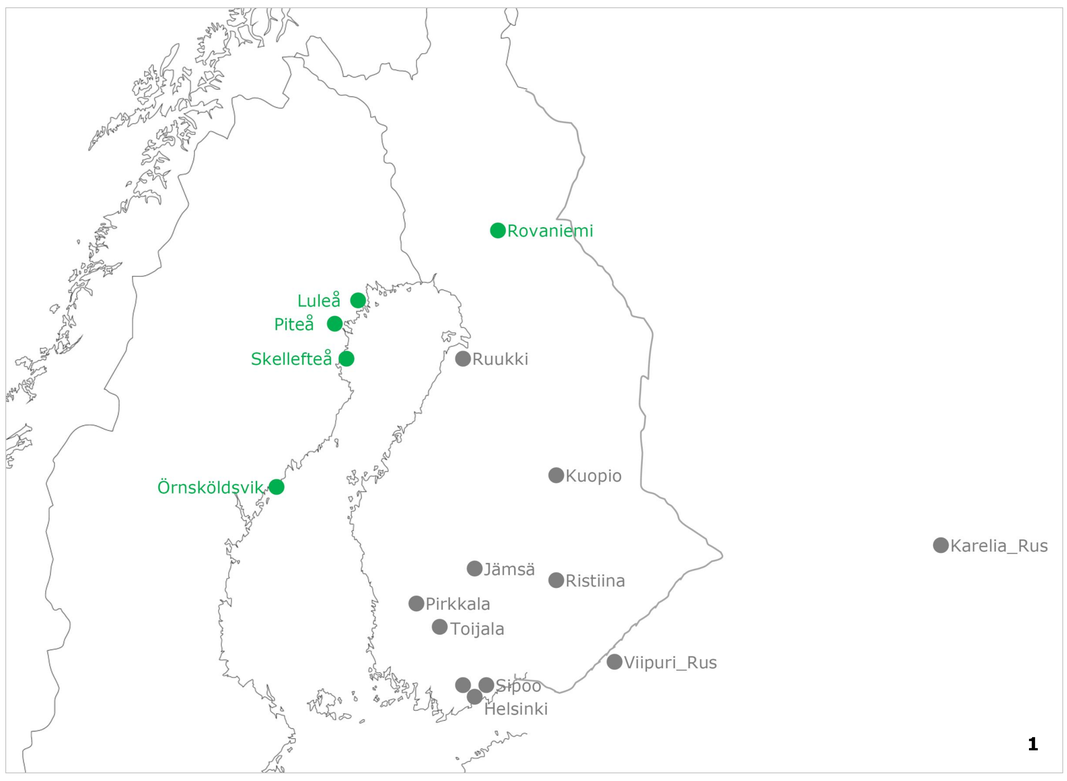
Vergleich der Nucleocapsidsequenz des *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) aus schwedischen Ebereschen mit anderen Standorten

J. Robel[1], N. Arndt[1], S. von Bargen[1], R. Jalkanen[2], C. Büttner[1]
1) Humboldt-Universität zu Berlin, Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften, FG Phytomedizin
phytomedizin@agrar.hu-berlin.de
2) The Finnish Forest Research Institute METLA, Rovaniemi, Finnland

METLA

Einleitung: Das *European mountain ash ringspot-associated virus* (EMARaV) konnte mit der Ringfleckigkeit der Eberesche (*Sorbus aucuparia*) assoziiert werden (Abb. 3). Die Nucleocapsidsequenz des EMARaV wurde bereits von verschiedenen finnischen und russischen Standorten (Abb. 1, grau) verglichen und zeigte eine hohe Konservierung (97-99%, Kallinen et al., 2009, Valkonen & Rännäli, 2010).

Material und Methoden: 2010 wurden Proben aus Schweden, Nordfinnland und Berlin (Abb. 1, grün) von symptomtragenden Ebereschen untersucht. Die Nucleocapsid-kodierende Genomregion des Virus wurde mittels RT-PCR aus isolierter Gesamt-RNA, unter Verwendung der von Kallinen et al. (2009) publizierten Primer (Abb. 2) amplifiziert. Die generierten Produkte wurden im Anschluss direkt bzw. nach Klonierung sequenziert.



