



**51. JAHRESTREFFEN DES ARBEITSKREISES
“VIRUSKRANKHEITEN DER PFLANZEN“
25. bis 26. März 2019**

**Tagungsort
Max-Planck-Institut für Sonnensystemforschung
Justus-von-Liebig-Weg 3, 37077 Göttingen
Auditorium, 1. Stock**

<http://plant-protection.net/de/arbeitskreise/viruskrankheiten/>

Informationen zum Tagungsort, Anreise:

<https://www.mps.mpg.de/kontakt>

Programm, Teilnehmerliste und Abstracts

Sponsoren der Tagung:

LOEWE®
www.loewe-info.com



Herzlichen Dank für ihre Unterstützung!

DPG-Arbeitskreisleitung: Mark Varrelmann & Björn Krenz
Tagungsorganisation: Sabine von Tiedemann
Organisation vor Ort: Mark Varrelmann & Abteilung Phytomedizin,
Institut für Zuckerrübenforschung an der Universität Göttingen

PROGRAMM

Montag, 25. März 2019	
12:00 – 13:00	KAFFEE, TEE UND BRÖTCHEN Anreise und Registrierung zur Tagung
13:00 – 13:10	Begrüßung und organisatorische Bekanntmachungen <i>Mark Varrelmann & Björn Krenz</i>
13:10 – 13:20	Vorstellung DPG und Junge DPG <i>Björn Krenz</i>
13:20 – 14:20	Sektion I: Moderation <i>Edgar Maiss</i>
13:20 – 13:40	Plant viruses identified using high throughput sequencing <i>Yahya Gaafar</i>
13:40 – 14:00	Untersuchung von Viren an der kolumbianischen Passionsfrucht (<i>Passiflora edulis</i> Sims) zur Entwicklung geeigneter Management-Strategien <i>Joseph Cutler</i>
14:00 – 14:20	Weitergehende Untersuchungen zum Auftreten von Vergilbungsviren der Zuckerrübe <i>Wulf Menzel & Mark Varrelmann</i>
14:20 – 14:50	KAFFEE-/TEEPAUSE
14:50 – 16:10	Sektion II: Moderation <i>Björn Krenz</i>
14:50 – 15:30	Übersichtsvortrag Plasmodesmata - die Tore zur Nachbarzelle. Doch woraus bestehen sie genau? <i>Max Kraner</i>
15:30 – 15:50	Identification of the silencing suppressor of <i>Tomato mild mottle virus</i> (TMMoV) <i>Svenja Lindenau</i>
15:50 – 16:10	Identifizierung neuer und bekannter Tobamoviren in Solanaceen unter Verwendung eines neuen generischen Primerpaares: Erste Nachweise des <i>Tomato brown rugose fruit virus</i> und <i>Bell pepper mottle virus</i> in Deutschland <i>Wulf Menzel, Stephan Winter, Joachim Hamacher & Monika Heupel</i>
16:10 – 17:00	KAFFEE-/TEEPAUSE und Präsentation der Poster (50 min)
17:00 – 18:00	Sektion III: Moderation <i>Mark Varrelmann</i>
17:00 – 17:20	Expression of a recombinant gene using a plant virus replicon derived from <i>Beet curly top Iran virus</i> <i>Omid Einj, Nadine Schumann & Mark Varrelmann</i>
17:20 – 17:40	Die <i>Arabidopsis thaliana</i> G3BP-Familie <i>Hendrik Reuper, Khalid Amari & Björn Krenz</i>
17:40 – 18:00	Monitoring aphid vectors, their virus load and establishment of infection in a pea (<i>Pisum sativum</i>) field <i>Christiane Then</i>
ab 19:30	Abendessen & gemütliches Beisammensein im Bullerjahn in der Innenstadt von Göttingen Markt 9, 37073 Göttingen, 0551 307010-0

Dienstag, 26. März 2019	
08:30 – 09:00	KAFFEE UND TEE
09:00 – 10:20	Sektion IV: Moderation <i>Annette Niehl</i>
09:00 – 09:40	Übersichtsvortrag Electron microscopy - diving into the third dimension <i>Katharina Hipp</i>
09:40 – 10:00	Localizing <i>Cassava brown streak virus</i> in virus-resistant cassava <i>Samar Sheat, Paolo Margaria, Bettina Fürholzner & Stephan Winter</i>
10:00 – 10:20	Identification, biology and pathogenicity of the eriophyoid mite <i>Aceria tulipae</i> on garlic <i>Katja R. Richert-Pöggeler</i>
10:20 – 11:10	KAFFEE-/TEEPAUSE und Präsentation der Poster (50 min)
11:10 – 12:10	Sektion V: Moderation <i>Wilhelm Jelkmann</i>
11:10 – 11:30	Application of a reverse genetic system for <i>Beet necrotic yellow vein virus</i> to study <i>Rz1</i> resistance breaking in sugar beet <i>Sebastian Liebe, Edgar Maiss & Mark Varrelmann</i>
11:30 – 11:50	Symptomology and yield impact of <i>pea necrotic yellow dwarf virus</i> (PNYDV) in faba bean (<i>Vicia faba</i> L. minor) <i>Helmut Saucke, D. Uteau, K. Brinkmann & H. Ziebell</i>
11:50 – 12:10	Highlights aus der Virusdiagnose 2018 <i>Heiko Ziebell</i>
12:10 – 12:30	Termin und Ort für das nächste AK-Treffen, Zukunft des AK, Verabschiedung <i>Mark Varrelmann & Björn Krenz</i>
12:10 – 13:00	KAFFEE, TEE UND BRÖTCHEN
	Tagungsende

Übersicht Posterpräsentationen

Poster Nr. 1

Tomato bushy stunt virus (TBSV) based ribonucleoproteins (RNPs) delivery in potato

Enikő Lőrincz-Besenyi

Poster Nr. 2

Untersuchungen zur Zelllokalisierung des RNA4-kodierten 42 kDa Proteins eines neuartigen Emaravirus in Stieleichen (*Quercus robur* L.)

Marius Rehanek, Martin Beck, Martina Bandte, Susanne von Bargaen, Carmen Büttner

Poster Nr. 3

Refinement of diagnostic methods for detection of the birch virome using the example of Carla- and Badnaviruses

Kaja Pack, Maria Landgraf, Bright Opoku, Martina Bandte, Susanne von Bargaen, Artemis Rumbou, Martin Schreiner, Barbara Jäckel, Carmen Büttner

Poster Nr. 4

New discovered viruses in declining birch

Elisha Bright Opoku, Maria Landgraf, Martina Bandte, Susanne von Bargaen, Martin Schreiner, Barbara Jäckel, Carmen Büttner

Poster Nr. 5

Analyzing the subcellular distribution of Geminivirus transport proteins and the resulting consequences for virus trafficking

Andrea Franziska Bauer

Poster Nr. 6

Detektion und Charakterisierung eines *Raspberry leaf mottle virus* Isolates aus Deutschland mittels Hochdurchsatzsequenzierung und RACE-PCR

Laura Binmöller, Constanze Berwarth, Kerstin Zikeli, Wilhelm Jelkmann

Poster Nr. 7

Occurrence of plant viruses in candidate climate tolerant street tree species

Susanne von Bargaen, Martina Bandte, Marius Rehanek, Thomas Gaskin, Daniel Wersuhn, Malgorzata Rybak, Carmen Büttner

Poster Nr. 8

Subcellular localization of *Soil-borne wheat mosaic virus* movement protein and CP-RT protein

Nico Sprotte, Claudia Janina Strauch, Sabine Bonse und Annette Niehl

Poster Nr. 9

Herstellung von Interspezies-Rekombinanten der Zuckerrübe infizierenden Poleroviren *Beet chlorosis virus* (BChV) und *Beet mild yellowing virus* (BMYV)

Roxana Hossain, Veronika Wetzel, Ann-Christin Brenken, Edgar Maiss, Mark Varrelmann

Poster Nr. 10

The Stress Granule component G3BP – A conserved first line of defense against viruses

Hendrik Reuper, Marc Panas, Khalid Amari, Gerald McInerney, Björn Krenz

Poster Nr. 11

Detektion und phylogenetische Analyse eines putativen Emaravirus in der Blumenesche (*Fraxinus ornus* L.)

