zur Reduzierung der primär schädigenden Nematoden zu entwickeln und grenzüberschreitend abzustimmen. Landwirte orientieren sich immer gerne an Schadschwellen, anhand derer sie Zeitpunkt und Art der Gegenmaßnahme entscheiden. Für *Pratylenchus penetrans*, einem der Hauptschaderreger an Möhren, sind entsprechende Schadschwellen bisher nicht bzw. nur unzureichend vorhanden.

Um entsprechende Schadschwellen zu erarbeiten, wurde ein Gewächshausversuch mit 12 Populationsdichten von *P. penetrans* und 3 Saatdichten in 5-facher Wiederholung durchgeführt. Als Versuchsgefäß dienten eckige Rosentöpfe (12.6 x 12.6 x 22.5 cm, V = 3.0 L), die mit definiertem Bodenvolumen gefüllt wurden. Der Feuchtegehalt des Bodens wurde während der Versuchslaufzeit gravimetrisch auf 17 % gehalten. Ausgesät wurde die im Erwerbsgemüsebau weit verbreitete Möhrensorte Nerac. Die Saatdichten von 2, 4 und 18 Samen pro Topf entsprachen dabei den gängigen Aussaatstärken im Freilandanbau von 1, 2 und 10 Mio. Samen/ha. *Pratylenchus penetrans* wurde in Dichten zwischen 0 und 128 Tieren je Gramm Boden (Trockengewicht) inokuliert. Hierzu wurde eine Stammsuspension hergestellt und dann 1:1 mit Leitungswasser verdünnt, um die verschiedenen Nematodendichten einzustellen. In jeden Topf wurden 9 Injektionsnadeln gesteckt, in die 3 ml Nematodensuspension gegeben wurde. Dann wurden die Nadeln vorsichtig aus dem Boden gezogen, so dass sich die Nematoden über die gesamte Bodentiefe verteilten. Die Töpfe wurden jede Woche neu randomisiert, um mögliche Randeffekte auszuschließen. Nach 83 Tagen wurde der Versuch beendet und folgende Parameter wurden erhoben: Frisch- und Trockengewicht des Laubes, Frischgewicht und Länge der Möhren und Anteil vermarktungsfähiger Möhren. Die Besatzdichte von *P penetrans* im Boden wurde mit der $mgSO_4$-Methode ermittelt. Die Erfassung der Anzahl *P. penetrans* in den Wurzeln erfolgte nach 4 Wochen Inkubation in der Sprühanlage.

Die Ergebnisse zeigen, dass bei zunehmender Nematodendichte und einer hohen Saatdichte das Möhrenfrischgewicht abnimmt. Somit lag das Möhrenfrischgewicht bei einer Dichte von 0,5 *P.penetrans*/g Boden mit 2 Samen/Topf bei 21,4 g, bei 4 Samen/Topf bei 19 g und bei 18 Samen/Topf bei 15 g. Auch die Möhrenlänge sank bei zunehmender Nematodendichte und Saatdichte. Somit sank die Möhrenlänge von 117 cm bei einer Dichte von 0,5 *P.penetrans*/g Boden und 2 Samen/Topf auf 105 cm bei 4 Samen/Topf und auf 56 cm bei 18 Samen/Topf.

Es konnte gezeigt werden, dass eine Saatdichte mit 18 Samen pro Topf zu einer hohen Vermehrung im Boden führt. Die Nematoden verteilen sich auf die vielen Möhren, so dass der Gesamtschaden geringer ausfällt, als bei einer niedrigen Saatdichte, allerdings gilt dies nur bei einer geringen Dichte von *Pratylenchus penetrans* im Boden. Bei 2 Samen/Topf ist das Nahrungsangebot nicht so groß, so dass die Nematoden alle an den Möhrenwurzeln saugen und dadurch den Ertrag verringern. Aus diesem Grund sollten die Landwirte zuvor ihre Flächen auf Nematoden beproben lassen, um dann zu entscheiden, welche Saatdichte sie wählen. Allerdings ist in die Deutschland eine Saatdichte von 1-2 Mio. Samen/ha stark verbreitet.

