Express – PRA zu *Barley stripe mosaic virus* **– Auftreten –**

erstellt von: Julius Kühn-Institut, Institut für nationale und internationale Angelegenheiten der Pflanzengesundheit am: *14.08.2017*. Zuständige Mitarbeiter: Dr. Annette Niehl, Dr. Silke Steinmöller

Anlass: Nachweis des Virus an einer Getreidemischprobe in Bayern

Express-Risikoanalyse (PRA)	***Schadorganismus***		
Phytosanitäres Risiko für DE	**hoch** ☐	**mittel** ☐	**niedrig** ☒
Phytosanitäres Risiko für EU-MS	**hoch** ☐	**mittel** ☐	**niedrig** ☒
Sicherheit der Einschätzung	**hoch** ☐	**mittel** ☒	**niedrig** ☐
Fazit	Das ursprünglich in den USA festgestellte *Barley stripe mosaic virus* (BSMV) wurde bisher nicht aus Deutschland beschrieben, kommt in verschiedenen Mitgliedsstaaten der EU jedoch bereits vor. Es ist nicht in den Anhängen der RL 2000/29/EG gelistet und wurde im Jahr 1999 von der A2-Liste der EPPO gestrichen. BSMV befällt hauptsächlich Gerste und vermehrt auch Weizen. Es ist anzunehmen, dass sich BSMV aufgrund geeigneter Klimabedingungen in Deutschland im Freiland ansiedeln kann. Eine Ansiedlung in anderen EU-Mitgliedstaaten ist ebenfalls möglich und teilweise bereits mit begrenzter Verbreitung erfolgt. Gegebenenfalls können durch BSMV größere Schäden verursacht werden, insgesamt hat das Virus jedoch kaum ökonomische Bedeutung. Aufgrund dieser Risikoanalyse besteht Anlass zur Annahme, dass sich *Barley stripe mosaic virus* in Deutschland oder einem anderen Mitgliedstaat, in dem es bisher nicht vorkommt, ansiedeln kann und gegebenenfalls zu Schäden führen kann. Grundsätzlich sollten infizierte Pflanzen vernichtet und das Saatgut befallener Partien nicht in Verkehr gebracht werden.		
Taxonomie	Familie : Virgaviridae, Genus: Hordeivirus, Name: Barley stripe mosaic virus		
Trivialname	Barley false stripe virus, barley mild stripe virus, oat stripe mosaic virus, Streifenmosaikvirus Gerste.		
Synonyme	Barley stripe mosaic hordeivirus		
Liegt bereits PRA mit übertragbaren Aussagen vor?	Nein		
Biologie	RNA Virus mit drei genomischen RNAs umhüllt von Hüllprotein, stäbchenförmig; Die Übertragung erfolgt durch Saatgut, ist aber auch mechanisch übertragbar. Symptome sind bei höheren Temperaturen stärker ausgeprägt. Innerhalb der Samen wird das Virus nicht durch Lagerung und Hitze inaktiviert [1]. Im Feld wird das Virus hauptsächlich durch Kontakt der Blätter zwischen kranken und gesunden Pflanzen übertragen. Eine Übertragung durch Pollen konnte nicht experimentell bestätigt werden [2]. Die Infektion mit BSMV inhibiert die Seneszenz der Blätter und die Chlorophyllbiosynthese [3]. BSMV Infektion hemmt außerdem die Entwicklung von Chloroplasten und des Photosyntheseapparats [4, 5].		

