

Molekulare Nahrungsanalyse bei der invasiven Kirschessigfliege, *Drosophila suzukii*

Molecular diet analysis of the invasive Spotted Wing *Drosophila*, *Drosophila suzukii*

Felix Briem¹, Christiane Zeisler², Yasemine Günay^{2,3}, Karin Staudacher², Michael Traugott², Heidrun Vogt¹

¹ Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Obst- und Weinbau, Dossenheim

² Institut für Ökologie, Universität Innsbruck, Innsbruck, Österreich

Hintergrund Die invasive Kirschessigfliege, *Drosophila suzukii* (Diptera: Drosophilidae), hat sich im letzten Jahrzehnt als größter Schädling des europäischen und amerikanischen Stein- und Beerenobstanbaus herauskristallisiert. Als äußerst polyphages Insekt nutzt es zahlreiche kultivierte wie auch wildwachsende Wirtspflanzen. Das Wissen über das Nahrungsspektrum basiert vorwiegend auf Laborstudien. Studien zur Nahrungsaufnahme im Freiland sind sehr rar. Da *D. suzukii* ihre Nahrung tupfend-saugend in flüssiger Form aufnimmt, ist es unmöglich, aufgenommene Nahrungspartikel mikroskopisch zu bestimmen. Molekulare Techniken, wie z.B. diagnostische PCR und Metabarcoding/Next Generation Sequencing, bieten hier ein geeignetes Werkzeug, um ein größeres Wissen über das Nahrungsspektrum zu erhalten und sollen zukünftig helfen, wichtige Nahrungsquellen für *D. suzukii* zu erkennen und darauf basierend Gegenmaßnahmen zu entwickeln.

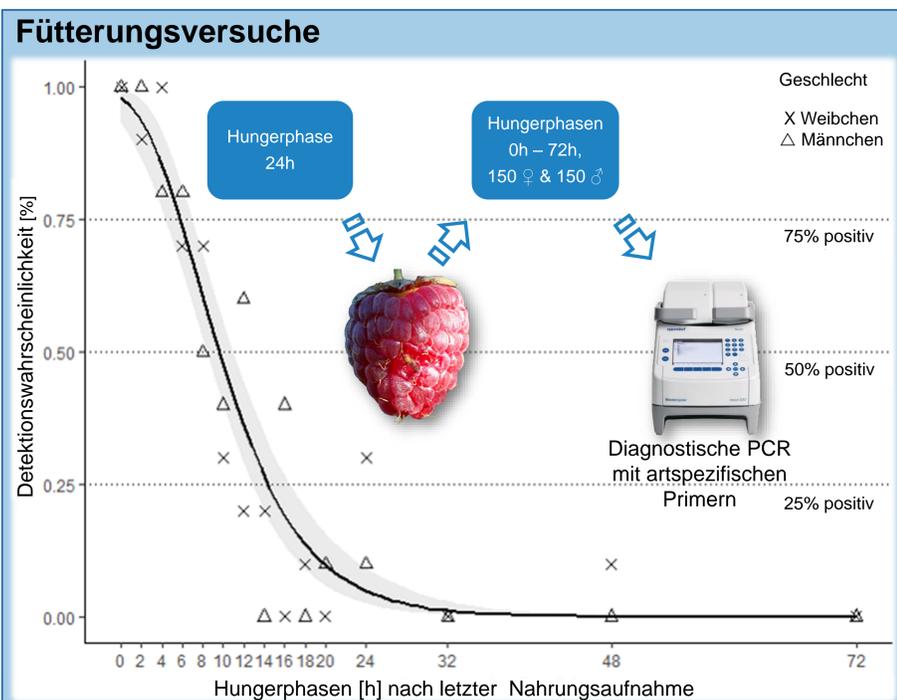
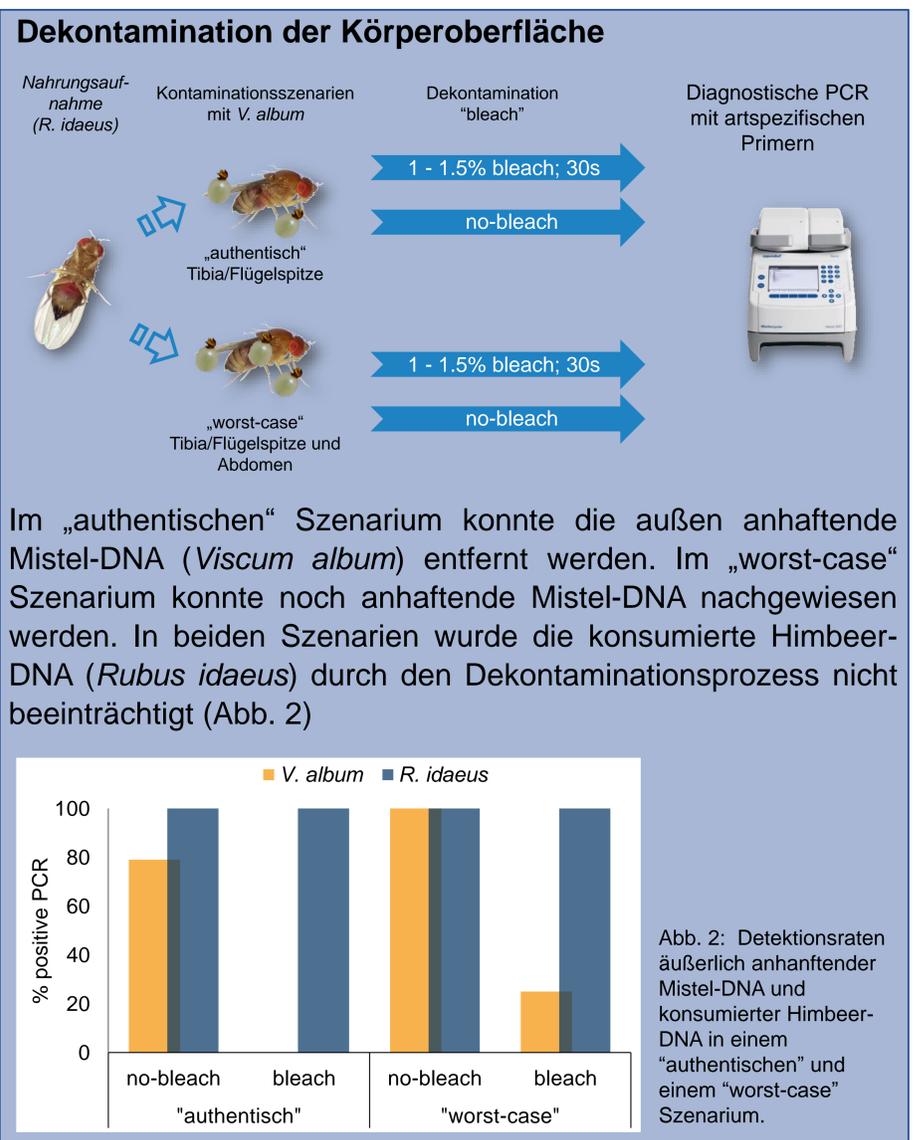


