicolotti, G., Wallingford (UK), Boston (MA), *CABI*, 50-75.
- JALKANEN, R., BÜTTNER, C., VON BARGEN, S., 2007: *Cherry leaf roll virus* abundant on *Betula pubescens* in Finland. *Silva Fennica* **41** (4), 755-762.
- WETZEL, T., BECK, A., WEGENER, U., KRZCAL, G., 2004: Complete nucleotide sequence of the RNA 1 of a grapevine isolate of *Arabis mosaic virus*. *Archives of Virology* **149**, 989-995.

147 - *Cherry leaf roll virus* in *Betula* spp. in Finland: what do we know about its population diversity?

Cherry leaf roll virus in Birken-Arten in Finnland: Was wissen wir über die Populationsdiversität?

A. Rumbou, S. von Bargaen, M. Rott, R. Jalkanen², C. Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin, Deutschland, phytomedizin@agrar.hu-berlin.de

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

Cherry leaf roll virus (CLRV) is a nepovirus, classified to subgroup C within the newly established family *Secoviridae*. CLRV has been reported worldwide revealing its wide natural host range which comprises at least 24 genera of broad-leaved trees and shrubs as well as a variety of herbaceous plants. The complete nucleotide sequence of both genomic (+)ss RNAs of a rhubarb isolate of CLRV was recently determined (von BARGEN et al., 2009). Characterization of diverse CLRV isolates from birch (*Betula* spp.) has been of high interest as the virus is consistently detected in trees exhibiting strong symptoms (leaf discoloration and deformation as well as tree decline) in Finnish forests. Samples from 14 *Betula pubescens* trees growing in the urban parks of Rovaniemi, Finland were investigated for the presence of CLRV variants. PCR fragments from three different genetic

regions (untranslated (UTR), coat protein (CP) and RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) regions) were cloned and sequenced. In each region five to six genotypes were identified. Based on their abundance the genotypes were clustered in three groups: a. one predominant genotype that was present in the majority of the trees, b. a few genotypes common among 3-4 trees and c. rare genotypes detected only once. Concerning the within tree virus variability, a mixture of CLRV variants was found in each individual birch. This outcome is in accordance with the quasispecies evolution theory and elevated mutation rates in RNA viruses. The phylogenetic analysis showed that CLRV variants from the Finnish birches are highly variable belonging to 4 out of the 5 phylogenetic groups defined to date from a different hosts worldwide (REBENSTORF *et al.*, 2006). CLRV genetic diversity among trees was up to 16% for the UTR region - which is the diversity found universally among CLRV strains from all hosts -, and it was even higher in the CP and RdRp regions, reaching 23%. Summarizing, high genotypic and genetic diversity was found in CLRV population from *B. pubescens* from a relatively restricted area in Finland. Still, the CLRV variability is expected to be higher than identified in the analyzed samples, considering strong bottlenecks occurring during cell-to-cell movement and systemic colonization of tissues.

Literatur

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**, p. 2453–2462.
 von BARGEN S., LANGER J., ROBEL J., RUMBOU A. & BÜTTNER C., 2012. Complete nucleotide sequence of Cherry leaf roll virus (CLRV), a subgroup C nepovirus. *Virus Research* **163** (2) p. 678-83.

148 - Viruserkrankungen im Weinbau

Viroses in viticulture

Henriette Gruber, Patricia Bohnert, Christiane Rieger²

Staatliches Weinbauinstitut Freiburg

²Universität Freiburg

Im Weinbau sind Viruserkrankungen schwer zu identifizieren und momentan nicht behandelbar. Es ist daher unbekannt, wie stark verbreitet Virose tatsächlich sind.

In Europa unterliegen nur Anlagen zur Vermehrung von Rebenpflanzgut einer Kontrolle auf Viruserkrankungen. Die Daten der amtlichen Virustestung (2009-2013) wurden ausgewertet und ermöglichen einen Einblick in Häufigkeit und Verbreitung von Viren in Weinreben.

Tab. 1 Ergebnisse der amtlichen Virustestung (2009-2013)

Getestete Stöcke insgesamt	Mischproben insgesamt	Virus-positive Mischproben
62.829	8967	371

In älteren Vermehrungsanlagen dominieren die leafroll associated viruses. Aber je jünger die Anlagen, desto höher der Anteil der Nepoviren (nematode transmitted polyhedral viruses). Dazu gehört auch das *Grapevine fanleaf virus*, welches die Reisigkrankheit verursacht und in Deutschland auch durch bodenlebende biotrophe Nematoden (*Xiphinema index*) übertragen wird. Dadurch etabliert sich ein Kreislauf von Infektion und Reinfektion und die Reisigkrankheit bleibt eine permanente Bedrohung im Weinbau.