Express-Risikoanalyse (PRA)	*Schadorganismus*
Ist der SO ein Vektor?	Nein
Benötigt der SO einen Vektor?	Nein
Wirtspflanzen	Hauptwirte: Gerste (*Hordeum vulgare*) und Weizen (*Triticum* L.). Selten Hafer (*Avena sativa*) [2, 6-8] Artifiziell infizierbare Wirte: Mais (*Zea mais*), *Brachypodium*, Spinat (*Spinacia oleracea*), *Nicotiana tabacum* , *Chenopodium* spp., Rübe (*Beta Vulgaris*), Poaceae [2, 9-11] (http://sdb.im.ac.cn/vide/descr061.htm)
Symptome	Symptome sind gelbe bis weiße Streifen oder Flecken, Blattmosaik, Blattnekrose und Verzwergung. Samen BSMV-infizierter Pflanzen sind klein und verschrumpelt [12]. Die Anzahl der Körner pro Ähre, Anzahl der Ähren und Körnergewicht sind in infizierten Pflanzen geringer als in gesunden [12].
Vorkommen der Wirts-pflanzen in DE	Gerste und Weizen sind Hauptanbaugetreide in Deutschland. Im Jahr 2016 wurden auf insgesamt 1.618.000 ha Gerste und auf 3.216.000 ha Weizen angebaut [13].
Vorkommen der Wirts-pflanzen in den MS	Gerste und Weizen sind Hauptanbaugetreide in Mitteleuropa. Insgesamt wurden in 2016 in der EU auf 26.898.000 ha Weizen und auf 12.332.000 ha Gerste angebaut. Haupterzeugungsländer sind hier vor allem Frankreich, Polen, Rumänien, Spanien und UK [13].
Bekannte Befallsgebiete	Das Virus tritt weltweit auf [6, 7, 14]. In Europa ist es in Russland, Rumänien, Griechenland, Türkei, Ungarn, Moldavien, Polen, Schweiz, Serbien, Slovakei, Slovenien, Schweiz und Ukraine präsent, meistens mit begrenzter Verbreitung. Bulgarien, Tschechische Republik, Dänemark und Portugal geben die Präsenz von BSMV mit wenigen Vorkommen an. In Deutschland ist bisher kein Auftreten bekannt. (https://gd.eppo.int/taxon/BSMV00/distribution)
Ein- oder Verschleppungswege	Da das Virus samenübertragbar ist, ist eine Verschleppung über infiziertes Saatgut am wahrscheinlichsten. Handel mit infizierten Pflanzen kann ebenfalls zu einer Verschleppung führen.
natürliche Ausbreitung	Die natürliche Ausbreitung erfolgt durch die Vermehrung von infiziertem Saatgut sowie den Kontakt zwischen gesunden und erkrankten Pflanzen im Feld.
Erwartete Ansiedlung und Ausbreitung in DE	Risiko einer Ansiedlung in Deutschland ist bei unkontrolliertem Saatgut hoch.
Erwartete Ansiedlung und Ausbreitung in den MS	Das Virus ist bereits in vielen MS vorkommend, jedoch überwiegend mit begrenzter Verbreitung.
Bekannte Schäden in Befallsgebieten	Feldversuche in Deutschland und Wales ergaben bis zu 60% Ertragsverlust (Quelle gibt kein Datum an) [1]. In Weizen kann BSMV zu 40-75 % Ertragsverlust führen [1] (Quelle gibt kein Datum an). In den USA war BSMV in den Staaten Montana and North Dakota ökonomisch von Bedeutung [15]. In Rumänien trat 1967 ein Verlust von 16-27% auf [1]. In Polen wurde BSMV zwischen 2001 und 2005 eingehend untersucht [13]. BSMV wurde in 12 Gerstenkultivaren aus 37 und in 35 von 105 Zuchtlinien nachgewiesen. In Korea wurde BSMV in 26% der Getesteten Flächen detektiert [16]. Trotz der möglichen Schäden hat BSMV derzeit keine ökonomische

