

Metabarcoding als erweiterte Datenquelle für die Erhebung der Schadinsektendiversität sowie ihrer Antagonisten im Raps

Niels Lettow*, Theresa Kabakeris, Sandra Krenzel-Horney, Jürgen Schwarz, Tanja Rottstock

Julius Kühn-Institut (JKI), Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

Institut für Strategien und Folgenabschätzung, Kleinmachnow

* niels.lettow@julius-kuehn.de

EINLEITUNG UND ZIELE

Im Rahmen des Projektes *Monitoring der biologischen Vielfalt in Agrarlandschaften (MonViA)* werden im Modul *Schaderreger* Ansätze zur Erfassung von Schädlings-Nützlings-Interaktionen geprüft. Hierbei liegt der Fokus auf Schaderregern und Gegenspielern in wichtigen Ackerkulturen, insbesondere im Raps. 2024 wurden hierfür 12 Auffangschalenproben vom JKI-Versuchsfeld Dahnsdorf (Brandenburg) per Metabarcoding analysiert. Ziel war es, den Mehrwert dieser Methode gegenüber klassischen Bestimmungsverfahren zu prüfen.

PROBENAHEME

- Zeitraum: 27. Mai – 11. Juni 2024 (BBCH 69–75)
- Kultur: Sommerraps
- 3 Termine à 4 Mischproben
- Isolation Larven *Brassicogethes aeneus*
- DNA-Reinigung der Larven mit Natriumhypochlorit

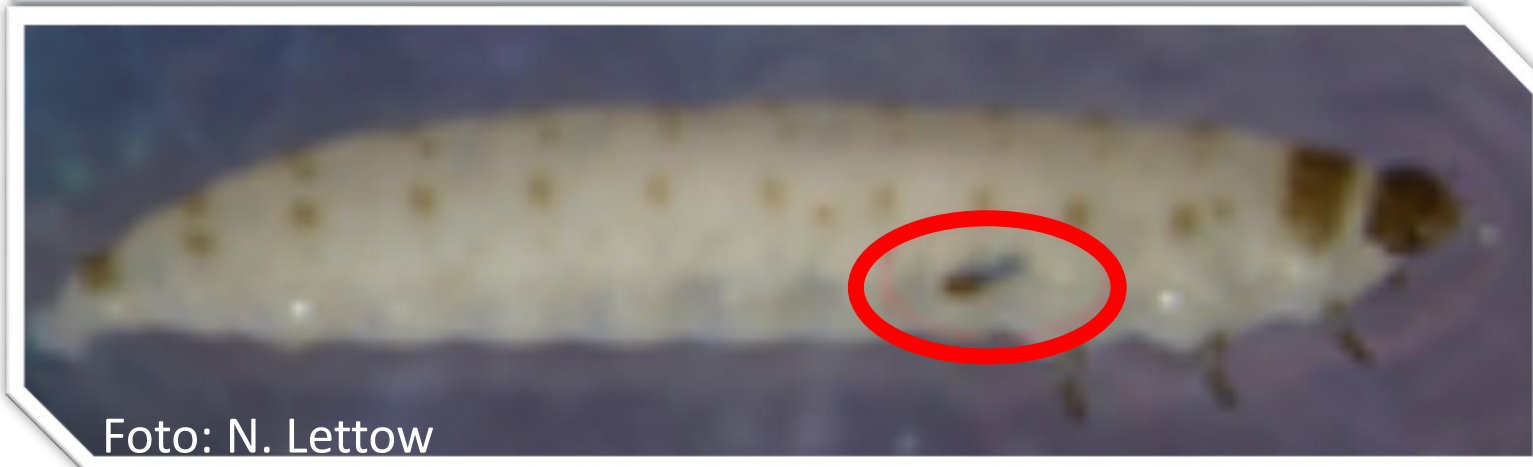


Abb. 1: Parasitierte Larve des Rapsglanzkäfers (*Brassicogethes aeneus*)

TAXONOMISCHE BESTIMMUNG

- Larvenzählung *B. aeneus*
- Bestimmung der sichtbaren Parasitierung (Binokular), z. B. durch *Tersilochus heterocerus*