Das Projekt ProGemüse wird im Rahmen des INTERREG IV A Programms Deutschland-Nederland mit Mitteln des Europäischen Fonds für Regionale Entwicklung (EFRE), des Landes Nordrhein-Westfalen und der Provinz Limburg kofinanziert. Es wird begleitet durch das Programm-Management bei der euregio rhein-maas-nord.

34-5 - Leukers, A.[1]; Jacob, J.[1]; Heckel, G.[2]

[1] Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
[2] University of Bern, cmPG

Genotypisierung einer Feldmaus-Population zur Aufklärung von Ausbreitungsprozessen in Kulturlandschaften

Genotyping of a common-vole-population for clarification of dispersal dynamics in agro-ecosystems

Feldmäuse (*Microtus arvalis*) können bei sehr hoher Abundanz Schäden in Land- und Forstwirtschaft hervorrufen. Populationsausbrüche finden in Deutschland alle zwei bis fünf Jahre statt, wobei mehr als 1.000 Individuen auf einem Hektar auftreten können. Feldmäuse breiten sich von Refugien (z. B. Ackerrandstreifen) auf Ackerflächen aus, es ist jedoch weitgehend unbekannt, wie die Ausbreitungsprozesse bei dieser Source-Sink-Dynamik gesteuert werden. Bisher ungeklärte Zusammenhänge der Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen – wie die Rolle des Genflusses zwischen Teilpopulationen auf die Entwicklung der Gesamtpopulation – können durch populationsgenetische Methoden aufgedeckt werden. DNA-Mikrosatelliten-Daten lassen in Kombination mit Lebendfang-Daten Rückschlüsse auf den Verwandtschaftsgrad sowohl zwischen verschiedenen Refugiumspopulationen als auch zwischen Refugiums- und Befallspopulationen auf dem Acker zu. Damit können Ausbreitungs- und Wanderungsprozesse der Feldmaus in Kulturlandschaften nachvollzogen werden.

In diesem von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt und dem Deutschen Akademischen Austauschdienst geförderten Projekt wird die Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen in Kulturlandschaften erforscht, um Grundlagen für ein angepasstes Feldmaus-Management zu entwickeln. Als experimentelles, reproduzierbares Untersuchungsdesign dienen Grünlandflächen (n = 16) um Windkraftanlagen (je 320 m2), von denen aus angrenzende Ackerflächen (220 ha) von Feldmäusen besiedelt werden können. Zur Ermittlung des Dispersions-

drucks in diesen Refugien wurde ein Teil der Grünlandflächen (n = 10) mit Barrierezäunen ausgestattet. In monatlichen Fang-Wiederfang-Serien wurde über zwei Jahre (2010 bis 2011) die Entwicklung der Feldmausabundanz in den Refugien ermittelt und mit Luftbildern sowie der Lochtretmethode die Feldmausaktivität auf dem Acker überprüft. Zusätzlich erfolgte bei allen gefangenen Individuen die Entnahme von Gewebsproben zur DNA-Analyse. Für die Untersuchung der Populationsstruktur wurden 19 genetische Marker und eine Auswahl von jeweils mindestens 20 Individuen pro Refugium und Jahr verwendet. Insgesamt wurden im Untersuchungszeitraum mehr als 1.500 Individuen markiert, die Wiederfangwahrscheinlichkeit innerhalb einer Fangserie betrug jeweils mindestens 50 %.