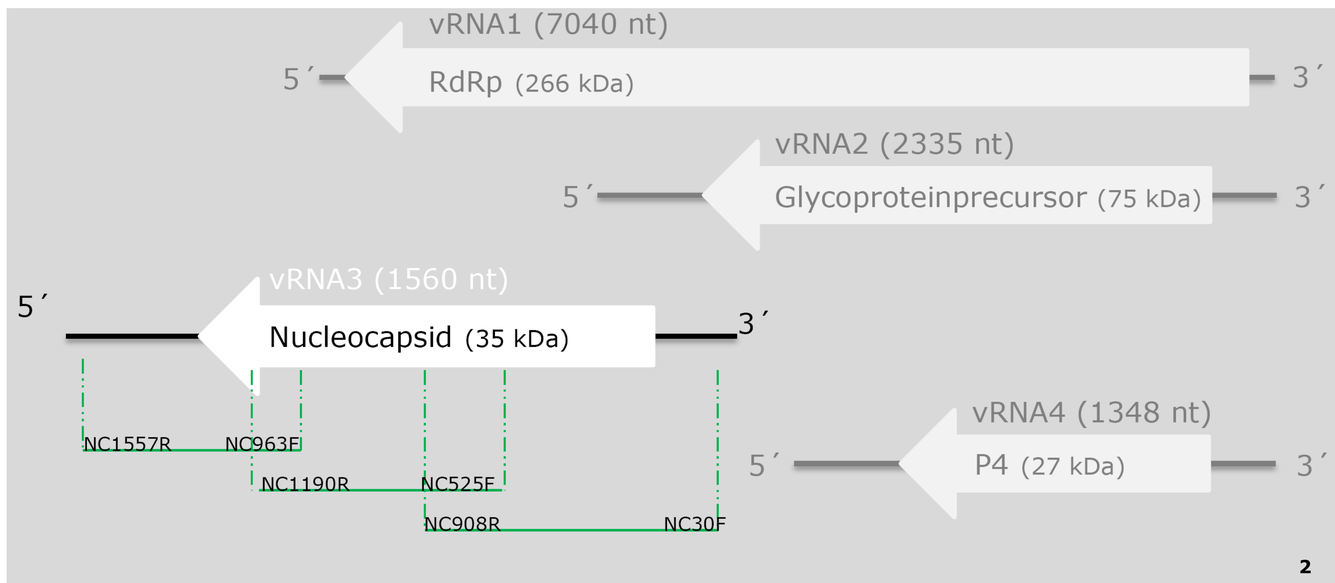


Abb. 1: **grün: Standorte EMARaV-infizierter schwedischer & nordfinnischer Ebereschen, Amplifikation und Sequenzierung der RNA3 nach Gesamt-RNA Isolation aus diesen grau: Standorte von Ebereschen mit bekannten EMARaV-Nucleocapsidsequenzen (Kallinen et al. (2009), Valkonen & Rännäli (2010)).**

Abb. 2: **Genomorganisation des EMARaV (Mielke & Mühlbach (2007) verändert) & Position der *forward* (F) & *reverse* (R) Oligonukleotide von Kallinen et al. (2009), die für die Amplifiktion der RNA3 verwendet wurden.**

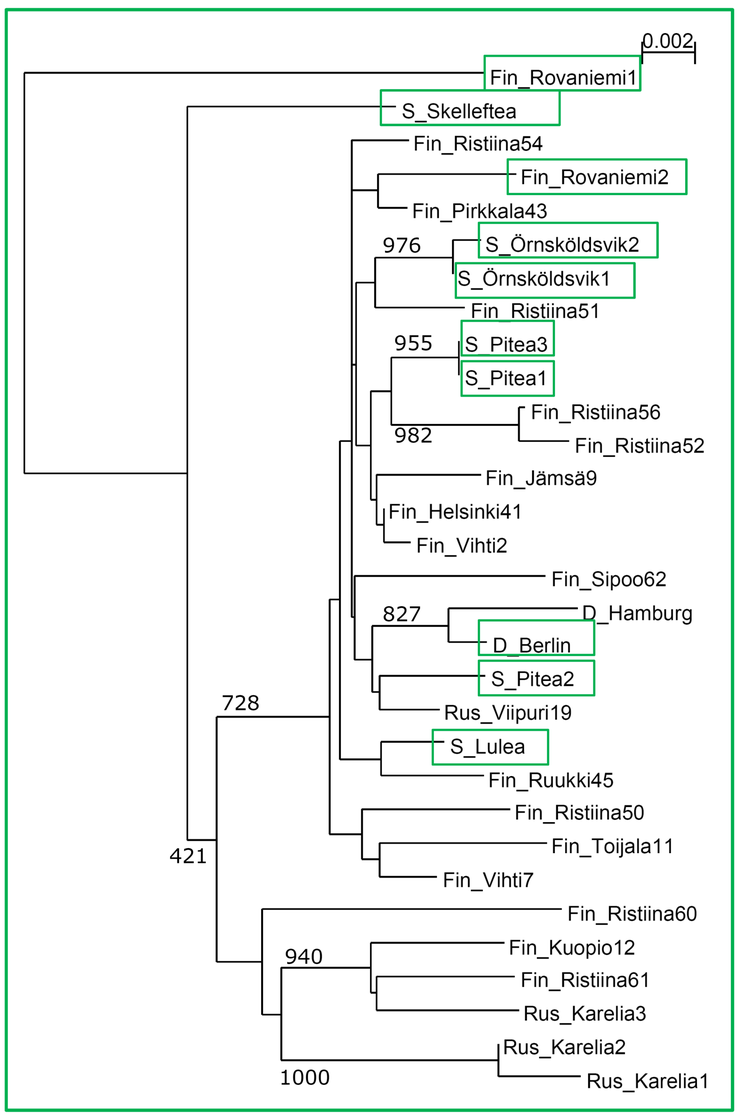


Abb. 4: **phylogenetische Analyse der 945 nt langen Nucleocapsidsequenz mittels neighbour-joining Algorithmus kalkuliert mit ClustalX 2.1, Bootstrapanalyse mit 1000 Zufallsdatensätzen**