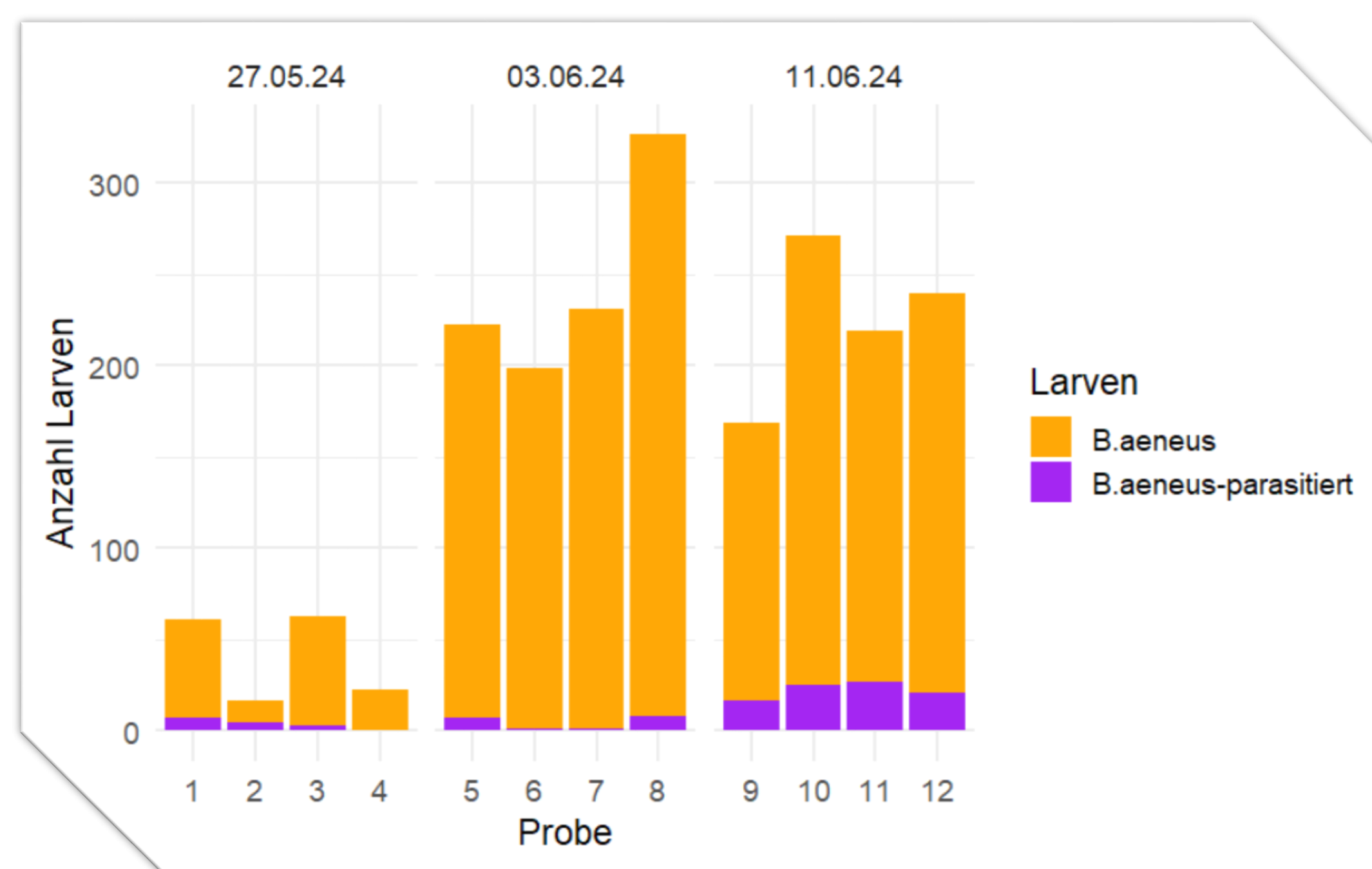


Abb. 2: Absolute Zahlen der betrachteten Insekten basierend auf morphologischer Auszählung