Thomas Gaskin, Susanne von Barga, Martina Bandte, Jean-Sébastien Reynard, Jenny Roßbach, Carmen Büttner

Poster Nr. 12

The anti *Beet necrotic yellow vein virus* resistance protein *Rz2* from *Beta vulgaris* mediates resistance in transgenic *Nicotiana benthamiana*

Veronika Wetzel, Mark Varrelmann

Poster Nr. 13

Turnip mosaic virus P1 protein is a novel interaction partner of the stress granule component G3BP

Susanna Krapp, Tabata Rosas-Diaz, Johannes Keseler, Eva Greiner, Hendrik Reuper, Uwe Sonnewald, Rosa Lozano-Duran, Björn Krenz, Khalid Amari

Poster Nr. 14

Überprüfung der Eignung des monoklonalen Antikörpers 3H8 für den serologischen Nachweis von Potyviren

Wulf Menzel, Stephan Winter

Poster Nr. 15

Interference of plant viruses with aphid-induced calcium signalling in Arabidopsis

Christiane Then, Geoffrey Schivre, Fanny Bellegarde, Tou-Cheu Xiong, Martin Drucker

Teilnehmerliste

Khalid	Amari Baba	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Martina	Bandte	Humboldt-Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Andrea Franziska	Bauer	Universität Stuttgart, Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen	Pfaffenwaldring 57 70569 Stuttgart
Maria	Behnecke	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Jan	Bergervoet	Wageningen University & Research Wageningen Plant Research Biointeractions and Plant Health	Droevendaalstesteeg 1 6708 PB Wageningen Niederlande
Constanze	Berwarth	Julius Kühn-Institut Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen	Schwabenheimer Str. 101 69221 Dossenheim
Carmen	Büttner	Humboldt Universität zu Berlin, Thaer-Institut, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Robert	Cernusko	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V	Graf-Lippe-Str. 1 18059 Rostock
Joseph	Cutler	Humboldt Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Martin	Drucker	INRA Grand Est - Colmar	28 rue de Herrlisheim 68000 Colmar, France
Ullrich	Dubiella	KWS SAAT SE	Grimsehlstr. 31 37574 Einbeck
Omid	Eini	Institut für Zuckerrübenforschung, Abt. Phytomedizin	Holtenser Landstr. 77 37079 Göttingen
Sebastian	Fricke	Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Yahya	Gaafar	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Thomas	Gaskin	Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung, Referat 43 - Fachgebiet 2 - Phytopathologie, Beschaffenheitsprüfung,	Steinplatz 1 15806 Zossen OT Wünsdorf
Pierre	Gebauer	Staatliche Betriebsgesellschaft für Umwelt und Landwirtschaft, Fachbereich 44 Phytopathologie	Waldheimer Straße 219, Haus 4, 01683 Nossen Postanschrift: Altwahnsdorf 12, 01445 Radebeul
Monika	Heupel	Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen Pflanzenschutzdienst	Gartenstrasse 11 50765 Köln-Auweiler
Katharina	Hipp	Max Planck Institute for Developmental Biology	Max-Planck-Ring 5 72076 Tübingen

Roxana	Hossain	Institut für Zuckerrübenforschung, Abt. Phytomedizin	Holtenser Landstr. 77 37079 Göttingen
Wilhelm	Jelkmann	Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau	Schwabenheimer Str. 101 69221 Dossenheim
Holger	Jeske	Universität Stuttgart, Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme	Pfaffenwaldring 57 70569 Stuttgart
Tatjana	Kleinow	Universität Stuttgart, Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme	Pfaffenwaldring 57 70569 Stuttgart
Andrea	Klinke	Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Kira	Köpke	Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Max	Kraner	Lehrstuhl Biochemie, Department Biologie, Universität Erlangen- Nürnberg	Staudtstr. 5 91058 Erlangen
Maria	Landgraf	Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Sebastian	Liebe	Institut für Zuckerrübenforschung, Abt. Phytomedizin	Holtenser Landstr. 77 37079 Göttingen
Peter	Liedl	Selecta Klemm GmbH & Co. KG	Hanfäcker 10 70378 Stuttgart
Svenja	Lindenau	Leibniz Universität Hannover, IGPS, Abteilung Phytomedizin, AG Pflanzenvirologie	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Renate	Loewe	Loewe Biochemica GmbH	Mühlweg 2a 8054 Sauerlach
Enikő	Lörincz- Besenyei	Leibniz-Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Verena	Maiberg	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Edgar	Maiss	Leibniz Universität Hannover Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Paolo	Margaria	Leibniz-Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Wulf	Menzel	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig

Maximilian	Müllender	Institut für Zuckerrübenforschung, Abt. Phytomedizin	Holtenser Landstr. 77 37079 Göttingen
Annette	Niehl	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Elisha Bright	Opoku	Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Kaja	Pack	Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Tom Pascal	Pielhop	Leibniz Universität Hannover, IGPS, Abt. Phytomedizin, AG Virologie	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Marius	Rehanek	Humboldt-Universität zu Berlin, Lebenswissenschaftliche Fakultät, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Hendrik	Reuper	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Katja R.	Richert- Pöggeler	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Marko	Riedel	LELF	Steinplatz 1 15806 Zossen
Hanna	Rose	Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Nadine	Schumann	KWS SAAT SE	Grimsehlstr. 31 37574 Einbeck
Katia	Schütze	KWS SAAT SE	Grimsehlstr. 31 37574 Einbeck
Mareike	Schwind	Verband der hessisch-pfälzischen Zuckerrübenanbauer e. V	Rathenaustr. 10 67547 Worms
Judith Nora	Seeger	Universität Kassel, FG Ökologischer Pflanzenschutz	Nordbahnhofstr. 1a 37213 Witzenhausen
Judith Nora	Seeger	Universität Kassel, FG Ökologischer Pflanzenschutz	Nordbahnhofstr. 1a 37213 Witzenhausen
Samar	Sheat	Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH	Inhoffenstr. 7B 38124 Braunschweig
Christoph	Sicking	Leibniz Universität Hannover, Institut für Gartenbauliche Produktionssysteme, Abteilung Phytomedizin	Herrenhäuser Str. 2 30419 Hannover
Nico	Sprotte	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Daniel	Stirnweis	KWS SAAT SE	Grimsehlstr. 31 37574 Einbeck

Claudia Janina	Strauch	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Hans	Teichmann	Elsner PAC Vertriebsgesellschaft mbH	Kipsdorfer Str. 146 01279 Dresden
Christiane	Then	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Sylvia	Thier	LLG	Strenzfelder Allee 22 06406 Bernburg
René	van der Vlugt	Wageningen University & Research Wageningen Plant Research Biointeractions and Plant Health	Droevendaalstesteg 1 6708 PB Wageningen Niederlande
Susanne	von Bargaen	Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin	Lentzeallee 55/57 14195 Berlin
Christina	Wege	Universität Stuttgart, Molekularbiologie und Virologie der Pflanzen, Institut für Biomaterialien und Biomolekulare Systeme	Pfaffenwaldring 57 70569 Stuttgart
Veronika	Wetzel	Institut für Zuckerrübenforschung (IfZ), Abt. Phytomedizin	Holtenser Landstr. 77 37079 Göttingen
Heiko	Ziebell	Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik	Messeweg 11-12 38104 Braunschweig
Kerstin	Zikeli	Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau	Schwabenheimer Str. 101 69221 Dossenheim
Carolin	Zimmermann	Landwirtschaftliches Technologiezentrum Augustenberg (LTZ)	Neßlerstraße 25 76227 Karlsruhe

Abstracts der Vorträge

Sektion I

Plant viruses identified using high throughput sequencing

Yahya Gaafar

Julius Kühn-Institut, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig, Germany

E-Mail: yahya.gaafar@julius-kuehn.de

Conventional detection methods for plant viruses rely on a priori knowledge of the virus that should be detected: either nucleotide sequences for the design of specific or generic (RT)-PCR primers or purified viruses for the production of antibodies. In recent years, advances in high-throughput sequencing (HTS) technologies enabled enrichment and sequencing of viral sequences without a priori knowledge. Therefore, HTS has become a powerful alternative tool for virus/viroid detection and characterisation, and many new plant viruses have been discovered in cultivated and wild plants. We have used HTS as an additional tool for virus diagnostics for a number of samples where e.g., ELISA or electron microscopy failed to identify the nature of the infecting virus. We have implemented different viral enrichment methods i.e., rolling-circle amplification (RCA), ribosomal RNA depletion (rRNAdepl), or double stranded RNA (dsRNA) extraction followed by HTS. We present some of our results investigating "historic" and current samples from different plant species that were infected with viruses from the Nanoviridae, Luteoviridae, Rhabdoviridae, Secoviridae and Tombusviridae families.

Untersuchung von Viren an kolumbianische Passionsfrucht (*Passiflora edulis* Sims) zur Entwicklung geeigneter Management-Strategien

Joseph Cutler

Humboldt Universität zu Berlin, FG Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin

E-Mail: joseph.cutler@agrar.hu-berlin.de

Colombia's agricultural export sector has advanced and in parallel the need for phytosanitary control has become more important. Colombian purple passion fruit (*Passiflora edulis* Sims) is one of the country's most promising exports. Next Generation Sequencing (NGS) has demonstrated the presence of Soybean mosaic virus (SMV), Passionfruit yellow mosaic virus (PFYMV), a putative novel Marafivirus and a novel ilarvirus in Colombian passion fruit growing areas. In order to examine the frequency and distribution of these viruses in Colombia, to characterize the symptoms associated with them, and to identify the pathways for their transmission, ELISA was carried out and RT-PCR based detection was established. Samples were collected in Cundinamarca and Boyacá, Colombia. It was considered if similar diagnostic techniques could be adopted for other important Colombian staple crops, in the framework of a large cooperation project between German and Colombian universities, the Colombian Agricultural Institute (ICA), the Colombian Corporation of Agricultural Investigation (AGROSAVIA), and the International Center for Tropical Agriculture (CIAT). The competitiveness of Colombian products in domestic and international markets depends on the use of healthy plant material and virus-tested certification can improve quantity and quality of yields.