Die Feldmausabundanz in den Refugien stieg sowohl 2010 als auch 2011 zum August hin stark an, hochgerechnet erreichten die Populationen Dichten von im Mittel 500 Individuen/ha und maximal 1.300 Individuen/ha. Auf dem Acker konnten lediglich geringe Dichten von hochgerechnet 100 Individuen/ha nachgewiesen werden. Das mehrfache Aussterben und die anschließende Wiederbesiedlung einzelner Refugiumsflächen im Jahresverlauf weist darauf hin, dass Wanderungsprozesse und nicht einzelne im System verbleibende Tiere die Wiederbesiedlung ermöglichen. In 2010 waren die Refugiumspopulationen insgesamt nicht signifikant genetisch voneinander verschieden (Fst = 1,7 %, p = 0,071), wohl aber in 2011 (Fst = 3,4%, p < 0,001). Dabei war in 2011 nur für eingezäunte Refugien die genetische Differenzierung umso stärker, je weiter diese Flächen voneinander entfernt lagen (r2 = 0,096, p = 0,038). Dies könnte damit erklärt werden, dass Migration zwischen den Refugien durch die Barrierezäune unterbunden wurde. In weiteren Untersuchungsschritten wird durch genetische Analysen der Anteil von Immigranten in den verschiedenen Refugiumspopulationen ermittelt und mögliche Verwandtschaftsbeziehungen zu Feldmäusen auf dem Acker überprüft.

Die bisherigen Ergebnisse lassen darauf schließen, dass Feldmausmigration im Untersuchungsgebiet regelmäßig stattfindet. Die Bildung neuer Populationen auf dem Acker durch aus Refugien stammenden Tiere ist bei hohen Dichten in diesen Rückzugsgebieten wahrscheinlich.

34-6 - Esther, A.[1]; Blank, F. B.[2]; Reinhard, A.[3]; Mammen, U.[4]

[1] Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen
[2] privat
[3] Universität Münster
[4] Förderverein für Ökologie und Monitoring von Greifvogel- und Eulenarten e. V.

Die Bedeutung von Massenvermehrungen der Feldmaus (*Microtus arvalis*) für Populationsdynamiken von Greifvögeln und Eulen in Ostdeutschland

Die Feldmaus (*Microtus arvalis*) stellt als eine der häufigsten Wühlmausarten in Mitteleuropa für viele Greifvögel (Accipitriformes) und Eulen (Strigiformes) ein wichtiges Beutetier dar. Deshalb wurde häufig versucht, lokale Bestandsschwankungen dieser Prädatoren mit den Dichteschwankungen der Feldmaus zu erklären. Gut dokumentiert ist dies insbesondere von Mäusebussard (*Buteo buteo*), Turmfalke (*Falco tinnunculus*) und Schleiereule (*Tyto alba*), während Dichteschwankungen bei Habicht (*Accipiter gentilis*) und Rotmilan (*Milvus milvus*) aufgrund abweichender Nahrungspräferenzen selten auf Feldmaus zurüc kgeführt wurden.

Das Ziel dieser Arbeit war es, zu untersuchen, inwieweit regionale Unterschiede von Massenvermehrungen der Feldmaus Rückschlüsse auf Populationsdynamiken dieser Greifvögel und Eule ermöglichen. Abhängig von Topographie und Bodenparametern variiert das Risiko von Massenvermehrungen der Feldmaus entlang eines Nord-Süd-Gradienten innerhalb Ostdeutschlands. Die ersten Ergebnisse der Studie zeigen anhand der Analysen von umfangreichen Zeitreihen von Prädatorenbeständen, dass deren Populationsdynamik Parameter wie Amplitude und S-Index diesem räumlichen Gradienten deutlich folgen. Das Auftreten der Feldmaus im Untersuchungsgebiet kann somit auf regionaler Skala als Indikator für Populationsdynamikmuster von Greifvögeln und Eulen dienen. Den Gebieten mit hohem Massenvermehrungsrisiko wie in Sachsen-Anhalt könnte eine große Bedeutung hinsichtlich des Schutzes dieser Prädatoren zukommen, was auch in Anbetracht der teilweise dramatischen Bestandsrüc kgänge in den letzten Jahrzehnte bei Managementmaßnahmen berücksichtigt werden sollte.