

sind und diese schnell besiedeln können. Ein Hauptziel ist es daher, potentiell invasive Unkrautarten herauszufinden und diese auf ihre mögliche Schädigung zu untersuchen. Denn diese können in kürzester Zeit große und weitreichende Ertragsverluste verursachen. So hat sich im Süden Europas z. B. bereits *Abutilon theophrasti* in Mais und Zuckerrüben zu einem ernstzunehmenden und schwer bekämpfbaren Unkraut entwickelt, dass sich im Zuge des Klimawandels weiter nördlich ausbreiten wird und momentan bereits in weiten Teilen Süddeutschlands zu finden ist. Aber auch *Iva xanthiifolia* hat ein solches Ausdehnungspotential.

Neben einer Zunahme bereits etablierter generalistischer und wärmeliebender Unkrautarten ist insbesondere auch das Auftreten sog. „Upstarters“ zu verfolgen. Hierunter verstehen wir opportunistische Unkrautarten, die bereits seit vielen Jahren in geringer Anzahl auf dem Acker zu finden sind, bislang jedoch noch keine Bedeutung hatten. Diese Arten könnten von den Veränderungen des Klimas überproportional profitieren und zu ernstzunehmenden „Problemarten“ werden. So treten z. B. seit einigen Jahren *Anchusa arvensis* und *Geranium*-Arten in ertragsmindernden Quantitäten in einigen Teilen Deutschlands im Raps auf – bereits als eine Folge des Klimawandels? In Mais werden bereits etablierte Hirse- und Amaranth-Unkräuter von der Klimaveränderung profitieren und ihre Verbreitung weiter nordwärts verlagern, was zu Verschiebungen von Dominanzverhältnissen innerhalb der Unkrautpopulationen führt, deren Lücken diese Arten besonders ausfüllen können.

Da mögliche Auswirkungen des Klimawandels im Agrarökosystem bisher kaum bekannt sind, untersuchen wir diese an ausgewählten Ackerunkräutern in den Kulturen Raps, Weizen, Mais und Zuckerrüben, um zukünftige Prognosen erstellen zu können. Neben der Bestimmung einzelner Pflanzenparameter wie Keimungsraten, Entwicklung, Blühphasen, Samenproduktion, Biomasse und Konkurrenzkraft möchten wir auch die Abundanz in 50 Jahren modellieren. Besonderes Augenmerk liegt zudem auf agrarischen Einflussfaktoren wie Saattermine, Bestandesdichten und Bodentypen. Unsere Ergebnisse sollen dabei helfen, genaue agrarische Anpassungsstrategien auf die sich verändernde Unkrautflora zu entwickeln, denn der Klimawandel wird eine Verschiebung in den Unkrautspektren der Kulturarten hervorrufen, die den Pflanzenschutz vor neue Herausforderungen stellen wird.

Literatur

- [1] Patterson, D. T. (1995): Weeds in a Changing Climate, *Weed Science* 43: 685–701.
 [2] Pysek, P., et al. (2005): Alien Plants in Temperate Weed Communities, *Ecology* 86 (3): 772–785.
 [3] Walther, G.-R., et al. (2009): Alien species in a warmer world, *TREE* 1146: 686–693.

Sektion 50 – Virologie / Bakteriologie / Mykologie

50-1 - Rabenstein, F.¹⁾; Maiss, E.²⁾; French, R.³⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut; ²⁾ Leibniz Universität Hannover; ³⁾ University of Nebraska, Lincoln, USA

Charakterisierung neuartiger Potyviren in Futtergräsern der Gattungen *Festuca* und *Dactylis* in Deutschland

Characterization of novel potyviruses occurring in grasses of the genus *Festuca* and *Dactylis* in Germany

