



Die Nahrungsökologie der Kirschessigfliege – Identifizierung pflanzlicher DNA mittels molekularer Methoden



Christiane Zeisler, Felix Briem, Karin Staudacher, Michael Traugott

FZ Berglandwirtschaft, Institut für Ökologie, Universität Innsbruck, Technikerstr. 25, 6020 Innsbruck

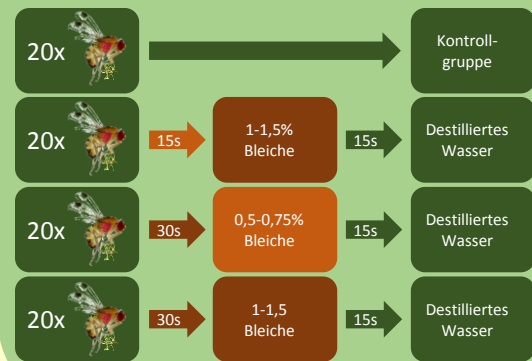
Hintergrund: Die Kirschessigfliege *Drosophila suzukii* (Matsumura, 1931) ist seit ihrer Einwanderung nach Europa im Jahre 2008 zu einem bedeutenden Schädling im Obstbau geworden. Durch einen speziellen Legeapparat ist sie in der Lage, vor allem gesunde reife Früchte zu befallen. Zudem überwintert *D. suzukii* in frostfreien Unterschlüpfen und kann sich somit im Frühjahr rasch ausbreiten. Um wirkungsvolle Bekämpfungsstrategien entwickeln zu können ist es wichtig, das Wirtspflanzenspektrum genau zu kennen.

Fragestellung 1: Ist es möglich, teilweise verdaute Pflanzen-DNA im Verdauungstrakt der Tiere zu detektieren? Über welchen Zeitraum ist ein Nachweis bestimmter Pflanzen möglich?

Um diese Fragen zu beantworten wurden Tiere mit Himbeere gefüttert und nach unterschiedlichen Zeitstufen auf Pflanzen-DNA untersucht. Zusätzlich wurden alle Tiere an ihren Extremitäten mit Misteln kontaminiert (→ Fragestellung 2).



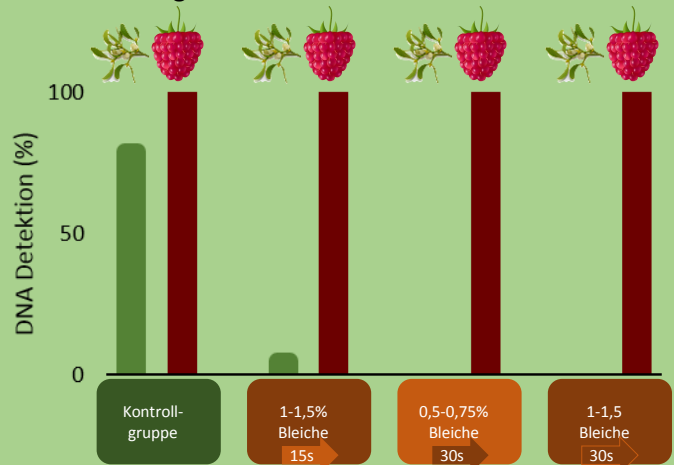
Fragestellung 2: Kann eine Detektion von außen anhaftender DNA durch ein Waschen der Tiere mit Bleichmittel vermieden werden?



Ergebnisse 1: Mittels spezifischer Primer konnte Himbeer-DNA aus den Ganzkörper-Extrakten der Fliegen bis 48 Stunden nach der Nahrungsaufnahme nachgewiesen werden.



Ergebnisse 2: Die äußerliche Kontamination mit Misteln konnte mit erhöhter Bleiche-Konzentration beseitigt werden.



Ausblick: die Amplifikation von pflanzlicher DNA im Darmtrakt von *D. suzukii* war erfolgreich. Die Nachweisbarkeit bis zu 48 Stunden nach dem Zeitpunkt der Nahrungsaufnahme nimmt jedoch kontinuierlich ab, weshalb für die Arbeit im Freiland empfohlen wird, die Tiere früh am Tag unmittelbar nach der Nahrungsaufnahme zu sammeln. Durch das „Waschen“ der Tiere können Kontaminationen und somit falsch positive Nachweise verhindert werden, was für eine Anwendung mit Freilandproben in Hinsicht auf den nächsten Schritt – die Identifizierung von alternativer Nahrung im Feld mittels Next generation sequencing – von großer Bedeutung ist.

