

N. A. Gund ^{1,2}, S. Asser ³, J. A. Jehle ³, A. Reineke ⁴, D. G. Heckel ¹, C. P. W. Zebitz ²

1 Max Planck Institut für chemische Ökologie, Abteilung Entomologie, 07745 Jena;
 2 Universität Hohenheim, Institut für Phytomedizin, Abteilung Angewandte Entomologie, 70599 Stuttgart;
 3 Dienstleistungszentrum Ländlicher Raum – Rheinpfalz, Biotechnologischer Pflanzenschutz, 67435 Neustadt;
 4 Forschungsanstalt Geisenheim, Fachgebiet Phytomedizin, 65366 Geisenheim

Einleitung:

Seit 2003 sind in Deutschland und Frankreich mehrere Apfelwickler-Populationen beobachtet worden, die eine bis zu 1.000-fach reduzierte Empfindlichkeit gegenüber dem Granulovirus CpGV-M aufweisen. Die Kontrolle des Apfelwicklers durch dieses Virus ist daher in den betroffenen Betrieben erheblich erschwert (FRITSCH et al. 2005, SAUPHANOR et al. 2006). Eine Ausbreitung dieses Resistenz-Phänomens würde eine ernste Bedrohung einer effizienten Kontrolle des Apfelwicklers im ökologischen Apfelanbau darstellen, da ohne ausreichende Apfelwickler-Kontrolle erhebliche Ernteverluste zu verzeichnen sind.

Zielsetzung:

Ziel des Projektes ist es, mittels Massenkreuzungs-experimenten zwischen einem empfindlichen (CpS) und einem resistenten (CpR) Laborstamm Informationen zum Erbgang der CpGV-Resistenz zu erhalten. Anschließend Einzelpaarkreuzungen bilden die Grundlage für genetische Kartierungen, anhand derer beteiligte Genloci gefunden werden sollen, die einerseits Aufschluss hinsichtlich möglicher Resistenzmechanismen geben könnten. Andererseits könnten sie die Entwicklung von molekularen Markern für die Resistenz erlauben, die für ein Screening von Apfelwickler-Populationen eingesetzt werden könnten.

Einzelpaarkreuzungen

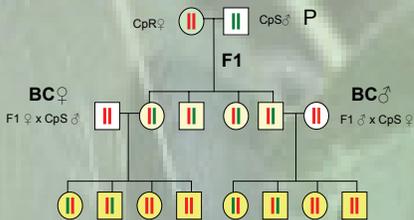


Abb. 1: Kreuzungsschema der Einzelpaarkreuzungen. P: Parentalgeneration, F1: Nachkommen aus der Kreuzung zwischen den beiden Elternstämmen CpR und CpS, BC: weiblich- bzw. männlich-informative Rückkreuzung.

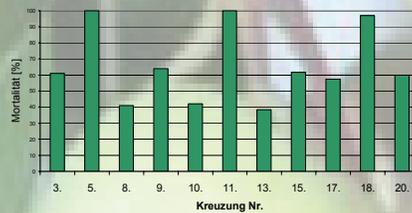


Abb. 2: Mortalitäten der F1-Generation verschiedener Einzelpaarkreuzungen (3-20). Zwischen CpR und CpS wurden Einzelpaarkreuzungen vorgenommen und die Nachkommen anhand einer diskriminierenden CpGV Konzentration auf ihre CpGV-Empfindlichkeit im 7-Tage-Bioassay getestet.

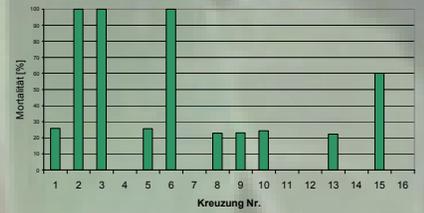


Abb. 3: Mortalitäten der F1-Generation verschiedener Einzelpaarkreuzungen (1-16). Um die Homogenität des Stammes CpR zu prüfen, wurden Einzelpaarkreuzungen innerhalb von CpR vorgenommen und die Nachkommen anhand einer diskriminierenden CpGV-Konzentration auf ihre Empfindlichkeit im 7-Tage-Bioassay getestet.