Identification, biology and pathogenicity of the eriophyid mite *Aceria tulipae* on garlic

Katja R. Richert-Pöggeler¹, F. Mansouri², D. Schmalowski¹, C. Maaß¹, S. Schuhmann¹, N. Liebig³, S. Lange⁴, C. Nagel⁴ & P. Rysanek²

¹Julius Kühn-Institut, Institute for Epidemiology and Pathogen Diagnostics, Braunschweig, Germany; ²Czech University of Life Sciences, Prague, Czech Republic; ³Bioland e.V., Visselhövede, Germany; ⁴Kultursaat e.V., Echzell-Bingenheim, Germany

E-Mail: katja.richert-poeggeler@julius-kuehn.de

During the growing period in 2017/18 extreme weather events occurred. Whereas both in winter 2017 and in spring 2018 precipitation was above average, the growing season was hot and dry. In the field

infestation with viruliferous eriophyoid mite on garlic leaves were clearly visible leading to stunted growth and deformations of plants, as well as causing chlorotic stripes and curling of leaves. The mites tested positive for presence of allexiviruses. For genotyping the cytochrome oxidase I (COI) gene fragment was used and sequence analysis identified *Aceria tulipae* as mite species. High abundance of mites was also observed on garlic cloves. During storage, mites proliferated to enormous amounts. However, the abundance of mites was not uniform when single cloves of the same bulb were evaluated. Correlating abundance with symptom severity 5 distinct classes were defined. Different developmental stages (eggs, spermatophores, larvae, nymphs, adults) were quantified under low vacuum conditions using SEM. Mite transfer from garlic to wheat, the host plant of *A. tosichella*, did not result in colonization and mites were not able to survive. Funding provided by BMEL, BLE project 2818209017.

Sektion II

Übersichtsvortrag: Plasmodesmata - die Tore zur Nachbarzelle. Doch woraus bestehen sie genau?

Max Kraner

Lehrstuhl Biochemie, Department Biologie, Universität Erlangen-Nürnberg, Staudtstr. 5, 91058 Erlangen

E-Mail: max.kraner@fau.de

Plasmodesmen (PD) sind nanometer-große Zell-zu-Zell-Verbindungen der Pflanzen und ermöglichen so den Transport von Molekülen und die Kommunikation zwischen benachbarten Zellen. Diese Zellwanddurchspannende Strukturen werden auch von Pflanzenviren (und anderen Pathogenen) während der systemischen Infektion benutzt. Ziel unserer Forschung ist es die molekularen Mechanismen aufzuklären, die die PD-Bildung, -Struktur und -Zusammensetzung regulieren. Um PD spezifisch zu markieren, nutzen wir das 17-kDa movement protein (MP17) des Kartoffelblattrollvirus (engl. potato leafroll virus). Dieses Protein ist für die Zell-zu-Zell-Ausbreitung des Virus erforderlich und lokalisiert bei ektoptischer Expression an verzweigten PD in ausgewachsenen *Arabidopsis thaliana* Blättern. Durch ein Mutanten-Screening mit veränderter MP17-Bindung wurde eine Mutation im Cholintransporter-ähnlichen Protein 1 (CHER1) identifiziert. In dieser führt eine Punktmutation zu einem Aminosäureaustausch von Glycin247 zu Glutamat, was zu einem Ausfall der Funktion führt. Nachfolgende Charakterisierung der cher 1-Mutante durch Kallosefärbung und Transmissionselektronenmikroskopie in unterschiedlich entwickelten Blättern ergab eine verringerte PD-Anzahl um das Zehnfache.

Ein umfassender Proteom-Vergleich der cher1-Mutante mit dem Col-0 Wildtyp zeigte eine veränderte Proteinzusammensetzung der PD-enthaltenden Zellwand. Dadurch konnten zusätzlich bisher nicht charakterisierte PD-Proteine bzw. Proteine mit PD-Lokalisierung entdeckt werden. Die cher1-Mutante ermöglicht damit erstmals Einblicke in die Proteinzusammensetzung von Plasmodesmen in ausgewachsenen Blättern. Zukünftig nutzen und entwickeln wir die Technik dieser vergleichenden Proteomik weiter, um dynamische und statische Komponenten der PD-Entwicklung in Pflanzenblättern aufzuklären und relevante Proteine für eine systemische Virusausbreitung zu identifizieren.

Identification of the silencing suppressor of Tomato mild mottle virus (TMMoV)

Svenja Lindenau

Leibniz Universität Hannover, IGPS, Abteilung Phytomedizin, AG Pflanzenvirologie, Herrenhäuser Str. 2, 30419 Hannover

E-Mail: svenja.lindenau@hotmail.de

TMMoV is a member of the genus *Ipomovirus*. Only TMMoV and Sweet potato mild mottle virus harbor a HC-Pro, a conserved, multifunctional protein among the family *Potyviridae* which is involved in RNA silencing. For TMMoV, the P1 is assumed to be the silencing suppressor, but this has not yet been confirmed experimentally. Hence, partial clones harboring the possible genes (P1 and HC-Pro) were constructed from a full-length clone of TMMoV (DSMZ PV-0993). Standard-Silencing-Assays confirmed, that the suppressor is located in P1. A possible motif is LKRA/Zn-F, which is similar to motifs that are

responsible for silencing in other Ipomoviruses. Mutations in this motif have shown that the arginine (R) is very likely crucial for the silencing function. According to the results, the mutated motif AKAA, which is unable to suppress the silencing, was inserted into the full-length clone by Gibson Assembly. Then it was infiltrated into *Nicotiana benthamiana* via *Rhizobium radiobacter*. After nine days, only the plants infiltrated with the wild-type clone showed symptoms. By RNA extraction, RT-PCR and sequencing, an infection with both clones was confirmed, indicating a possible involvement of this motif in the symptom development in *N. benthamiana*.

Identifizierung neuer und bekannter Tobamoviren in Solanaceen unter Verwendung eines neuen generischen Primerpaares: Erste Nachweise des Tomato brown rugose fruit virus und Bell pepper mottle virus in Deutschland

Wulf Menzel¹, Stephan Winter², Joachim Hamacher³ & Monika Heupel⁴

¹Leibniz-Institut DSMZ, Inhoffenstrasse 7B, 38124 Braunschweig; ²Leibniz-Institut, DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig; ³Institut für Nutzpflanzenwissenschaften und Ressourcenschutz (INRES), Friedrich-Ebert-Allee 144, 53113 Bonn; ⁴Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen Pflanzenschutzdienst, Gartenstraße 11, 50765 Köln-Auweiler

E-Mail: wulf.menzel@dsmz.de

Eine große Anzahl von Tobamovirus-Arten ist in der Lage, bedeutende Kulturpflanzen z.B. unter den Solanaceen zu infizieren. Die Möglichkeit der Verbreitung durch infiziertes Saatgut kombiniert mit der leichten mechanischen Übertragbarkeit bei Kulturarbeiten begünstigt das Auftreten insbesondere in arbeitsintensiven Kulturen und ist oft mit erheblichen Ertragseinbußen verbunden. Auch wenn für die meisten Arten spezifische Tests mittels ELISA oder RT-PCR zur Verfügung stehen, sind zur Begrenzung des Testaufwandes generische Methoden zu bevorzugen. In diesem Bericht stellen wir die erfolgreiche Entwicklung eines generischen Primerpaares für den Nachweis zahlreicher Tobamovirus-Arten vor. Basierend auf den in der GenBank verfügbaren Sequenzen wurden zwei konservierte Positionen identifiziert, die sich im Hüllproteingen und am 3' Ende des Genoms befinden. Die abgeleiteten Primer werden nur an einer Position degeneriert und amplifizieren ein Genomsegment von 560 bp, was bei der Sequenzierung eine eindeutige Zuordnung zur jeweiligen Spezies ermöglicht. Diese generische RT-PCR wurde mit zahlreichen Isolaten von insgesamt 14 verschiedenen in der DSMZ Virussammlung verfügbar Tobamovirus-Arten überprüft, die erfolgreich nachgewiesen werden konnten. Dazu gehören das TMGMV, TMV, ToMV, TSAMV, ObPV, TVCV, PaMMV, PMMoV, SFBV, ORSV, RMV, CGMMV und BPeMV. Darüber hinaus wurde 2018 bei der routinemäßigen Anwendung mit symptomatischen Tomatenproben aus Deutschland das bisher nur aus Jordanien und Israel bekannte *Tomato brown rugose fruit virus* (ToBRFV) erstmals in Europa nachgewiesen. Insgesamt waren mehr als 25 ha von diesem Ausbruch betroffen. Darüber hinaus konnte erstmals das *Bell pepper mottle virus* (BPeMV) in *Calibrachoa*-Hybriden in Deutschland identifiziert werden, was darauf hindeutet, dass einige Tobamoviren häufiger als erwartet vorkommen. Aufgrund der hohen Konservierung des amplifizierten Genombereichs hat diese generische RT-PCR ihre Eignung für den zuverlässigen und spezifischen Nachweis bekannter und neuer Tobamoviren unter Beweis gestellt und ist eine geeignete Screening-Alternative zu einzelnen spezifischen Tests mittels z.B. ELISA oder RT-PCR.