METABARCODING

- Vergleich DNA-Abschnitte mit Referenzdatenbanken
- Artzusammensetzung
- Nachweis schwer bestimmbarer Organismen, auch frühe Entwicklungsstadien

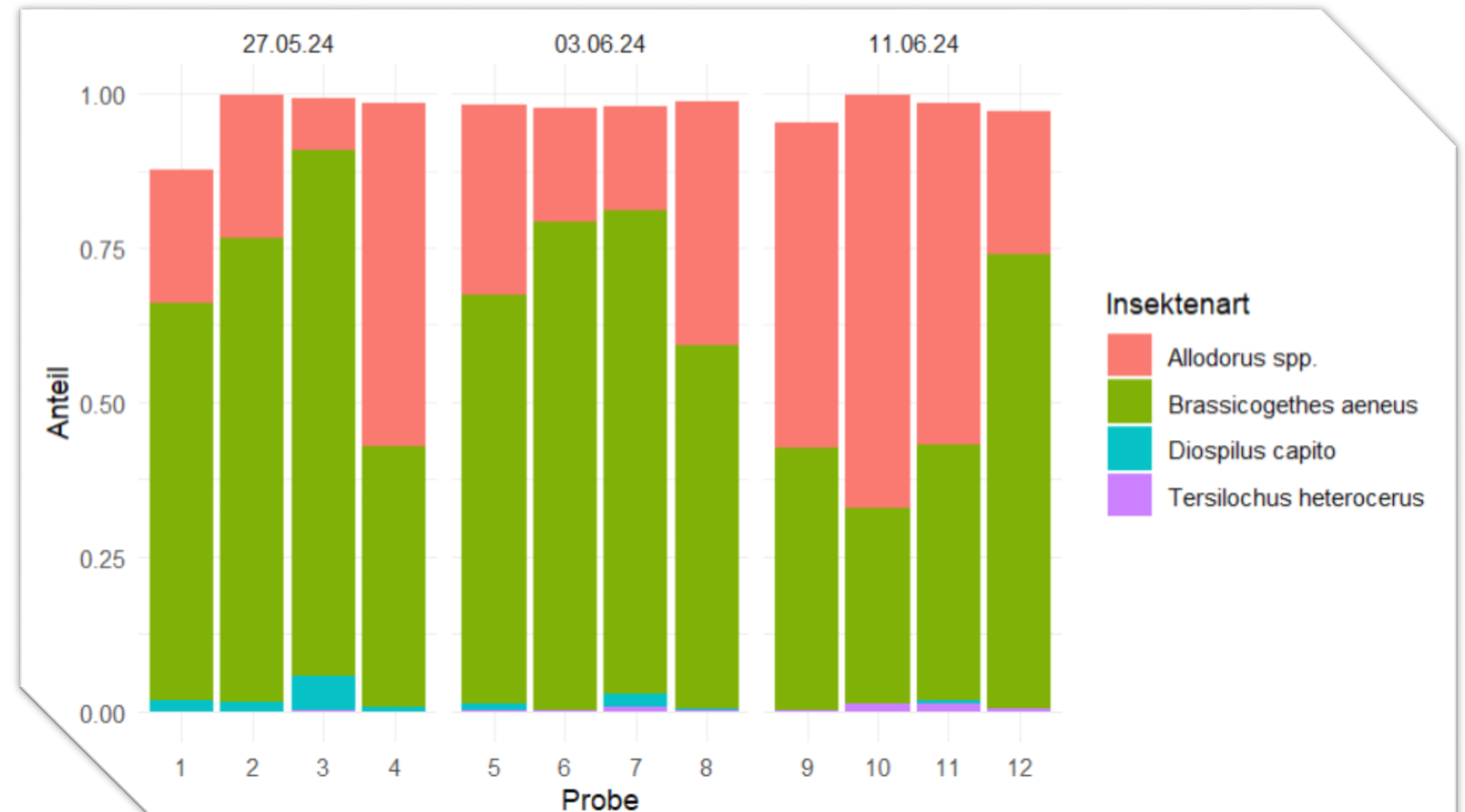
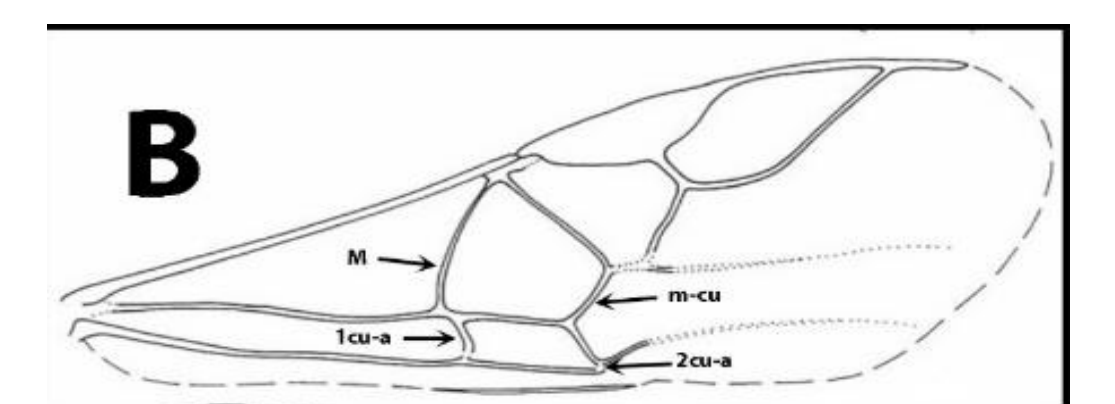