Ergebnisse & Schlussfolgerungen:

- Hohe Konservierung des Nucleocapsid- (NC) Protein-kodierenden Bereichs (96-99 % Identität) der RNA3 des EMARAV
- Schwedische EMARaV-Varianten gruppieren mit von Kallinen et al. (2009) charakterisierten finnischen EMARaV-Isolaten
- Keine Korrelation von geographischer und genetischer Distanz
- Besonderheiten der EMARaV-Varianten aus
  - Skellefteå zeigt stille Mutationen: Nucleocapsidsequenz-Identität von 97-98 %, auf Aminosäuresequenzebene 100 % Identität zu EMARaV-Varianten anderer Standtorte (Ausnahme: Rovaniemi 1 & Karelia 1)
  - Rovaniemi 1 besitzt geringste Nucleotidsequenz-Identität (96 %): gruppiert auf Nucleotid- und Aminosäuresequenzebene außerhalb der von Valkonen und Rännäli (2010) publizierten Cluster

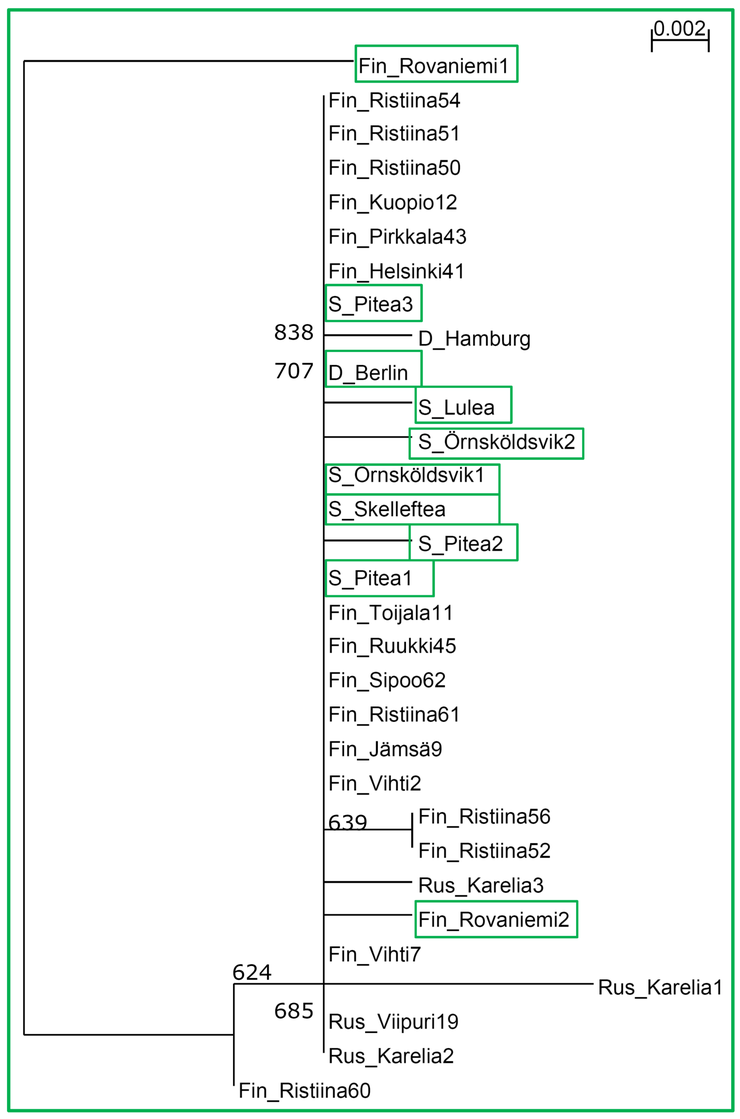


Abb. 5: **phylogenetische Analyse der Aminosäuresequenz mittels neighbour-joining Algorithmus kalkuliert mit ClustalX 2.1, Bootstrapanalyse mit 1000 Zufallsdatensätzen**

Literatur:

Kallinen, A. K., Lindberg, I. L., Tugume, A. K., Valkonen, J. P. T. (2009) Phytopathology 99: 344-352.

Mielke, N. & Mühlbach, H.-P. (2007) Journal of General Virology 88: 1337-1346.

Valkonen, J. P. T. & Rännäli, M. (2010) Plant Disease 94: 921.

Danksagung:

Dankenswerterweise dürfen wir unsere Arbeiten – seit Beginn der Großbaumaßnahmen an unserem Gebäude – am Julius Kühn-Institut in Dahlem durchführen und haben dort unseren vorübergehenden Sitz.