Sektion III

Expression of a recombinant gene using a plant virus replicon derived from Beet curly top Iran virus

Omid Eini

Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung für Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen

E-Mail: Eini@ifz-goettingen.de

Beet curly top Iran virus (BCTIV) is a member of Becurtoviruses with single-stranded DNA genome. This virus has a wide host range. The virion sense genes (V1, V2 and V3) encode for movement protein (MP), ssDNA/dsDNA regularity protein (Reg), and a capsid protein (CP). In this study we aim to use this

virus as a gene delivery tool after removing the virion sense genes and introducing a multiple cloning site. Deletion of virion sense genes (1043 nt) did not impair the virus replication, however resulted in a lower DNA accumulation compared to the wild type virus. Using this viral vector a red-fluorescent protein (tDT) with 239 amino acids in size was transiently expressed in *Agrobacterium*-infiltrated leaves and cotyledons from *Nicotiana benthamiana* and sugar beet plants, respectively. Expression of tDT from this viral replicon was comparable to the T-DNA cassette expressing the same gene under Cauliflower mosaic virus 35S promoter at three days after infiltration and significantly higher after six days. DNA accumulation was also tested for this replicon and compared with the recombinant replicon after introducing a larger DNA fragment (1933 nt) in transient assay using real-time PCR. This study shows that this viral vector is compatible with the use of a heterologous viral promoter to drive passenger gene expression. Larger DNA fragments such as genome editing components and co-delivery of plasmids expressing viral suppressors of RNA silencing will be tested to determine the cargo capacity and produce a higher gene expression in this system.

Die *Arabidopsis thaliana* G3BP-Familie

Hendrik Reuper, Khalid Amari & Björn Krenz

Leibniz-Institut, DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Inhoffenstr. 7B, 38124 Braunschweig

E-Mail: bjk17@dsMZ.de

Kürzlich konnte von uns gezeigt werden, dass gemini- und nanovirale Proteine mit dem Ras-GAP SH3 domain binding protein 2 (G3BP-2) interagieren. Im tierischen und humanen System ist G3BP essentiell für die Bildung von Stress-Granula (SG). SG sind zytoplasmatisch lokalisierte RNA-Protein-Komplexe, die sich bei biotischem oder abiotischem Zellstress bilden. SG fungieren in der Regulation der Genexpression und sind Teil der zellulären Stressantwort, indem sie initiierte Translationskomplexe arretieren. G3BP ist dabei das Schlüsselenzym zur Bildung der SG und ist daher für einige tierische und humane Viren ein bevorzugtes Ziel, um die Funktion der SG auszuschalten. Die Rolle von pflanzlichen SG in der antiviralen Stressantwort ist kaum erforscht, auch ist das pflanzliche G3BP bzw. die G3BP-Familie noch nicht charakterisiert. Dieser Vortrag stellt die bisherigen Ergebnisse zur Charakterisierung der *Arabidopsis thaliana* G3BP-Familie vor.

Monitoring aphid vectors, their virus load and establishment of infection in a pea (*Pisum sativum*) field

Christiane Then¹, Jonas Hartrick¹, Carolin Heidler¹, Khalid Amari², Judith N. Seeger³, Herwart Böhm⁴, Helmut Saucke³ & Heiko Ziebell¹

¹Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig, Germany; ²current address: Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Inhoffenstr. 7B, 38124 Braunschweig; ³Universität Kassel, Fachgebiet Ökologischer Pflanzenschutz, Nordbahnhofstr. 1a, 37213 Witzenhausen; ⁴Thünen-Institut, Institut für Ökologischen Landbau, Trenthorst 32, 23847 Westerau

E-Mail: christiane.then@julius-kuehn.de

Pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) and Pea enation mosaic virus (PEMV) are highly abundant legume viruses in Germany (Ziebell 2017) and are often found in mixed infections (Gaafar et al. 2016). PNYDV is a novel nanovirus in Central Europe affecting various legumes (Grigoras et al. 2010). In 2016, a severe virus outbreak occurred country-wide on legumes in Germany, with considerable yield losses (Saucke et al. 2019). Both PNYDV and PEMV are vectored persistently by aphids, in particular by *Acyrtosiphon pisum* as well as by other legume-infecting aphids such as *Aphis fabae*, *Aphis craccivora* and *Megoura viciae* (Ziebell 2017). In legume sites, PNYDV displays a characteristic pattern of infection with a strongly infected focal core of yellowed, stunted dwarf-like plants expanding from an initial infection point circularly towards the periphery with decreasing severity of symptoms (Ziebell 2017). This reflects a time course of virus spread by aphid transmission to maturing plants (Saucke et al. 2019). To elucidate virus-aphid-plant interactions behind and to quantify the impact on pea yield and quality,

we established a field monitoring experiment with two pea varieties near Braunschweig. As natural infection only occurred in isolated instances in 2017, infection patterns were mimicked by introducing artificial infection points with viruliferous aphids in the following season. Naturally occurring aphid populations were monitored during the growing season by yellow traps. Aphids were sorted into main taxonomic groups and virus load was determined by ELISA and (RT)PCR. Infection status of inoculated peas was confirmed twice using ELISA and yield parameters calculated at the end of the experiments. Results are discussed with reference to other sites in Germany, where similar experiments were carried out in faba bean.

References

Gaafar, Y., S. Grausgruber-Gröger, H. Ziebell, 2016: *Vicia faba*, *V. sativa*, and *Lens culinaris* as new hosts for Pea necrotic yellow dwarf virus in Germany and Austria. *New Disease Reports* 34, 28.

Grigoras, I., B. Gronenborn, H. J. Vetten, 2010: First report of a nanovirus disease of pea in Germany. *Plant Disease* 94, 642.

Saucke, H., Uteau, D., Brinkmann, K., Ziebell, H. (2018): Symptomatology and yield impact of pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) in faba bean (*Vicia faba* L. *minor*). *European Journal of Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-01643-5>.

Ziebell, H., 2017: Die Virusepidemie an Leguminosen 2016 – eine Folge des Klimawandels? *Journal für Kulturpflanzen* 69, 64-68.

Sektion IV

Localizing Cassava brown streak virus in virus-resistant cassava

Samar Sheat, Paolo Margaria, Bettina Fürholzner & Stephan Winter

Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Inhoffenstr. 7B, 38124 Braunschweig

E-Mail: samar.sheat@dsmz.de

Cassava brown streak disease (CBSD) is the most devastating disease of cassava in East and Central Africa for which currently no source of virus resistance is available in African cassava varieties and breeding lines. We therefore searched for resistance in South American cassava germplasm and found among the 240 lines tested, 7 lines that did not become infected with CBSV, while further 8 lines showed local infection restricted to the roots. We analyzed in detail the cassava accession DSC 167 which is highly resistant, to provide evidence that CBSV-infections are not sustained in this line. There was no evidence for virus presence in leaf tissue by qRT-PCR and hence we used RNAscope in situ hybridization to trace the virus in stems, tissues and leaves. We found very low amounts of virus in the outer phloem of DSC 167 and traces in leaf tissue. The sensitivity and specificity of this method was so high that we could detect the virus even below the threshold of qRT-PCR. We provide evidence that in DSC 167 there is absence of virus replication in leaf and stem tissues, however the virus can move through phloem tissue where it remains restricted to the outer phloem cells. When investigating the cassava lines with virus infections localized in root tissues, our results show that virus presence and virus concentration in aboveground tissues cannot be used as indicator for resistance because virus replication in roots is independent from virus replication in leaf and stem tissues.

Übersichtsvortrag: Electron microscopy - diving into the third dimension

Katharina Hipp

Max Planck Institute for Developmental Biology, Max-Planck-Ring 5, 72076 Tübingen

E-Mail: katharina.hipp@tuebingen.mpg.de

Electron microscopy (EM) has been a key method to study the ultrastructure of biological objects ever since its invention and particularly plays an important role for virology. Over the last years several techniques have been developed to expand imaging methods into the third dimension. In order to investigate cells and tissues, several volume EM techniques based on scanning electron microscopy have been established with different capabilities. These methods provide tools to gain mechanistic insights into the viral infection cycle and the cellular remodelling that might occur during virus

infection. Recently, the implementation of direct electron detector has pushed the resolution limit of single particle electron cryo-microscopy into the atomic range. Together with improved image processing software, it allows de novo model building of 3D-macromolecular structures from EM maps. These structural analyses provide new information on viral complexes and capsids for a deeper understanding of viral functions.

