

454 Sequenzierung: Ein solides Verfahren zur vergleichenden Genomanalyse von Baculoviren

J. T. Wennmann,
Julius Kühn-Institut, Institut für Biologischen Pflanzenschutz,
joerg.wennmann@jki.bund.de

Sequenzierungsverfahren der neuen Generation zeichnen sich durch einen hohen Durchsatz und einen parallelen Sequenzierungsprozess aus. In kurzer Zeit lassen sich so kostengünstig auch mehrere vollständige Genome gleichzeitig sequenzieren. Heute ist bereits eine Vielzahl von Baculovirengenome sequenziert, die einen tiefen Einblick in den molekularen Aufbau dieser bereits als Pflanzenschutzmittel eingesetzten Viren erlauben. Vergleichende Genomanalysen von Baculoviren haben am Beispiel verschiedener *Cydia pomonella* Granulovirus (CpGV) Isolate gezeigt, welche molekularbiologischen Faktoren für die Resistenzüberwindung beim

Apfelwickler verantwortlich sind. Es zeigte sich, dass im Zuge eines nachhaltigen Resistenzmanagements sich die Kombination verschiedener Isolate als vorteilhaft erweist. Zur Bekämpfung von Eulenraupen (*Agrotis sp.*) mittels Baculoviren kommen bis heute drei verschiedene Nucleopolyhedroviren (NPV) und ein Granulovirus (GV) in Frage, die aus *A. segetum* und *A. ipsilon* isoliert wurden: AgseNPV-A, AgseNPV-B, AgipNPV und AgseGV. Die Identifikation genetischer Unterschiede und die molekularbiologische Charakterisierung der unterschiedlichen Isolate werden als Schlüssel für eine nachhaltige biologische Bekämpfung erachtet.