Abb. 1: Detektierte Pflanzen-DNA in Ganzkörperextrakten weiblicher (x) und männlicher (Δ), mit Himbeere gefütterter *D. suzukii*, 0 – 72 h nach der letzten Fraßaufnahme. Die Zeitpunkte der 25, 50 und 75 % Detektionswahrscheinlichkeit sind als gestrichelte Linie dargestellt. Je Zeitpunkt und Geschlecht wurden 10 Individuen getestet.

Konsumierte Himbeer-DNA konnte bei Männchen bis zu 24 h und bei Weibchen zu bis 48 h nach der letzten Nahrungsaufnahme nachgewiesen werden (Abb. 1). Ein signifikant negativer Effekt der Zeit auf die konsumierte Himbeer-DNA wurde festgestellt (Pseudo $R^2 = 46.9$, $p < 0.05$). Es besteht kein signifikanter Unterschied hinsichtlich der Verdauraten von Männchen und Weibchen.



Next-Generation Sequencing an Freiland-Tieren

#	bleach	<i>Rubus idaeus</i>	<i>Rosaceae</i>	<i>Prunus spp.</i>	<i>Pinus spp.</i>	<i>Urtica dioica</i>	<i>Polygonum humifusum</i>
a14	Ja	14.14	85.12				
a26	Ja	92.40	7.39				
a22	Nein	98.48	1.40				
a23	Nein	84.86			14.22		
a39	Nein	95.71				1.09	1.92
a41	Nein	96.63			1.29		

Tab. 1: Prozent der erhaltenen Sequenzen von Freilandtieren, die mehr als ein Taxa im Next-Generation Sequencing-Lauf angezeigt haben.

In Herbst-Himbeeren des JKI Dossenheim wurden 20 männliche und 20 weibliche *D. suzukii* abgesammelt und optisch auf aufgenommene Himbeere (rotes Abdomen) kontrolliert. Je Geschlecht wurde die Hälfte der Tiere anschließend von äußerlich anhaftender DNA gereinigt, wohingegen die andere Hälfte unbehandelt weiter verarbeitet wurde.

In 85 % der beprobten Individuen wurde nur Himbeere detektiert. In den restlichen 15 % wurden ein bis zwei weitere Taxa festgestellt (Tab. 1).

Zusammenfassung/Ausblick Wir konnten erstmals zeigen, dass von *D. suzukii* konsumierte Pflanzen-DNA mithilfe molekularer Techniken nachweisbar ist. Die DNA war bis maximal 48 h nach der letzten Fraßaufnahme nachweisbar. Äußerlich anhaftende DNA konnte, ohne konsumierte DNA zu beeinflussen, entfernt werden. Wir empfehlen diesen Schritt für Freilandtiere, um Fehlbestimmungen und somit Falschinterpretationen durch äußerlich anhaftende DNA zu vermeiden. Die entwickelte Methode kann zukünftig zum besseren Verständnis der Nahrungsökologie von *D. suzukii* genutzt werden. Das Wissen über die Nahrungsaufnahme von *D. suzukii* kann bei der Entwicklung von Bekämpfungsverfahren helfen.