Viren der Familie *Potyviridae* bilden mit über 100 verschiedenen Arten die wirtschaftlich wichtigste Gruppe von Pflanzenviren. Gegenwärtig werden 7 offiziell anerkannte Genera unterschieden, wobei Viren aus den Genera *Bymovirus*, *Potyvirus*, *Rymovirus* und *Tritimovirus* Gramineen-Arten infizieren können. Ein neues Genus mit der Bezeichnung *Poacevirus* wurden kürzlich vorgeschlagen, der gegenwärtig die beiden Virusarten *Triticum mosaic virus* (TriMV), isoliert aus Weizen, sowie *Sugarcane streak mosaic virus* (SCSMV), isoliert aus Zuckerrohr, beinhaltet. Beide Viren werden vermutlich durch verschiedene Gallmilbenarten übertragen, obwohl dies bisher eindeutig nur für das TriMV belegt ist, für das *Aceria tosichella* als Vektor fungiert. Darüber hinaus ist diese Gallmilbenart auch als Vektor des *Wheat streak mosaic virus* (WSMV) bzw. *Wheat mosaic virus* (former *High Plains virus*) bekannt; zwei Viren, die in den USA an Weizen und Mais erhebliche Ertragsverluste verursachen können. Das WSMV bildet den type member der Tritimoviren, die vier weitere Arten (*Brome streak mosaic virus* (BrSMV), *Oat necrotic mottle virus* (ONMV), *Wheat eglid mosaic virus* und ein kürzlich als Yellow oat-grass mosaic virus (YOgMV) bezeichnetes Virus aus *Trisetum flavescens*) umfassen.

In Deutschland wurden von uns zwei neue Viren aus den Gräserarten *Festuca gigantea* bzw. *Dactylis glomerata* isoliert und mit biologischen, serologischen und molekularen Methoden charakterisiert. In den Originalproben waren elektronenmikroskopisch gestreckte, flexible Viren nachweisbar, die eine Länge von ca. 750 in *D. glomerata* bzw. 900 nm in *F. gigantea* aufwiesen. In Ultradünnschnitten konnten für Potyviren charakteristische zytoplasmatische Einschlusskörper (pinwheel-shaped inclusion bodies) beobachtet werden, wobei die im Knäulgras gefundenen in ihrer Struktur mehr den durch das BrSMV verursachten ähnelten. Im Kontrast zu allen bisher bekannten Potyviren aus Gräsern verursachte das Isolat aus *Dactylis* chlorotische Lokalläsionen auf Blättern

inokulierter *Chenopodium quinoa* Pflanzen. Eine Rückübertragung auf verschiedene Gräserarten, vorwiegend aus dem Tribus *Aveneae* bzw. *Poeae*, war erfolgreich. Beide Virusisolate konnten in Hafer vermehrt, mittels Ultrazentrifugation gereinigt und für Antiserumgewinnung verwendet werden. Für beide Viren, deren Genomorganisation typisch für monopartite Potyviren ist, konnte die komplette Genomsequenz ermittelt werden. Anhand der phylogenetischen Analysen können diese Viren den beiden Genera *Tritimovirus* bzw. dem neuen Genus *Poacevirus* zugeordnet werden.

Ein weiteres Kriterium für die Zuordnung zu den beiden genannten Genera sind die für den jeweiligen Genus charakteristischen Schnittstellen der vom Virusgenom kodierten Proteasen (cleavage sites). Diese stimmen im Fall des *Festuca*-Virus weitgehend mit denen des TriMV bzw. SCSMV überein, während das *Dactylis*-Virus hier am meisten den beiden Mitgliedern des Genus *Tritimovirus* ONMV bzw. WSMV ähnelt. Für die beiden neuen Virusarten werden die Bezeichnungen *Cocksfoot streak mosaic virus* bzw. *Festuca necrotic streak virus* vorgeschlagen.