Express-Risikoanalyse (PRA)	*Schadorganismus*
	Bedeutung in den Befallsländern.
Eingrenzung des gefährdeten Gebietes in DE	Aufgrund des verbreiteten Anbaus der Wirtspflanzen ist eine Eingrenzung des gefährdeten Gebietes nicht möglich.
Erwartete Schäden in gefährdetem Gebiet in DE	Passende klimatische Bedingungen und anfällige Genotypen ermöglichen das Auftreten von BSMV. In infizierten Samen kann das Virus mehrere Jahre überdauern.
Erwartete Schäden in gefährdetem Gebiet in MS	Siehe oben
Bekämpfbarkeit und Gegenmaßnahmen	Anwendung virusfreien Saatgutes (serologische und molekularbiologische Testmethoden vorhanden [13, 17-19]. Eindämmung der Ausbreitung mit Hilfe von Sterilisation von Geräten und Maschinen und eingeschränkter Begehung infizierter Flächen. Entfernung und Vernichtung virusinfizierter Pflanzen und von infiziertem Saatgut.
Nachweisbarkeit und Diagnose	Serologischer Nachweis mittels ELISA,PCR-basierter Nachweis [14, 17, 18]. Ausschließliche visuelle Inspektion ist aufgrund der möglichen Latenz nicht ratsam.
Bemerkungen	1. Die EPPO nahm BSMV 1983 in die A2 Liste auf und Empfahl 1991 die Testung von Saatgut, um virusfreie Pflanzen anzubauen. 1999 wurde das Virus von der A2 Liste gestrichen. 2. BSMV wird in der Pflanzenforschung aktiv als Werkzeug zur Genanalyse eingesetzt [10] 3. Resistenzgene sind bekannt [20] 4. BSMV ist nur in einzelnen Ländern als Quarantäneschadorganismus gelistet https://gd.eppo.int/taxon/BSMV00/categorization
Literatur	1. EPPO List A2 Data sheets on quarantine organisms, E.a.M.p.p. organization, Editor. 1981. 2. Jackson, A.O., et al., Hordeivirus Replication, Movement, and Pathogenesis. Annual Review of Phytopathology, 2009. 47(1): p. 385-422. 3. Almási, A., et al., BSMV infection inhibits chlorophyll biosynthesis in barley plants. Physiological and Molecular Plant Pathology, 2000. 56(6): p. 227-233. 4. Harsányi, A., et al., Abnormal etioplast development in barley seedlings infected with BSMV by seed transmission. Physiologia Plantarum, 2002. 114(1): p. 149-155. 5. Harsányi, A., et al., Pathogen affected greening process of barley seedlings infected with BSMV by seed transmission. Cereal Research Communications, 2005. 33(1): p. 209-211. 6. Koklu, G., Occurrence of cereal viruses on wheat in Tekirdag, Turkey. Phytoprotection, 2004. 85: p. 19-25 7. Koklu, G., Incidence of cereal viruses on winter barley grown in Tekirdag, Turkey Cereal research communications, 2004. 32 p. 61-68

8. Mesterházy, A., et al., Multiple virus infection of wheat in South Hungary. Cereal Research Communications, 2002. 30: p. 329-334

9. Jackson, A.O. and L.C. Lane, Hordeiviruses. , in Handbook of Plant Virus Infections and Comparative Diagnosis., E. Kurstak, Editor. 1981, Elsevier: Amsterdam. p. 565-625.

10. Lee, W.-S., K.E. Hammond-Kosack, and K. Kanyuka, Barley Stripe Mosaic Virus-Mediated Tools for Investigating Gene Function in Cereal Plants and Their Pathogens: Virus-Induced Gene Silencing, Host-Mediated Gene Silencing, and Virus-Mediated Overexpression of Heterologous Protein. Plant Physiology, 2012. 160(2): p. 582-590.

11. Available from: https://gd.eppo.int/taxon/BSMV00/hosts.

12. Platz, G., D. Persley, and Plant Health Australia, Grains Industry Biosecurity Plan. Threat Specific Contingency Plan. Barley Stripe Mosaic Virus, P.H. Australia, Editor. 2009.

13. AMI Markt Bilanz Getreide · Ölsaaten · Futtermittel 2017. Hrsg. Agrarmarkt Informations-Gesellschaft mbH, Dreizehnmorgenweg 10, 53175 Bonn

14. Zarzynska, A., et al., Development of a one-step immunocapture real-time RT-PCR assay for the detection of barley stripe mosaic virus strains in barley seedlings Acta Virologica, 2014. 58: p. 81-85.

15. Carroll, T.W., Certification schemes against barley stripe mosaic. Seed Science and Technology, 1981. 11: p. 1033-1042.

16. Lim, J.-J., et al., 2015 Nationwide Survey Revealed Barley stripe mosaic virus in Korean Barley Fields Journal of the Faculty of Agriculture Kyushu University, 2016. 61: p. 71-77.

17. Huth, W., Use of ELISA for detection of barley stripe mosaic virus in barley seeds. Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes, 1988. 40(8-9): p. 128-132.

18. Lister, R.M., T.W. Carroll, and S.K. Zaske, Sensitive serologic detection of barley stripe mosaic virus in barley seed. Plant Disease, 1981. 65(10): p. 809-814.

19. Phytosanitary procedures. Barley stripe mosaic hordeivirus. Inspection and test methods for barley seeds. PM 3/34(1) English.

20. Cui, Y., et al., Fine Mapping of the Bsr1 Barley Stripe Mosaic Virus Resistance Gene in the Model Grass *Brachypodium distachyon*. PLOS ONE, 2012. 7(6): p. e38333.