

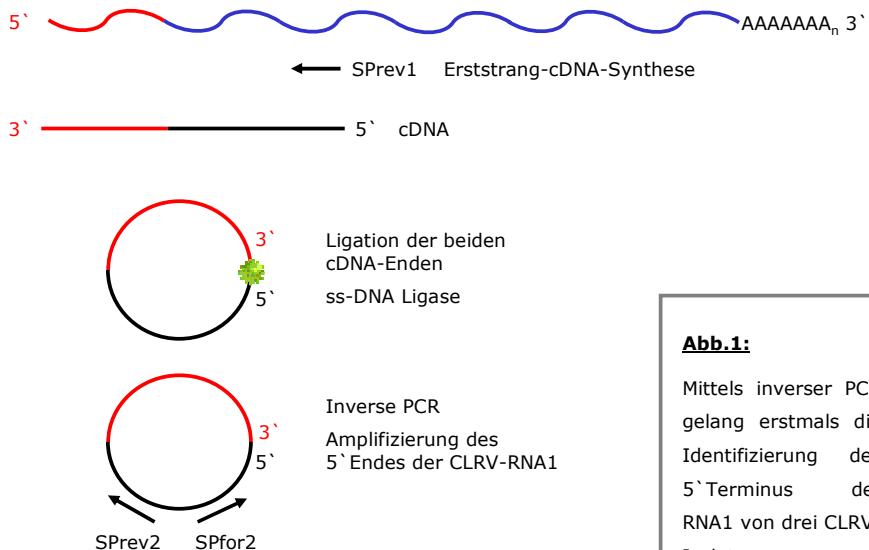
Identifizierung der RNA1-5` NCR des *Cherry leaf roll virus*

J. Langer, S. von Bargen, C. Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,
Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin
phytomedizin@agrar.hu-berlin.de



Cherry leaf roll virus (CLRV), ein Nepovirus der Familie *Comoviridae*, weist ein bipartites, einzelsträngiges und positiv orientiertes RNA-Genom auf. Beide RNAs sind polyadenyliert. Die sukzessive Sequenzierung des Genoms ausgewählter CLRV-Isolate zeigte bislang eine Genomorganisation, die grundsätzlich anderer bekannter Nepoviren entspricht. Auffällig erwies sich beim CLRV die besonders lange nicht kodierende Region (NCR) am 3`Terminus der RNAs, die für sechs CLRV-Isolate ermittelt wurde. Sie ist 1557-1602 nt lang.



5`end consensus, Nepoviren (Fuchs et al., 1989)

U (U/G) G A A A A (U/A) (U/A) (U/A)

Abb.1:

Mittels inverser PCR gelang erstmals die Identifizierung des 5`Terminus der RNA1 von drei CLRV-Isolaten aus Rhabarber (E395), Kirsche (E327) und Walnuss (E326).

Abb.2:

Die Sequenzanalyse des 250 bp langen Amplifikons determiniert eine 11 nt lange 5`NCR und den N-Terminus des Protease-Cofaktors.

Als Vertreter der Nepovirus-Subgruppe C besitzt das CLRV nicht nur die längste 3`NCR sondern auch die kürzeste 5`NCR.

