

auf Korrelationen zwischen Abundanzen und extrinsischen Faktoren.

In den bisherigen Arbeiten am Julius Kühn-Institut konnte ein Prognosemodell basierend auf historischen Langzeitdatensätzen aus Sachsen-Anhalt und Thüringen erstellt und validiert werden, welches anhand von Wetterparametern das Risiko für das Auftreten von Feldmausmassenvermehrungen prognostiziert. Zusätzlich konnten in einem separaten Projekt wichtige statische Landschaftsfaktoren (Gebietshöhe, Bodentyp) ermittelt werden, die mit dem Auftreten von Massenvermehrungen verbunden sind. Mit der aktuellen Version des Modells lassen sich etwa 70% der Populationsverläufe der vergangenen Jahre korrekt vorhersagen, allerdings konnte mit aktuellen Validierungen auch belegt werden, dass das entwickelte Modell nicht auf Gegenden außerhalb des Kalibrierungsgebietes direkt übertragbar ist.

Ziel für die Weiterführung soll es sein, die bisherigen Ergebnisse und Vorarbeiten zur Verbreitung der Feldmausmassenvermehrungen zu vereinen. Hierbei soll speziell die Interaktion von landschaftlichen und klimatischen Faktoren und deren Auswirkung auf die Populationsdynamik der Feldmaus im Fokus stehen. Die Basis bilden hierbei noch nie wissenschaftlich aufgearbeitete lange Zeitserien von Feldmausabundanzen aus über 60 Jahren Erhebungen der Pflanzenschutzdienste. Die Kernhypothese ist dabei, dass mithilfe von abiotischen Parametern und Classification and Regression Tree (CART)-Analysen die Variationen in der Populationsdynamik der Feldmaus erklärt werden können. Der erweiterte Datensatz ermöglicht zunächst eine detaillierte Auflösung räumlicher und zeitlicher Muster der Populationsdynamik der Feldmaus (Fluktuationsmuster, räumliche Gradienten, etc.) in Deutschland. Dazu werden zusätzlich zu meteorologischen nun auch agrarmeteorologische (Phänologie, Frosteindringtiefe) Daten in unterschiedlichen Landschaftstypen genutzt, um Parameterkonstellationen zu beschreiben, die auf regionaler Ebene zu hohem oder niedrigem Gradationsrisiko führen. Ein weiteres Ziel wird die Nutzung der identifizierten Wetterparameter der einzelnen Landschaftsformen, zur Vorhersage von Frequenz und Amplitude der Gradationsjahre unter zukünftigen, projizierten klimatischen Bedingungen. Die im erweiterten Datensatz erhaltenen Zählungen von Embryonen erlauben zusätzlich einen Abgleich zwischen extrinsischen und intrinsischen Faktoren.

(DPG AK Wirbeltiere)

3) Ausbreitungsdynamik von Feldmäusen – