

#### 49-2 - Thiel, H.; Varrelmann, M.

Institut für Zuckerrübenforschung

### **Kreuzresistenz verschiedener target site Resistenzen im psbA Gen in *Chenopodium album* gegenüber Herbiziden aus der Gruppe der Triazine und Triazinone**

*Cross resistance of different target site resistances in the psbA gene in *Chenopodium album* against herbicides of the Triazine und Triazinone groups*

Punktmutationen im psbA-Gen, welches das PSII D1 Chloroplasten Protein kodiert, sind die Ursache für "target site" Resistenzen gegenüber herbiziden Wirkstoffen aus der HRAC Gruppe C1. Im Leitunkraut *C. album* führen diese Mutationen auch bei geringen Resistenzfaktoren zu einer unvollständigen Kontrolle bei Einsatz von PSII-Inhibitoren aus der Gruppe der Triazine und Triazinone. In *C. album* wurden bisher insgesamt drei D1 Mutationen nachgewiesen; die bekannteste Serin-264-Glycin (S264G) sowie eine kürzlich entdeckte Alanin-251-Valin (A251V) Mutation und eine erstmals in höheren Pflanzen nachgewiesene Leucin-218-Valin (L218V) Mutation. Um den Einfluss dieser auf Kreuzresistenz gegenüber ausgewählten Triazinen und Triazinonen zu prüfen, wurden für drei Biotypen im Vergleich zu einem anfälligen *C. album* Biotyp in Gewächshausversuchen mittels Sprühapplikationen von Metamitron, Metribuzin und Terbutylazin in verschiedenen Konzentrationen eine Dosiswirkungsbeziehung erstellt und Resistenzfaktoren berechnet.

Während S264G erwartungsgemäß einen sehr hohen Resistenzfaktor gegenüber dem Triazin Terbutylazin aufwies, zeigte A251V unter den Testbedingungen einen signifikant geringeren, eher moderaten Resistenzfaktor. Der L218V Biotyp zeigte keine signifikante Resistenz. Gegenüber Metamitron und Metribuzin war eine signifikante Steigerung der Resistenzfaktoren von L218V über S264G bis A251V zu beobachten.

Die Ergebnisse zeigen, dass die Mutationen die Bindungsfähigkeit für die herbiziden Wirkstoffe spezifisch beeinflussen, da sie an unterschiedliche Aminosäuren des D1 Proteins binden.

#### 49-3 - Ulber, L.<sup>1)</sup>; Svoboda, E.<sup>2)</sup>; Jaser, B.<sup>2)</sup>; Felsenstein, F. G.<sup>2)</sup>; Zwerger, P.<sup>1)</sup>

<sup>1)</sup> Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen

<sup>2)</sup> EpiGene

### **Deutschlandweites Monitoring zur ALS-Resistenz bei Kamille-Arten**

*Monitoring for ALS resistance in camomile species in Germany*

Neben der bereits weit verbreiteten Resistenz gegen ALS-Inhibitoren bei Ungräsern konnten in den letzten Jahren auch bei Kamille-Arten erste Biotypen mit einer Resistenz gegen Sulfonylharnstoffe beobachtet werden. Einzelne resistente Biotypen wurden bisher in Schleswig-Holstein und im nördlichen Niedersachsen gemeldet. Über das Vorkommen von Resistenzfällen in anderen Teilen Deutschlands bei den beiden Kamille-Arten Echte Kamille (MATCH, *Matricaria chamomilla* oder *Matricaria recutita*) und Geruchlose Kamille (MATIN, *Matricaria inodora* oder *Tripleurospermum maritimum* spp. *inodorum* oder *perforatum*) lagen dagegen bisher kaum Information vor.

Aus diesem Grund wurde im Jahr 2011 vom Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland des Julius Kühn-Institut (JKI) in Zusammenarbeit mit der Firma EpiGene ein bundesweites Resistenz-Monitoring bei Kamille-Arten initiiert. Ziel der Untersuchung ist es, einen erstmaligen Überblick über die Verbreitung der Herbizidresistenz bei Kamille-Arten in Deutschland zu erlangen und zusätzlich Einblicke in die Variabilität der ALS-Empfindlichkeit verschiedener Populationen dieser beiden Arten zu bekommen. Dazu wurden im Sommer 2011 explizit nicht nur Resistenz-Verdachtsflächen sondern auch zufällig ausgesuchte Flächen mit einem entsprechenden Besatz an Kamille-Pflanzen beprobt. Unterstützt wurde das Monitoring durch Vertreter des amtlichen Pflanzenschutzdienstes der Länder sowie der Pflanzenschutzmittelindustrie. Auf den zu beprobenden Flächen wurden Samenproben und/oder Ganzpflanzenproben gesammelt und an EpiGene und das JKI verschickt. Die Samenproben wurden im JKI in Braunschweig in einem standardisierten Biotestverfahren in Klimaschränken getestet. Dabei wurden die Populationen mit den folgenden zwei Wirkstoffen der HRAC-Gruppe B (ALS-Inhibitoren) auf verminderte Sensitivität getestet: Tribenuron-Methyl (Pointer® SX) und Florasulam (Primus) [jeweils 6,25 % und 50 % der zugelassenen Aufwandmenge]. Bei einer beobachteten reduzierten Empfindlichkeit wurden die Populationen zudem mit 100 % und 200 % der zugelassenen Aufwandmenge untersucht. Parallel dazu wurden bei der Firma EpiGene Pflanzenproben mit der molekularen Pyrosequencing-Technologie auf bekannte Mutationen auf dem ALS-Gen der Pflanze an der Position Pro-197 getestet.