Symptomology and yield impact of pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) in faba bean (*Vicia faba* L. *minor*)

Helmut Saucke, D. Uteau, K. Brinkmann & Heiko Ziebell

Julius Kühn-Institut, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig

E-Mail: heiko.ziebell@julius-kuehn.de

We surveyed 33 symptomatic faba bean sites in central Germany towards the end of the growing season 2016 to analyse the suspected virus spectrum. All sites displayed plants with characteristic symptoms and had distinct funnel-shaped patches with a severely affected centre. The central core consisted of stunted, prematurely senescent plants. Symptomatic foci were scattered at random over a largely symptomless field. At two exemplary investigation sites we combined ground based yield assessments with remote sensing techniques to describe disease-loss relationships. Based on low altitude true-colour aerial imaging data, symptomatic patches were categorised into: (i) severely affected blackish core region, (ii) yellowish symptomatic periphery, and (iii) a corresponding non-symptomatic reference patch. Serological tests revealed PNYDV (Pea necrotic yellow dwarf virus) together with PEMV (Pea enation mosaic virus) as dominant and equally abundant viruses. However, because PNYDV was significantly more restricted to the focal core than PEMV, we perceived PNYDV to be the causal agent for this apparently new symptom pattern in faba bean. As both viruses are vectored persistently by leguminous aphids, the observed symptom gradient within individual foci mirrored the epidemiological development over time, starting from an initial infection point and expanding towards the periphery via secondary virus spread to successively maturing and less susceptible plants. For each investigation site the segmented symptomatic surface of category (i) was 0.8 and 0.4%, for (ii) 20.5 and 6.4%, respectively. Combining the relative yield level for each symptom category with its respective surface, the overall yield gap at the field scale was extrapolated to 4.1 and 9.2% for grain yield and for 3.9 and 1.2% for crude protein. In the symptomatic core category, TKWs (thousand kernel weights) were halved due to enhanced proportions of shriveled grain. Because PNYDV-related yield decline was determined by the number, relative surface and disease intensity of individual foci, remote sensing techniques can offer valuable options for monitoring, loss assessment and agricultural decision making.

Application of a reverse genetic system for BNYVV to study Rz1 resistance breaking in sugar beet

Sebastian Liebe, Edgar Maiss & Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstraße 77, 37079 Göttingen

E-Mail: liebe@ifz-goettingen.de

Beet necrotic yellow vein virus (BNYVV) is a member of the genus *Benyvirus* in the family *Benyviridae*. BNYVV causes Rhizomania disease in sugar beet, which is characterized by the abnormal proliferation of lateral roots leading to a significant decrease in sugar content and massive yield losses. Therefore, all sugar beet cultivars carry the Rz1 resistance gene preventing infection with BNYVV. However, there are several reports describing the occurrence of Rz1 resistance breaking strains. The high selection pressure has led to several mutations in the pathogenicity factor P25 at amino acid positions 67-70 (AS67-70). Furthermore, an additional RNA component from the P-type (RNA5) has been associated with Rz1 resistance breaking. Experimental studies confirming the resistance breaking effect of the mutations and reassortments are missing. Therefore, we developed a reverse genetic system for sugar beet using a cDNA clone of BNYVV A-type. First we confirmed that our cDNA clone carrying the amino acids ALHG at AS67-70 in P25 is not able to overcome Rz1 resistance. Replacing ALHG by previously reported mutations (VLHG, VCHG, AYPR) lead to resistance breaking. The same effect was observed when RNA5 of the P-type was supplied. Additionally, a new mutation (deletion) at AS179 in P25 mediating resistance breaking was identified by deep sequencing. The results demonstrate the genome plasticity of BNYVV that allows the virus to overcome Rz1 resistance.

Weitergehende Untersuchungen zum Auftreten von Vergilbungsviren der Zuckerrübe

Wulf Menzel¹ & Mark Varrelmann²

¹Leibniz-Institut DSMZ, Inhoffenstrasse 7B, 38124 Braunschweig; ²Institut für Zuckerrübenforschung, Holtenser Landstraße 77, 37079 Göttingen

E-Mail: wulf.menzel@dsmz.de

Die im Rahmen eines durch das BMEL/BLE geförderten Projektes zur Untersuchung der Verbreitung der Vergilbungsviren der Zuckerrübe 2017 begonnenen Arbeiten wurden weiter fortgesetzt. Auch 2018 wurden insgesamt ca. 2000 Proben, davon etwa 700 aus dem europäischen Ausland und den USA, mittels ELISA auf das *Beet yellows virus* (BYV, Gattung *Closterovirus*), *Beet mosaic virus* (BtMV, Gattung *Potyvirus*) und die in Rübe vorkommenden Polorovirusarten *Beet chlorosis virus* (BChV), *Beet mild yellowing virus* (BMV) und das nur in den USA auftretende *Beet western yellows virus* (BWV) untersucht. Der Nachweis erfolgte für die Poloroviren mit einem breit reagierenden Test der alle Spezies nachweist, die spätere Identifizierung erfolgte mittels Nachtestung der ELISA positiven Proben in der RT-PCR mit abschließender Sequenzierung. Im Vergleich zum Untersuchungsjahr 2017 waren auch 2018 die Poloroviren und das BYV dominierend, dieses mal trat jedoch das BYV deutlich weniger häufig auf. Das BtMV wurde wie bereits 2017 nur selten nachgewiesen. Um mehr über die Sequenzvariabilität der Viren zu erfahren und eine breitere Basis für die Entwicklung spezifischer RT-PCR Nachweise zu erhalten, wurden ausgewählte infizierte Proben mittels Illumina Hochdurchsatzsequenzierung untersucht. Hierbei wurden für die oben genannten Rübenviren keine auffällig abweichenden Isolate gegenüber in der Genbank verfügbaren Sequenzen festgestellt. Überraschender Weise wurde in einer BChV infizierten Probe aus Frankreich das Beet oak leaf virus (BOLV, Gattung *Varicosavirus*) identifiziert, welches bisher nur aus den USA (Kalifornien) bekannt ist. Eine Überprüfung von insgesamt 180 Proben aus 2017 und 144 Proben aus 2018 zeigte, dass es nur in einer weiteren Probe vom selben Standort in Frankreich enthalten war, alle weiteren Proben waren negativ. Auffällig war noch das in zahlreichen Proben gefundene *Beta vulgaris Mitovirus*. Viren dieser

Gattung replizieren sich in Mitochondrien und galten ehemals als nur Pilze infizierend, aber in jüngster Vergangenheit sind mehrere Spezies als Pflanzenviren beschrieben worden.

Highlights aus der Virusdiagnose 2018

Heiko Ziebell

Julius Kühn-Institut, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig

E-Mail: heiko.ziebell@julius-kuehn.de

Präsentiert werden einige Ergebnisse aus den Routineuntersuchungen am JKI aus dem Bereich Gemüse und Leguminosen.

Abstracts der Posterpräsentationen

Poster Nr. 1

Tomato bushy stunt virus (TBSV) based ribonucleoproteins (RNPs) delivery in potato

Enikő Lőrincz-Besenyei

Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Braunschweig Inhoffenstr. 7B
38124 Braunschweig

E-Mail: enikoe.loerincz@julius-kuehn.de

Tomato bushy stunt virus (TBSV) based ribonucleoproteins (RNPs) delivery in potato Enikő Lőrincz-Besenyei^{1,2}, Rabih Mehdi³, Thorben Sprink², Uwe Sonnewald³ and Björn Krenz¹ ¹Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures, Braunschweig ²Julius Kühn Institute, Institute for Biosafety in Plant Biotechnology, Quedlinburg ³Friedrich-Alexander Universität Erlangen-Nürnberg, Lehrstuhl für Biochemie, Erlangen Potato (*S. tuberosum* L.) is the third most important crop in the world after wheat and rice in terms of human consumption. It is a global security food producing more food per capita than any other staple food crop. Climate change represents a big challenge for agriculture affecting also the potato production. Elevated temperatures have a negative impact on potato tuberization and starch content. A specific miRNA is potentially responsible for the regulation of tuberization under elevated temperatures by suppressing tuber formation and as a consequence, decreasing the potato yield. Genome editing via CRISPR (clustered, regularly interspaced, short palindromic repeat) /Cas9 (CRISPR associated protein 9) is a versatile and widely used technique to induce site-directed mutagenesis for crop improvement. An RNA-virus based DNA-free genome editing method is established using tomato bushy stunt virus (TBSV). Moreover, the new developed genome editing system delivers the Cas9 nuclease and the guide RNA into the cells and enables targeting of multiple genes in the same plant at the same time. This DNA-free delivery of RNPs (ribonucleoproteins) is synthesized in vitro and introduced into potato protoplasts, leaf disc or in vitro tubers. Transfected cells are regenerated to intact plants and tested for the intended mutation. This genome editing approach is a promising strategy to significantly improve potato breeding for plant adaptation to conditions of global climate change. The financial support of the Federal Ministry of Education and Research (BMBF) is acknowledged.

Poster Nr. 2

Untersuchungen zur Zelllokalisierung des RNA4-kodierten 42 kDa Proteins eines neuartigen Emaravirus in Stieleichen (*Quercus robur* L.)

