

# 438

## Julius-Kühn-Archiv

58. Deutsche Pflanzenschutztagung

10. - 14. September 2012  
Technische Universität Braunschweig

- Kurzfassungen der Beiträge -



Julius Kühn-Institut  
Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

**118-Langer, J.<sup>1)</sup>; Gentkow, J.<sup>2)</sup>; von Barga, S.<sup>1)</sup>; Büttner, C.<sup>1)</sup>**

<sup>1)</sup> Humboldt-Universität zu Berlin

<sup>2)</sup> Leibniz-Institut Halle

### **Variabilität Protein-kodierender Genombereiche des *Cherry leaf roll virus***

*Variability of protein-coding genome regions of Cherry leaf roll virus*

Das *Cherry leaf roll virus* (CLRV) der Gattung *Nepovirus* (Comovirinae, Secoviridae) ist weltweit in einer Vielzahl von verschiedenen Wirtspflanzenarten aus 26 Pflanzengattungen, vornehmlich in Gehölzen, verbreitet. Die beiden genomischen einzelsträngigen RNA-Moleküle des CLRV kodieren für Polyproteine, die durch die virale Protease in die funktionellen Proteine gespalten werden. Die Genomvariabilität wurde anhand der RNA1-kodierten Proteine VPg, Protease, RdRP und des RNA2-kodierten Hüllproteins von CLRV-Isolaten aus verschiedenen Wirtspflanzen bestimmt. Auf der Basis von Nukleotid- und Aminosäuresequenzidentitäten differieren die Variabilitätswerte der untersuchten Proteine nur geringfügig bei maximal 22,7 % bzw. 15,1 %. Dagegen zeigte das Verhältnis von synonymen zu nicht-synonymen Nukleotidsubstitutionen, dass insgesamt auf alle untersuchten Protein-kodierenden Genombereiche ein hoher ( $dS/dN > 1$ ), auf die Protease aber der signifikant höchste negative Selektionsdruck wirkt. Dieses lässt vermuten, dass beim CLRV die genetische Evolution der Protease stark eingeschränkt ist und in anderen Protein-kodierenden Genombereichen beispielsweise funktionelle Interaktionen mit wirtsartspezifischen Faktoren eine höhere Variabilität bedingen können.