Abb. 3: Relative Häufigkeit der betrachtenden Insektenarten basierend auf DNA-Reads der Metabarcoding-Analyse

Die Metabarcoding-Ergebnisse der eingesendeten, teils parasitierten Larvenproben von *B. aeneus* zeigten, dass neben dessen DNA ein hoher Anteil der **Brackwespen-Gattung *Allodorus*** zugeordnet werden konnte. Parasitoide Wespen, die als Gegenspieler bekannt sind, wurden dagegen nur selten nachgewiesen (Abb. 3). Es erfolgte ein Abgleich von drei adulten Individuen aus Auffangschalen anhand von Referenzbildern aus Gen-Datenbanken (BOLD) und Bestimmungsliteratur. Molekular konnte dabei ein Individuum als *Allodorus* bestätigt werden (Abb. 4). Aktuell werden weitere Exemplare in den Proben gesichtet, um nach DNA-Nachweis eine taxonomische Artbestimmung des wenig bekannten Gegenspielers zu ermöglichen.



Abb. 4: Molekular bestätigtes *Allodorus*-Exemplar (links) und charakteristische Flügeladerung aus der Bestimmungsliteratur (rechts)



B. Forewing crossvein 1cu-a usually positioned much closer to M than to m-cu. Vein 2cu-a usually (90%) present. (aus Sharkey et al., 2023)

Erneute Durchsicht und Bewertung der Proben

- 20 adulte Individuen (Abb. 5) mit auffälligen Merkmalen
- 12 Individuen mit 20–24 Antennengliedern
- Habitus und Flügelmaserung bewertet
- 10 verbleibende Exemplare

Gr. 1



Foto: T. Kabakeris

Gr. 2



Foto: T. Kabakeris

Abb. 5: Gruppierung und morphologische Vorauswahl adulter Individuen. Gruppe 1 (n = 3) mit ähnlicher Flügelmaserung, Antennen und Habitus; Gruppe 2 (n = 7) mit filigranem Habitus

Ausblick & Fazit

Von zehn adulten Individuen wurde jeweils ein Bein zur DNA-Barcoding-Analyse entnommen; das restliche Körpermaterial bleibt für eine anschließende taxonomische Bestimmung, idealerweise bis auf Artniveau, konserviert. Metabarcoding ermöglicht eine erweiterte Erfassung der Antagonisten von Schadinsekten im Raps.