Marius Rehanek, Martin Beck, Martina Bandte, Susanne von Barga, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

E-Mail: Marius-Rehanek@t-online.de

Mit Hilfe der Hochdurchsatzsequenzierung (HTS) und weiterer molekularer Verfahren konnten in erkrankten Stieleichen mit virusverdächtigen Symptomen bisher fünf Genomsegmente eines neuartigen Virus identifiziert werden. Der Nachweis aller Genomsegmente ist deutlich mit dem Auftreten chlorotischer Ringflecken an erkrankten Bäumen korreliert. Vor allem die RNA4 eignet sich als diagnostischer Marker zum Nachweis der Infektion (Rehanek et al., 2018). Sequenzähnlichkeiten der von RNA1 bis RNA4 kodierten Proteine zu anderen Vertretern der Gattung führten dazu, das Virus den Emaraviren zuzuordnen. Die Gattung umfasst Pflanzenviren mit segmentiertem Negativstrang-RNA-Genom (Mielke-Ehret und Mühlbach 2012). Um die Bedeutung des neuen Eichenvirus künftig besser einschätzen zu können, ist eine Charakterisierung des Pathogens unerlässlich. Basierend auf Sequenzähnlichkeiten wird vermutet, dass das RNA4 kodierte 42 kDa Protein als virales Transportprotein fungiert. Diesbezüglich soll mittels eines GFP-markierten Fusionskonstruktes eine

Lokalisation des 42 kDa Proteins innerhalb der Zelle vorgenommen werden. Erste Daten dazu werden vorgestellt. Literatur Mielke-Ehret N, Mühlbach H-P. (2012) Emaravirus: A Novel Genus of Multipartite, Negative Strand RNA Plant Viruses. *Viruses* 4, 1515-1536. Rehanek M, Otto F, Von Bargaen S, Bandte M, Büttner C (2018): Untersuchungen zur Verbreitung eines neuartigen Emaravirus in Sämlingen der Stieleiche (*Quercus robur* L.). In: Julius-Kühn-Archiv, Nr. 461 (2018): 61. Deutsche Pflanzenschutztagung "Herausforderung Pflanzenschutz – Wege in die Zukunft", 11. - 14. September 2018, Universität Hohenheim - Kurzfassungen der Vorträge und Poster, S. 527-528.

Poster Nr. 3

Refinement of diagnostic methods for detection of the birch virome using the example of Carla- and Badnaviruses

Kaja Pack, Maria Landgraf, Bright Opoku, Martina Bandte, Susanne von Bargaen, Artemis Rumbou, Martin Schreiner, Barbara Jäckel, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut für Agrar- und Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

E-Mail: kajapack@yahoo.de

In virological studies on virus-affected birch trees two novel viruses (from the genera Carla- and Badnavirus) were found in 2015 applying high-throughput sequencing (HTS) in birches. From previous studies it is assumed that viral infections alter predisposition of trees, reduce their vitality and can result in dieback of the tree. It is assumed that the two new viruses contribute significantly to the "birch leaf-roll disease" (BLRD). Badnaviruses are dsDNA viruses of the family Caulimoviridae, whereas Carlaviruses are (+)ssRNA viruses of the family Betaflexiviridae. In woody plants, such as poplar, the Carlavirus Poplar mosaic virus could be associated with an increased expression of leaf symptoms. The novel viruses were identified by searching the assembled contigs or scaffolds from the HTS dataset in the National Database for Biotechnology Information (NCBI) protein database. For this study, new primers were developed for specific detection of the novel Carla- and Badnavirus by RT-PCR. Overall, the Carlavirus was detected in 24 out of 130 birch leaf samples tested from various locations in Europe. For the detection of Badnaviruses two different primer pairs, which are derived from two different sequence variants of the novel Badnavirus from sites in Corsica (France) and in Berlin (Germany), were designed. In 50 of 130 leaf samples a specific fragment for Badnaviren was generated by RT-PCR. Virus variants could not be clearly assigned to an observed symptom due to the variety of symptoms at different sites. Furthermore, the distribution at other locations would have to be further investigated. The decline of virus-infected birches has been observed in Berlin for some time, but recommendations for treatment are missing.

Poster Nr. 4

New discovered viruses in declining birch

Elisha Bright Opoku, Maria Landgraf, Martina Bandte, Susanne von Bargaen, Martin Schreiner, Barbara Jäckel, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55-57, 14195 Berlin

E-Mail: brightopok@yahoo.com

Data from next generation sequencing indicate the complexity of the birch associated virome. Data based on molecular biological diagnostics (RT-PCR) of four prominent viruses from the diverse complex found in symptomatic birches in Berlin (Cherry leaf roll virus, Apple mosaic virus and Badna- and Carlavirus) are presented for the years 2015, 2016 and 2017. The symptomatology of the mixed viral infection in birch leaves is diverse as the combinations of viruses detected in birches. A correlation of symptoms and infective agent could not be achieved so far. Especially interesting for management and maintenance of urban green is the mode of virus transmission. First transmission experiments for Carla- and Badnaviruses were carried out in 2017 using biotest plants (*Chenopodium quinoa*) and

mechanical inoculation by infected leaves. Symptoms in biotest plants and RT-PCR results support a successful transmission of the Badnavirus. This led to the hypothesis that the Badnavirus found in birch are mechanically transmissible. A confirmation and repetition of mechanical transmission of the Badnavirus from birch and strain isolation is still required. To draw conclusions from the findings for the hygienic practices during tree management and maintenance of trees is too early and it needs the verification of Badnavirus pathogenicity as well as studies on the impact on urban green and forests.

Poster Nr. 5

Analyzing the subcellular distribution of Geminivirus transport proteins and the resulting consequences for virus trafficking

Andrea Franziska Bauer, Björn Krenz, Tatjana Kleinow

Universität Stuttgart, Institut für Biomaterialien und biomolekulare Systeme , Abt. Molekularbiologie u. Virologie d. Pflanzen, Pfaffenwaldring 57, 70569 Stuttgart

Email: andrea.bauer@bio.uni-stuttgart.de

Geminiviruses as bipartite single-stranded DNA (ssDNA) viruses possess seven open reading frames (ORFs) distributed on their genome. Due to their reduced genome size, they strongly rely on plant-host interactions for infection and spread. The functional details on how its movement- (MP) and nuclear shuttle (NSP) -protein (DNA-B) coordinate the viral intra- or intercellular trafficking is not yet understood in great detail. In this study, the subcellular distribution of the two transport proteins of Abutilon mosaic virus (AbMV) were investigated by fluorescence microscopic analyses in *N. benthamiana* leaf epidermal tissue. The resulting effects on the plant's endomembrane system and thus the consequences on AbMV trafficking are presented.

Poster Nr. 6

Detektion und Charakterisierung eines *Raspberry leaf mottle virus* Isolates aus Deutschland mittels Hochdurchsatzsequenzierung und RACE-PCR

Laura Binmöller, Constanze Berwarth, Kerstin Zikeli, Wilhelm Jelkmann

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Schwabenheimer Str. 101, 69221 Dossenheim

E-Mail: Wilhelm.Jelkmann@julius-kuehn.de

Doppelsträngige RNA (dsRNA) einer symptomatischen Himbeerpflanze der Sorte Polka (*Rubus idaeus*) einer Himbeerplantage aus Niedersachsen wurde positiv auf Raspberry leaf mottle virus (RLMV) getestet (RLMV CPh F/R (Tzanetakis et al. 2007). RLMV gehört zur Gattung Closterovirus (Familie Closteroviridae) und ist Teil des Himbeermosaikkomplexes (Raspberry mosaic disease). Mittels Hochdurchsatzsequenzierung (HTS) (TrueSeq RNA sample preparation kit v2, 50bp paired end reads) wurde die dsRNA Probe analysiert. Die Herstellung der cDNA-Bibliothek sowie die Sequenzierung auf einem HiSeq2000 Gerät wurden an der EMBL Genecore facility (Heidelberg) durchgeführt. Die de novo Assemblierung der HTS Rohdaten (Illumina reads) mit Trinity assembler (Grabherr et al., 2011) ergab 4364 contigs, von welchen das größte contig (17457 nt) mittels Datenbankabgleich (Blast Analyse mit der GenBank Nucleotide Datenbank, NCBI) dem Datenbankeintrag Raspberry mottle virus Isolat HCRL Glen Clova (NC_008585.1, complete genome, 17481 nt, Tzanetakis et al. 2007) zugeordnet werden konnte. Ein Alignment des RLMV-contigs mit der Genomsequenz des schottischen HCRL Glen Clova Isolates zeigte Lücken sowie Insertionen des RLMV-contigs gegenüber der Referenzsequenz (Sequenzübereinstimmung von 76 %). Diese Sequenzunterschiede sowie die 5'- und 3'-Enden des Virusisolates wurden mittels konventioneller PCR und RACE-PCR analysiert, um die Genomsequenz dieses deutschen RLMV-Isolates zu bestimmen.

Poster Nr. 7

Occurrence of plant viruses in candidate climate tolerant street tree species

Susanne von Bargaen, Martina Bandte, Marius Rehanek, Thomas Gaskin, Daniel Wersuhn, Malgorzata Rybak, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

E-Mail: susanne.von.bargaen@agrar.hu-berlin.de

Occurrence of virus-suspected leaf symptoms in climate tolerant tree species were evaluated in street trees in Hamburg during the vegetation period 2018. 865 trees of the genera Acer, Amelanchier, Betula, Fraxinus, Quercus, Sorbus and Ulmus growing as street trees in 38 locations were surveyed for virus-like symptoms during May and September. Additionally, leaf samples from individual trees exhibiting chlorotic ringspots and mottle, (serviceberry, rowan) veinbanding, leafroll (birch), chlorotic ringspots, mottle and shoestring symptoms (ash), chlorotic spots and ringspots (oak) were sampled and tested for different viruses Arabis mosaic virus (ArMV), Apple mosaic virus (ApMV), birch leaf roll-associated virus (BLRaV), a novel carlavirus identified in birch, Cherry leaf roll virus (CLRV), European mountain ash ringspot-associated emaravirus (EMARaV) and further putative novel emaraviruses by DAS-ELISA and/or RT-PCR, respectively. These viruses are frequently found in the deciduous tree species (Büttner et al. 2013) included in this study. For comparison asymptomatic trees and additional individuals with and without virus-suspected symptoms, which are cultivated as street trees in a nursery, were addressed in the survey and the virus assays. First results of the detection of different viruses are presented, as well as their distribution and abundance in investigated tree species. References: Büttner, C., von Bargaen S., Bandte, M., Mühlbach, H-P. (2013): chapter 3: Forest diseases caused by viruses. In: Infectious forest diseases. Gonthier P., Nicolotti G. (eds), CABI, 50-75.