Nachdem Massenkreuzungen gezeigt hatten, dass die CpGV-Resistenz **polygen, nicht additiv, autosomal und unvollständig dominant** vererbt wird (EBERLE und JEHL, 2006), werden Einzelpaarkreuzungen nach dem Schema der Abb. 1 vorgenommen.

Die Mortalitäten variierten zwischen 38,3% und 100%.

Dies ist ein Hinweis darauf, dass der resistente Stamm (CpR) **genetisch nicht homogen** ist.

Die Mortalitäten variierten zwischen 0% und 100%. Dies bedeutet, dass der resistente Stamm CpR tatsächlich nicht homogen ist.

F1 Familien mit 0% Mortalität werden weiter vermehrt, um einen homogen resistenten Stamm aufzubauen.

Genetische Untersuchungen:

Zur Identifizierung möglicher genetischer Mechanismen, die an der Ausbildung der CpGV-Resistenz beteiligt sind, wird eine Kopplungsanalyse mit Hilfe von AFLP-(amplified fragment length polymorphism) Markern durchgeführt. Sind diese Loci identifiziert, werden sie isoliert und sequenziert, wodurch Hinweise auf beteiligte Resistenzmechanismen gewonnen werden können.

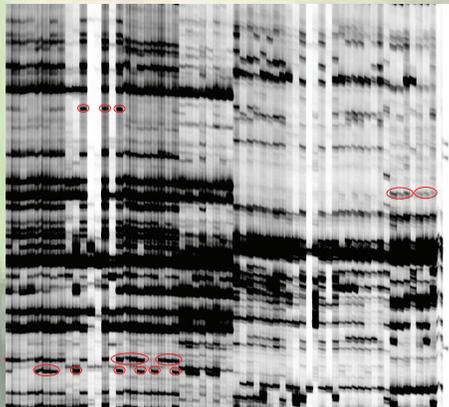


Abb. 4: Ausschnitt aus einem AFLP-Gel. Zwei verschiedene Primerkombinationen (Mse-CAC + Eco-ATG (links) und Mse-CTG + Eco-AAG (rechts)) wurden aufgetragen. Beispiele für polymorphe Banden sind gekennzeichnet.

Populationsgenetische Untersuchungen mit Hilfe von **Mikrosatelliten** werden Aufschluss über die genetische Struktur unterschiedlicher Apfelwickler-Populationen sowie Hinweise auf eine Ausbreitung resistenter Tiere geben.

Eine **cDNA-AFLP**-Analyse soll weiterhin Aufschluss über die Unterscheide der Expressionsstärke bestimmter Gene bei empfindlichen und resistenten Tieren geben. Eventuell bestehende Sequenzhomologien können Hinweise auf die funktionelle Bedeutung der Gene geben.

Danksagung

Die Arbeit wird finanziell unterstützt von der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (Projekt 05OE023/1).

Weitere Projektpartner sind: Institut für biologischen Pflanzenschutz der BBA in Darmstadt und die Fördergemeinschaft ökologischer Obstbau.

Literatur:

Eberle K.E., Jehle J.A. (2006): Field resistance of codling moth against *Cydia pomonella* Granulovirus (CpGV) is autosomal and incompletely inherited. J. Invertebrate Pathol. 93, 201-206.

Fritsch E., Undorf-Spahn K., Kienzle J., Zebitz C.P.W., Huber J. (2005): Apfelwickler-Granulovirus: Erste Hinweise auf Unterschiede in der Empfindlichkeit lokaler Apfelwicklerpopulationen. Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes 57, 29-34.

Sauphanor B., Berling M., Toubon J.-F., Reyes M., Delnatte J., Allemoz P., (2006): Carpopace des pommes. Cas de résistance au virus de la granulose en vergers biologique. Phytoma – La Défense des Végétaux 590, 24-27.