Untersucht wurden 163 Ganzpflanzenproben und 112 Samenproben aus nahezu allen deutschen Bundesländern sowie einzelne Proben aus dem Ausland. Bei der Untersuchung der Samenproben im Biotest im JKI wurde bei ca. 10 % der Populationen eine verminderte Herbizidempfindlichkeit festgestellt. Während bei den verwendeten Herbizidaufwandmengen bei der Mehrzahl der resistenten Populationen nur eine entsprechende

Reaktion gegen Tribenuron-Methyl nachzuweisen war, konnte keine ausgeprägte Kreuzresistenz gegen Florasulam beobachtet werden.

Bei den 163 eingesandten Ganzpflanzenproben konnte anhand des Pyrosequencings bei ca. 15 % eine Resistenzmutation an der Position Pro-197 festgestellt werden. Es konnte nicht nur die bisher bei der Echten Kamille bekannte Mutation Pro(lin)-197-Thr(eonin), sondern in einem höheren Umfang auch die bisher bei der Echten und Geruchlosen Kamille noch nicht beobachtete Mutation Pro(lin)-197-Ser(in) detektiert werden. Dabei war in den Untersuchungen die Mutation Pro-197-Ser häufiger anzutreffen als die Mutation Pro-197-Thr. Insgesamt konnte die Pro197-Mutation sowohl bei der Echten Kamille als auch bei der Geruchlosen Kamille nachgewiesen werden. Die Ergebnisse weisen darauf hin, dass die entsprechende Mutation gegenwärtig bei der Echte Kamille etwas häufiger auftritt als bei der Geruchlosen Kamille.

Die bisherigen Ergebnisse des Monitorings lassen auf keine klare regionale Begrenzung des Resistenzauftritts in Norddeutschland schließen, sondern deuten auf ein Vorkommen von resistenten Populationen in mehreren Bundesländern hin. Zurzeit scheinen die Resistenzfälle vor allem bei der Echten Kamille aufzutreten, während in beiden Untersuchungsmethoden bei der Geruchlosen Kamille nur wenige Resistenzfälle detektiert werden konnten. Die beobachtete Anzahl an resistenten Populationen und die Verteilung der Resistenzfälle über ganz Deutschland weisen aber auf ein eventuell steigendes Resistenzrisiko bei Kamille hin.

#### **49-4 - Wagner, J.<sup>1)</sup>; Wolber, D.<sup>2)</sup>**

<sup>1)</sup> PlantaLyt GmbH

<sup>2)</sup> Landwirtschaftskammer Niedersachsen

### **Ergebnisse zum Vorkommen von Herbizidresistenz gegen ALS-Inhibitoren und den mittels Pyrosequencing identifizierten Resistenz-Allelen in *Alopecurus myosuroides* Huds. (Ackerfuchsschwanz) und *Apera spica-venti* (L.) Beauv. (Gemeiner Windhalm) in Praxisflächen Niedersachsen**

*Occurrence of herbicide resistance to ALS-inhibitors and of resistance alleles identified by pyrosequencing in *Alopecurus myosuroides* Huds. (blackgrass) and *Apera spica-venti* (L.) Beauv. (silky bent-grass) in agricultural areas from Lower Saxony*

In den Untersuchungen wurde die Herbizidresistenz gegen verschiedene ALS- und ACCase-Inhibitoren in 32 Verdachtsproben von *Alopecurus myosuroides* und 12 Verdachtsproben von *Apera spica-venti* durch eine Resistenzprüfung im Gewächshaus bestätigt. Resistente Pflanzen wurden nach Abschluss der Gewächshausprüfung gesammelt und im Labor auf das Vorkommen der Allele der wirkortspezifischen Resistenz (Target-site Resistance) durch Analyse der SNPs mittels Pyrosequencing an den Positionen Pro197 und Trp574 der ALS und Ile1781, Trp1999, Trp2027, Ile2041, Asp2078, Cys2088 und Gly2096 der ACCase untersucht.

Eine Konsolidierung der Daten aus Gewächshaus und Labor erlaubt einen Rückschluss auf den Status von Resistenz und Resistenzmechanismen (Target-site vs Nontarget-site) in den einzelnen Praxis schlägen. Durch phäno- und genotypisches Mapping wird die Verbreitung von Herbizidresistenz gegen die ALS und ACCase-Inhibitoren bei *Alopecurus myosuroides* von *Apera spica-venti* in den Ackerbaugebieten Niedersachsens dargestellt und diskutiert.

#### **49-5 - Schröder, G.<sup>1)</sup>; Meinschmidt, E.<sup>2)</sup>**

<sup>1)</sup> Landesamt für Ländliche Entwicklung, Landwirtschaft und Flurneuordnung

<sup>2)</sup> Sächsisches Landesamt für Umwelt, Landwirtschaft und Geologie

### **Verbreitung, wirtschaftliche Bedeutung und effektive Kontrolle des Ackerfuchsschwanzes (*Alopecurus myosuroides*) durch die Nutzung von Herbizidvarianten mit hohen Wirkungsgraden – Auswertung der Ringversuche der Bundesländer Brandenburg, Hessen, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen von 2000 - 2011**

Der Ackerfuchsschwanz gehört in den ostdeutschen Bundesländern noch nicht zur Leitunkrautflora. Er nimmt aber örtlich sowohl in der Verbreitung als auch in der Befallsstärke zu. In den letzten Jahren mehren sich die Resistenznachweise bei *Alopecurus myosuroides*, insbesondere gegenüber ALS-Hemmern und teilweise ACC-ase-Hemmern in den neuen Bundesländern. Eine Konzentration von Wintergetreide und Wintertraps in den Fruchtfolgen, verbunden mit einer einseitigen Herbizidanwendung, haben den Selektionsdruck erhöht. Seit 2009