

Untersuchungen zur genetischen Variabilität von *Bromus secalinus* und *Bromus commutatus* in Deutschland

Dagmar Rissel^{1*}, Jörg Wennmann², Jeannette Lex¹, Jens Keilwagen³, Christoph von Redwitz¹, Lena Ulber¹

¹Julius Kühn-Institut (JKI) - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland, Braunschweig

²Julius Kühn-Institut (JKI) - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Biologischen Pflanzenschutz, Dossenheim

³Julius Kühn-Institut (JKI) - Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen, Quedlinburg

*dagmar.rissel@julius-kuehn.de

DOI: 10.5073/20240108-105620-0

Die beiden Trespel-Arten *Bromus secalinus* L. und *Bromus commutatus* Schrad. treten als Ungräser vor allem im Wintergetreide auf (Petersen, 2006). Die chemische Kontrolle von Trespel-Arten in Getreide ist stark eingeschränkt da Bodenherbizide nur eine geringe Wirkung zeigen und eine Kontrolle im Frühjahr nur mit den stark resistenzgefährdeten ALS-Hemmern möglich ist. Kürzlich wurden daher erste verringerte Sensitivitäten von *B. secalinus* und ein Fall von Resistenz von *B. commutatus* gegenüber ALS-Hemmern in Großbritannien bekannt (Davies et al., 2020) und auch aus den USA wurden zwei Fälle von ALS-Herbizidresistenzen bei *Bromus secalinus* berichtet (Heap, 2023). Abgesehen von dem Auftreten als problematisches Unkraut im Wintergetreide, wird *B. secalinus* als Schnellbegrünungskomponente für Regiosaam-Mischungen empfohlen. Sowohl für Untersuchungen, welches Potential beide Arten zur Herbizidresistenzentwicklung haben und zu den möglichen Mechanismen als auch für die Frage der Regionalität des *B. secalinus* Saatgutes, ist es von großer Bedeutung, die genetische Variabilität der beiden tetraploiden *Bromus*-Arten zu kennen.

Resistenzen gegen ALS-, ACCase- und Fotosystem II-Hemmer werden oft durch Zielortresistenzen vermittelt. Diese entstehen durch den Austausch von Aminosäuren im Zielprotein der Herbizide, die auf Punktmutationen im codierenden Gen zurückzuführen sind. Diese Zielortresistenzen legen eine gewisse genetische Plastizität der betreffenden kodierenden Gene (*ALS*, *ACCase*, *psbA*) nahe. Daher soll zunächst mittels AmpliconSeq untersucht werden, ob sich die beiden *Bromus*-Arten in den Sequenzen oder partiellen Sequenzen dieser Gene unterscheiden und ob eine regionale Differenzierung der Arten möglich ist. Diese Untersuchungen lassen möglicherweise auch Rückschlüsse auf die generelle genetische Variabilität der Arten und damit die Gefahr der Resistenzentwicklung zu.

In einem ersten Schritt wurden Pflanzen von 17 Populationen *B. secalinus* und *B. commutatus* aus vier Regionen Deutschlands nebeneinander im Gewächshaus angezogen und das Blattmaterial wurde geerntet. Für je drei Individuen pro Population wurde eine DNA-Extraktion durchgeführt. Die Gensequenzen oder -fragmente wurden amplifiziert und erste Versuche zum AmpliconSeq mittels MinION durchgeführt. Die Analysen der gewonnenen Daten laufen.

Literatur

Davies, L., N. Onkokesung, M. Brazier-Hicks, R. Edwards, S. Moss, 2020: Detection and characterization of resistance to acetolactate synthase inhibiting herbicides in *Anisantha* and *Bromus* species in the United Kingdom. *Pest Management Science* **76**, 2473-2482, DOI: 10.1002/ps.5788.

31. Deutsche Arbeitsbesprechung über Fragen der Unkrautbiologie und -bekämpfung, 27. – 29. Februar 2024

Heap, I., 2023: International Herbicide-Resistant Weed Database, URL: <https://weedscience.org>.
Zugriff: 21. Juni 2023.

Petersen, J., 2006: Verbreitung, Bedeutung und Bekämpfung von Trespens-Arten im mittleren Westen Deutschlands. Journal of Plant Diseases and Protection, **Special Issue XX**, 289-296.