Poster Nr. 8

Subcellular localization of *Soil-borne wheat mosaic virus* movement protein and CP-RT protein

Nico Sprotte, Claudia Janina Strauch, Sabine Bonse und Annette Niehl

Julius Kühn-Institut, Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik, Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig

E-Mail: nico.sprotte@julius-kuehn.de

Soil-borne cereal viruses cause substantial crop losses and therefore represent an extensive threat for agriculture in Europe, Asia and America. The Furovirus Soil-borne wheat mosaic virus (SBWMV) is transmitted by *Polymyxa graminis*, a plasmodiophorid which produces resting spores containing the virus. These virus-containing resting spores remain infectious in soil for many years. Thus, the only way to combat virus infection by *Polymyxa*-transmitted viruses is to grow virus resistant plants. However, the only known effective resistance locus against Furoviruses known today encodes for a translocation resistance, i.e. the virus titer is significantly reduced in the shoots of resistant plants, while the roots still become infected. The viral factors determining virus movement from the roots to the shoots and virus transmission by *Polymyxa* are likely the viral movement protein (MP) and viral coat protein – readthrough (CP-RT) protein. To better understand the process of virus movement and virus transmission, we are investigating the subcellular localizations and host interactions of these two viral factors. We expect that a better understanding of host components, with which these two viral proteins associate during infection, will help to develop targets for novel resistance strategies.

Poster Nr. 9

Herstellung von Interspezies-Rekombinanten der Zuckerrübe infizierenden Poleroviren *Beet chlorosis virus* (BChV) und *Beet mild yellowing virus* (BMYV)

Roxana Hossain, Veronika Wetzel, Ann-Christin Brenken, Edgar Maiss, Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen

Poleroviren aus der Familie der *Luteoviridae* verursachen weltweit ernstzunehmende Ertragsverluste an Kulturpflanzen. Sie werden hauptsächlich über *Myzus persicae* übertragen und sind in der Wirtspflanze auf das Phloem und die Siebelemente beschränkt. Die Viren verursachen typische Vergilbungssymptome an den Blättern. Der Wirtspflanzenkreis der zwei Zuckerrüben infizierenden Poleroviren *Beet chlorosis virus* (BChV) und *Beet mild yellowing virus* (BMV) unterscheidet sich dabei wesentlich. So stellt die experimentelle Modellpflanze *Nicotiana benthamiana* einen Wirt für BMV, nicht aber für BChV dar. Um Faktoren der Wirtsspezifität zu untersuchen, sollten rekombinante cDNA Vollängklone durch den Austausch von viralen „open reading frames“ (ORFs) beider Viren in infektiösen cDNA Klonen zur Agrobakterium vermittelten Infektion hergestellt werden. Bisherige Untersuchungen zu natürlich auftretenden Polerovirus-Rekombinanten ergaben, dass sich die Rekombinationsbruchstellen hauptsächlich im nicht-codierenden Bereich des Genoms befinden. Aufgrund dessen sollten die cDNA Klone so konstruiert werden, dass die ORFs 0-2 und ORFs 3-5 der jeweiligen Ausgangsviren im Gesamten ausgetauscht wurden. Es konnten vier Rekombinanten mithilfe von Gibson Assemblierung hergestellt werden, bei denen der Erfolg der Rekombination mittels Sanger Sequenzierung bestätigt wurde. Mithilfe der Agrobakterien vermittelten Infektion in der experimentellen Wirtspflanze *N. benthamiana* konnte gezeigt werden, dass drei der vier rekombinanten cDNA Klone 14 Tage nach Infektion in der Lage waren, im infiltrierten Bereich in den Pflanzenzellen zu replizieren und subgenomische RNA mit Hüllproteinexpression zu generieren. Infektiöse cDNA Klone des BChV und des BMV wurden als Kontrollen mitgeführt und zeigten vergleichbare Replikation im infiltrierten Gewebe. Eine systemische Ausbreitung in der Pflanze konnte für einzelne Pflanzen für alle vier Rekombinanten, BMV, nicht aber BChV, vier Wochen nach Infektion in *N. benthamiana* nachgewiesen werden. Somit konnte erstmalig gezeigt werden, dass eine systemische Ausbreitung, obwohl *N. benthamiana* eine Nicht-Wirtspflanze für BChV darstellt, durch den Austausch viraler Komponenten in den rekombinanten Viren erreicht wurde und somit eine Verschiebung des Wirtsspektrums durch den Austausch von ORFs vermutet wird. Diese Interspezies-Rekombinanten bieten die Möglichkeit, die bisher unbekannt Proteine, die die Wirtsspezifität bestimmen oder den Verlauf der Infektion sowie die Symptomausprägung beeinflussen, zu identifizieren und zu charakterisieren, um somit in Zukunft neue Kontrollstrategien in Wirtspflanzen wie die Zuckerrübe entwickeln zu können und das erworbene Wissen für die Resistenzzüchtung nutzbar zu machen.

Poster Nr. 10

The Stress Granule component G3BP – A conserved first line of defense against viruses

Hendrik Reuper, Marc Panas, Khalid Amari, Gerald McInerney, Björn Krenz

Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH

E-Mail: her17@dsMZ.de

Viruses have the ability to alter host processes to assure a productive infection by virus-host interactions to, e.g., suppress defense mechanisms such as stress granules (SGs). SGs are dynamic RNA-protein-complexes localized in the cytoplasm that rapidly form under stress conditions and disperse when ambient conditions are restored. The formation of SGs is dependent on the RNA-binding ability of the Ras-GAP SH3 domain-binding protein (G3BP). G3BP homologs can be found in plant species and G3BP-binding motifs are also present in different plant viruses. Besides that, formation, interactions and function of SGs of plants and humans share striking similarities, which suggest a conserved mechanism. We analyzed the ability of different members of the *A. thaliana* G3BP-protein family to complement human G3BP in a knock-out cell line. We could show that three AtG3BPs were able to complement the function of their human homolog, whereas three others were unable to fulfil this task. Detection of G3BP and the human SG marker proteins TIA1 and eIF4G was visualized by immunofluorescence and tested for SG formation by sodium arsenite treatment. Interaction between AtG3BPs and different SG components was also demonstrated by co-immunoprecipitation.

Detektion und phylogenetische Analyse eines putativen Emaravirus in der Blumenesche (*Fraxinus ornus* L.)

Thomas Gaskin, Susanne von Bargen, Martina Bandte, Jean-Sébastien Reynard, Jenny Roßbach, Carmen Büttner

Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung Referat 43 - Fachgebiet 2 - Phytopathologie, Beschaffenheitsprüfung Steinplatz 1, 15806 Zossen OT Wünsdorf; Humboldt Universität zu Berlin, Albrecht Daniel Thaer-Institut, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

E-Mail: thomas.gaskin@llef.brandenburg.de

Mithilfe der Hochdurchsatzsequenzierung wurde ein neuartiges Virus in der Gemeinen Esche (*Fraxinus excelsior* L.) entdeckt, welches vermutlich zur Gattung Emaravirus (Fam. Fimoviridae, Ord. Bunyavirales) gehört. Es wurde in Bäumen an Standorten in Deutschland, der Schweiz und Schweden gefunden. (Tischendorf et al., 2018). In der vorliegenden Studie wurde erstmalig mittels RT-PCR das Virus in einer zweiten Eschenart, der Blumenesche (*Fraxinus ornus* L.) detektiert. Erkrankte Bäume beider *Fraxinus*-Arten zeigten chlorotische Blattflecken und Blattverformung, wie eine Fadenblättrigkeit. Das neue Virus wurde vorläufig ash shoestring-associated virus (ASaV) benannt (von Bargen et al. 2018). Bisher wurden 5 RNA-Segmente vom ASaV identifiziert und ihnen teilweise bereits Funktionen durch Sequenzvergleiche mit anderen Emaraviren zugewiesen (von Bargen et al., 2018) Bis zu 8 Genomsegmente wurden bei anderen Vertretern der Gattung gefunden (DiBello et al., 2015, Mielke-Ehret und Mühlbach 2012). Das Ziel dieser Studie waren Untersuchungen zum Auftreten und zur Verbreitung des neuen Virus in *Fraxinus* spp. Außerdem sollten phylogenetische Information zur Sequenzdiversität des Virus an verschiedenen Standorten und in den beiden Wirtspflanzen gewonnen werden. Ergebnisse werden vorgestellt und diskutiert.

