

Presseinformation

Nummer 14 vom 17. November 2020

Neue Virusarten setzen Erbsen zu und stellen Diagnostiker und Anbauer vor neue Herausforderungen

JKI-Wissenschaftler schlüsseln erstmals das Virom der deutschen Erbse auf und finden unter den 35 Viren 25 Arten, die bisher in Deutschland nicht vorkamen.

Braunschweig. Wer sucht, der findet: 35 Virusspezies, darunter auch neue Arten, haben Forschende des Julius Kühn-Instituts (JKI) aus Braunschweig an Erbsen in Deutschland nachgewiesen. Angestoßen durch ein deutschlandweites Auftreten neuer Pflanzenviren an Leguminosen im Jahr 2016 begann das Team um den Pflanzenvirologen Dr. Heiko Ziebell, das so genannte Virom der Erbse, also die Gesamtheit aller an Erbsen vorkommenden Viren, genauer zu untersuchen. Sie kooperierten dazu mit Forschenden aus Neuseeland von der Universität Auckland. Insgesamt wurden in den deutschen Proben 35 Viren und 9 virusassoziierte Nukleinsäuren gefunden. Neben bereits bekannten Viren wie den ubiquitär verbreiteten Erbsen-Enation-Mosaik-Viren 1 und 2, identifizierten die Forschenden auch 25 Viren, die bislang noch nicht in Deutschland auftraten, darunter sogar komplett neue Virusspezies, die noch nicht beschrieben sind. Die Ergebnisse der Untersuchung sind jetzt im Journal „Frontiers of Microbiology“ erschienen <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.583242>

Die zu den Hülsenfrüchten zählenden Erbsen sind wegen ihres hohen Proteingehaltes eine wichtige Kultur für die menschliche und tierische Ernährung. Da sie, wie alle Leguminosen, durch die Vergesellschaftung mit speziellen Bakterien an der Wurzel Stickstoff aus der Luft binden können, sind Erbsen wichtige Haupt- und Zwischenfrüchte mit besonderer Bedeutung in den Fruchtfolgen der ökologischen Landwirtschaft. „Die vorliegende Studie ist unseres Wissens die erste ihrer Art, die das Virom einer Kulturpflanze nicht nur über mehrere Anbauperioden, sondern auch an verschiedenen geographischen Standorten untersucht“, weist Dr. Heiko Ziebell vom JKI auf eine Besonderheit hin. Unterstützt durch heimische Erbsenzüchter und Erbsenanbauer untersuchten die Wissenschaftler über einen Zeitraum von drei Jahren sechs deutsche Regionen, in denen Erbsen für unterschiedliche Zwecke angebaut werden, etwa für die Tiefkühlerbsen-Produktion, zur Saatgutgewinnung, als reine Zwischenfrüchte und zur Züchtung neuer Linien.

Mit Hilfe von Hochdurchsatzsequenzierungen gelang es, über 500 gepoolte Proben (darunter versteht man Mischproben) aus symptomatischem und nicht-symptomatischem Pflanzenmaterial sowie potenzielle Alternativwirte von Erbsenviren zu sequenzieren. „Diese Ergebnisse zeigen, wie groß die Vielfalt der Viren ist, die die Erbse befallen können. Die Mehrzahl der gefundenen Viren werden übrigens durch Blattläuse übertragen,“ berichtet Dr. Yahya Gaafar, der zu diesem Thema seine Doktorarbeit angefertigt hat. Von den neu gefundenen Viren ist den JKI-Forschern zufolge das

Pea-Associated Emaravirus von besonderem Interesse, da es mit dem Quarantänevirus „Rose-Rosette-Virus“ verwandt ist und daher eine Gefahr für den Erbsenanbau darstellen könnte. Generell bietet die Studie eine Grundlage für weitere, zielgerichtete Monitorings und hilft, den Erbsenanbau in Deutschland langfristig zu sichern. Allerdings zeigt sie auch, vor welchen Herausforderungen Diagnostik-Labore, Züchter und Anbauer stehen, wenn sie künftig ihre Bestände untersuchen und vor Viren schützen wollen. Angedacht ist zudem noch ein Vergleich des Viroms, das in Deutschland vorgefunden wurde mit dem Virom aus den neuseeländischen Proben.

Wissenschaftlicher Ansprechpartner:

Dr. Heiko Ziebell

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Institut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik

Messeweg 11-12, 38104 Braunschweig

Tel.: 0531-299-3802

Mail: heiko.ziebell@julius-kuehn.de

Herausgeber

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Pressestelle

Autorin: Stefanie Hahn, Telefon: 03946 47-105 oder 0531 299-3207, pressestelle@julius-kuehn.de

www.julius-kuehn.de/presse/, Twitterkanal: https://twitter.com/jki_bund