50-2 - Vetten, H.-J.¹⁾; Grigoras, I.²⁾; Gronenborn, B.²⁾

¹⁾ Julius Kühn-Institut; ²⁾ Institut des Sciences du Végétal, CNRS, Frankreich

Erster Nachweis eines *Nanovirus* für Deutschland und Zentraleuropa

First report of a *Nanovirus* from Germany and Central Europe

Nanoviren wie das *Faba bean necrotic yellows virus* (FBNYV) und *Faba bean necrotic stunt virus* (FBNSV) haben ein zirkuläres, multipartites (aus acht Komponenten bestehendes) Einzelstrang-DNA-Genom, werden durch bestimmte Blattlausarten zirkulativ-persistent auf Leguminosen übertragen und sind in Nordafrika und im Nahen Osten z. B. an Fababohne, Kichererbse und Linse weit verbreitet. In Europa sind sie – abgesehen von einem sporadischen Auftreten des FBNYV in Spanien (Mallorca und Murcia) – bisher noch nicht gefunden worden. Aus zwei von 23 Blattproben von Erbsenpflanzen (*Pisum sativum*), die im Juli 2009 in einem Feld in der Nähe von Aschersleben (Sachsen-Anhalt) wegen virusähnlicher Symptome auffielen, konnte durch Blattlausübertragung (*Acyrtosiphon pisum*) ein Krankheitserreger isoliert werden, der auffällige Vergilbungs- und Stauchesympptome an Erbsen- und Fababohnensämlingen verursachte. Nachdem eine Vielzahl von Versuchen zum Nachweis eines *Luteovirus* oder anderer RNA-Viren gescheitert war, begannen wir das Vorliegen eines *Nanovirus* in Betracht zu ziehen.

Bei Verwendung eines Antiserums gegen FBNYV im DAS-ELISA beobachteten wir schwache, aber eindeutig positive Reaktionen mit den beiden Erbsenisolaten. Letztere reagierten auch schwach bis stark im TAS-ELISA mit sechs der 26 monoklonalen Antikörper (MAKs), die wir früher gegen FBNYV und FBNSV hergestellt hatten. Der Einsatz von „Rolling Circle Amplification“ (RCA) an einem Gesamt-DNA-Extrakt aus symptomtragenden Blättern ergab eine starke, hochmolekulare DNA-Bande, die sich nach Behandlung mit der Endonuclease AatII teilweise in ein Produkt von ca. 1 kb umwandeln ließ. Klonierung und Sequenzierung dieser DNA lieferten eindeutige Hinweise für das Vorliegen einer zirkulären DNA von 1.002 Nukleotiden, die als vollständige DNA-R-Komponente eines neuen Mitglieds der Gattung *Nanovirus* identifiziert wurde. Sie weist Nukleotidsequenzidentitäten von lediglich 73 bis 79 % mit den bisher bekannten Nanoviren auf. Nach Behandlung des hochmolekularen RCA-Produkts mit zehn weiteren Endonucleasen gelang danach auch die Klonierung der sieben anderen Komponenten des Nanovirusgenoms. Sequenzierung der acht DNAs zeigte, dass sie etwa gleich groß [von 978 (DNA-U1) bis 1.002 Nukleotiden (DNA-R) und in Bezug auf Lage und Orientierung von konservierten Bereichen und ORFs sehr ähnlich strukturiert sind. Das von uns charakterisierte *Nanovirus*-Isolat D15 wies mit anderen Nanoviren eine Gesamtnukleotidsequenzidentität von nur 61 bis 64 % und eine Hüllproteinsequenzidentität von lediglich 51 bis 57 % auf. Da es damit die molekularen Kriterien (Gesamtnukleotidsequenzidentität von < 75 % und Unterschiede in der Hüllproteinamino säuresequenz von > 15 %) für die Unterscheidung von Nanovirusarten ohne weiteres erfüllt, kann das Erbsenisolat D15 als Vertreter einer neuen Nanovirusart angesehen werden, für die der Name *Pea necrotic yellow dwarf virus* vorgeschlagen wird.

50-3 - Menzel, W.¹⁾; Barg, E.²⁾; Vetten, H.-J.²⁾

¹⁾ Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ); ²⁾ Julius Kühn-Institut

Erster Nachweis des *Carrot thin leaf virus* für Deutschland und Europa und Untersuchungen zur Variabilität und Verbreitung

Vor mehreren Jahren konnten wir aus einer Pastinakpflanze aus Braunschweig überraschend ein *Potyvirus* isolieren, welches durch Sequenzierung des 3'-Endes des Genoms eindeutig als Isolat des *Carrot thin leaf virus* (CTLV; Gattung *Potyvirus*) identifiziert werden konnte. Das CTLV war bis dahin nur aus den USA bekannt.