The anti *Beet necrotic yellow vein virus* resistance protein *Rz2* from *Beta vulgaris* mediates resistance in transgenic *Nicotiana benthamiana*

Veronika Wetzel, Mark Varrelmann

Institut für Zuckerrübenforschung, Abteilung Phytomedizin, Holtenser Landstr. 77, 37079 Göttingen

E-Mail: wetzel@ifz-goettingen.de

Sugar beets infected with BNYVV show a massive proliferation of rootlets, leaf vein yellowing and necrosis and can lead to 80 % sugar yield loss. Transmitted by the protist *Polymyxa betae* control of Rhizomania is achieved by using two dominant resistance genes, *Rz1* and *Rz2*. Recent studies identified *Rz2* as a classical R-gene, encoding a CC-NB-ARC-LRR protein¹. In *Rz2* breeding lines and in commercial *Rz1-Rz2* hybrids no virus content is measurable by DAS-ELISA and mRNA expression analysis indicates a constitutive expression of *Rz2* mainly in sugar beet roots. *N. benthamiana* represents an experimental systemic host for BNYVV, however, transient expression of *Rz2* together with the viral elicitor, TGB1, in leaves resulted in a cell-death resistance phenotype. For further characterization of *Rz2* mode of resistance, *Rz2* was cloned under 35S promotor into the transformation vector pBIN19 and was used for *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation of *N. benthamiana* leaflets. PCR was performed with primer specific for *Rz2* detection, 59 out of 60 T₀ plants tested positive and were used for production of T₁ generation. A total of 15 plants each from 20 T₁ lines were used for agroinfiltration with an mRFP expressing BNYVV full-length cDNA clone and three different systemic phenotypes were observed (strong necrosis, mild yellowing including mRFP expression or absence of symptoms and mRFP fluorescence). From each phenotype, 10 segregation lines were selected and T₂ was produced. After BNYVV-mRFP infection of the T₂, three lines could be selected which showed no symptoms and homozygosity was verified with kanamycin *in-vitro* selection. With this approach, an experimental heterologous plant model system was established to allow further analysis of the

resistance mode of action activated by *Rz2*, a resistance protein originating from sugar beet, in leaf tissue of the heterologous plant *N. benthamiana*.

Reference

¹Capistrano-Gossmann, G.G.; Ries, D.; Holtgrawe, D.; Minoche, A.; Kraft, T.; Frerichmann, S.L.M.; Soerensen, T.R.; Dohm, J.C.; Gonzalez, I.; Schilhable, M.; et al. Crop wild relative populations of *Beta vulgaris* allow direct mapping of agronomically important genes. *Nat. Commun.* 2017, 8, 15708.

Poster Nr. 13

Turnip mosaic virus P1 protein is a novel interaction partner of the stress granule component G3BP

Susanna Krapp, Tabata Rosas-Diaz, Johannes Keseler, Eva Greiner, Hendrik Reuper, Uwe Sonnewald, Rosa Lozano-Duran, Björn Krenz, Khalid Amari

Leibniz-Instituts DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Inhoffenstr., 7B, 38124 Braunschweig

E-Mail: khb18@dsmz.de

Members of the genus *Potyvirus* (family *Potyviridae*) belong to the picorna-like supergroup and represent one of the largest groups of plant-infecting RNA viruses. Their single-stranded RNA genome is <10 kb in size and encodes a large polyprotein comprising several proteins: P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, VPg, NIa-Pro, NIb, CP, and an additional protein, P3N-PIPO, derived by a frameshift. The P1 protease releases itself by cis cleavage at its respective C-terminus. P1 shows a great variability in length and in amino acid sequence, and its diversification in potyviral species was thus associated with host specialization. P1 contribution to virus infection is still elusive. Many functions were attributed to P1, such as cell-to-cell movement, systemic spread, RNA silencing and viral genome replication enhancement. P1 of Turnip mosaic virus (P1-TuMV) harbors an FGSF-motif and FGSL-motif at its N-terminal end. This motif is predicted to be a binding motif for the host protein G3BP, which is a key factor for stress granules (SGs) formation in the mammalian system and often targeted by viruses. This suggests that also P1-TuMV interacts with G3BP to control and regulate plant SGs to optimize cellular conditions for the production of viral proteins. P1-TuMV co-localized with AtG3BP under stress conditions and interaction was shown by co-immunoprecipitation assays, bimolecular fluorescence complementation (BiFC) experiments and fluorescence resonance energy transfer/fluorescence-lifetime imaging microscopy (FLIM-FRET). Alanine substitution mutants reveal that both motifs are necessary to target P1-TuMV into stress granules or G3BP interaction, respectively.

Poster Nr. 14

Überprüfung der Eignung des monoklonalen Antikörpers 3H8 für den serologischen Nachweis von Potyviren

Wulf Menzel¹, Stephan Winter²

¹Leibniz-Institut DSMZ, Inhoffenstrasse 7B, 38124 Braunschweig; ²Leibniz-Institut, DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Inhoffenstraße 7B, 38124 Braunschweig

E-Mail: wulf.menzel@dsmz.de

Unter den RNA-Viren stellt die Gattung *Potyvirus* die größte Gruppe dar, die bei zahlreichen Kulturpflanzen erhebliche Schäden verursacht. Einige einzelne Pflanzenarten können mit einer Vielzahl von verschiedenen Potyviren infiziert sein, insbesondere Pflanzen der Familie *Solanaceae*. Dazu gehören wichtige Kulturpflanzen wie Tomaten, Kartoffeln oder Paprika, die Wirtspflanzen für die gleiche Gruppe von Potyviren sind, wahrscheinlich aufgrund ihres gemeinsamen geografischen Ursprungs in Südamerika. Auch wenn in den letzten Jahrzehnten zahlreiche neue Nachweisverfahren für diese Viren entwickelt wurden, ist der ELISA aufgrund seiner Robustheit und Eignung für Massentestungen nach wie vor ein fester Bestandteil für einen zuverlässigen und kostengünstigen

Nachweis. Für den 1995 veröffentlichten monoklonalen Antikörper 3H8 wurde gezeigt, dass er für den Nachweis von 50 verschiedenen Arten der Gattung *Potyvirus* geeignet ist (Richter et al. 1995) und er wird seitdem noch immer häufig in der Routinetestung eingesetzt. Seit der Veröffentlichung vor mehr als 20 Jahren wurden zahlreiche neue Potyviren beschrieben. Wir haben diesen Antikörper mit den in der DSMZ-Virusammlung verfügbaren Potyvirus-Isolaten erneut überprüft. Die 54 verschiedenen Arten, die nachweisbar waren, umfassten 22 Arten, die nicht in die ursprüngliche Validierung 1995 einbezogen wurden. Für die restlichen 32 Arten konnte die Nachweisbarkeit, überwiegend mit unabhängigen Isolaten, bestätigt werden. Einschließlich aller Arten der Gattung *Potyvirus*, die in beiden Studien getestet wurden, ist die Eignung für den Nachweis nun für insgesamt 72 Arten belegt, darunter 13 Potyviren, von denen bekannt ist dass sie Tomaten infizieren. Dies verdeutlicht die hervorragende Eignung dieses Antikörpers für die Routinetestung.

Poster Nr. 15

Interference of plant viruses with aphid-induced calcium signalling in Arabidopsis

Christiane Then^{1,a}, *Geoffrey Schivre*^{2,a}, *Fanny Bellegarde*^{2,a}, *Tou-Cheu Xiong*^{2,b}, *Martin Drucker*^{1,3,b}

¹ BGPI, INRA Occitanie, Montpellier, CIRAD, SupAgro, Montpellier, France; ² BPMP, INRA Occitanie, Montpellier, CNRS, SupAgro, Université Montpellier, Montpellier, France; ³ SVQV, INRA Grand Est, Colmar, Université Strasbourg, Montpellier, France

^acontributed equally, ^bsupervised equally

E-Mail: martin.drucker@inra.fr

Aphids induce rapid calcium waves around the feeding sites that might be the first step in plant recognition of aphid feeding and subsequent eliciting of defence responses. It has recently been shown that calcium signalling is important for aphid transmission of some non-persistent plant viruses. Therefore, we wanted to know whether viral infection alters calcium signalling as visualized by propagating calcium waves. For this, we infected transgenic Arabidopsis expressing the FRET-based YC3.60 calcium reporter with two non-persistent, non-circulatively transmitted tissue generalist viruses, cauliflower mosaic virus and turnip mosaic virus, and a persistent, circulatively transmitted phloem-restricted virus, turnip yellows virus. Single aphids were placed on leaves of infected or mock-inoculated plants and calcium elevations were recorded by real time fluorescence microscopy. A preliminary analysis is presented.

References

- Gaafar, Y., S. Grausgruber-Gröger, H. Ziebell, 2016: *Vicia faba*, *V. sativa*, and *Lens culinaris* as new hosts for Pea necrotic yellow dwarf virus in Germany and Austria. *New Disease Reports* 34, 28.
- Grigoras, I., B. Gronenborn, H. J. Vetten, 2010: First report of a nanovirus disease of pea in Germany. *Plant Disease* 94, 642.
- Saucke, H., Uteau, D., Brinkmann, K., Ziebell, H. (2018): Symptomatology and yield impact of pea necrotic yellow dwarf virus (PNYDV) in faba bean (*Vicia faba* L. *minor*). *European Journal of Plant Pathology*. <https://doi.org/10.1007/s10658-018-01643-5>.
- Ziebell, H., 2017: Die Virusepidemie an Leguminosen 2016 – eine Folge des Klimawandels? *Journal für Kulturpflanzen* 69, 64-68.