

are F120L, Y131F/H, K142R, I145F and I475T. Some of these mutations have already been found in combinations while others occur primarily alone (Schmitz et al., 2014). In order to classify the different haplotypes in their performance, single spore isolates of *P. pachyrhizi* were obtained for the first time. Such isolates with different accumulations of point mutations are the basis for the following research. The single spore isolates were tested in detached leaf tests for their sensitivity to gain a better understanding of how the prior mentioned mutations affect sensitivity to DMIs. Additionally, genetic studies were carried out by cloning and sequencing of the *CYP51* to determine whether the mutations occur in combinations on one strand or separately. The data also indicate that the isolates might be equipped with different types of *CYP51*, enabling the isolates to survive under variable environmental conditions (e.g. with or without DMI selection pressure).

#### Literatur

- GODOY, C. V., SEIXAS, C. D. S., SOARES, R. M., MARCELINO-GUIMARÃES, F. C., MEYER, M. C., COSTAMILAN, L. M. (2016). ASIAN SOYBEAN RUST IN BRAZIL: PAST, PRESENT, AND FUTURE. PESQUI AGROPECU BRAS, 51(5), 407-421.
- SCHMITZ, H. K., MEDEIROS, C. A., CRAIG, I. R., STAMMLER, G. (2014). SENSITIVITY OF PHAKOPSORA PACHYRHIZI TOWARDS QUINONE-OUTSIDE-INHIBITORS AND DEMETHYLATION-INHIBITORS, AND CORRESPONDING RESISTANCE MECHANISMS. PEST MANAG SCI, 70(3), 378-388.

### **15-5 - Standardisierte bioinformatische Verfahren in der Auswertung von Genomsequenzierungen des Apfelwickler-Granulovirus erlauben die Identifizierung von homo-, heterogenen und gemischten Isolaten**

*Standardized bioinformatic workflows in the analysis of genome sequenced isolates of the *Cydia pomonella granulovirus* allow the deciphering of their genetic compositions*

**Jörg T. Wennmann, Jiangbin Fan, Johannes A. Jehle**

Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Heinrichstraße 243, 64287 Darmstadt

Als eines der erfolgreichsten biologischen Präparate zur Bekämpfung des Apfelwicklers, *Cydia pomonella* (L.), wird das Apfelwickler-Granulovirus, *Cydia pomonella granulovirus* (CpGV), im ökologischen und integrierten Kernobstanbau eingesetzt. Der Einsatz im Kernobstanbau wird jedoch beeinflusst durch das Auftreten von resistenten bzw. minderempfindlichen Feldpopulationen des Apfelwicklers gegenüber im Einsatz befindlichen CpGV-Isolaten. Auf der Suche nach neuen Isolaten mit resistenzbrechenden Eigenschaften kommen verstärkt moderne Technologien der Genomsequenzierung zum Einsatz, um die genotypische Zusammensetzung von Isolaten zu entschlüsseln. Insbesondere die Nanopore-Technologie bietet dazu eine schnelle und einfach zu handhabende Methode. Die Auswertung der Daten der Sequenzierung erfolgt dabei mittels standardisierter bioinformatischer Verfahren, welche eine schnelle und zuverlässige Bestimmung der Zusammensetzung von Isolaten ermöglichen. Zur Charakterisierung der Zusammensetzung eines Isolates eignen sich besonders Positionen von Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNPs), welche verteilt über das ganze CpGV-Genom als spezifische Marker zur Identifizierung herangezogen werden können. Durch die Positionen und Häufigkeiten von isolatspezifischen SNPs in den Sequenzdaten lassen sich bekannte von neuen Isolaten unterscheiden sowie Aussagen über die Homo- sowie Heterogenität eines Isolates treffen. Eine große Herausforderung stellt die Bestimmung von SNP-Spezifitäten über mehrere sequenzierte CpGV-Isolate dar, weil spezifische SNP-Positionen über Isolate mit unterschiedlicher Genomlänge hinweg gültig bleiben müssen. In einem neu entwickelten und standardisierten Verfahren zur Bestimmung von isolatspezifischen Positionen wurde die Analyse zur Identifizierung von homo- und heterogenen Isolaten sowie Mischungen in Verbindung mit der Nanopore-Technologie für das CpGV erprobt.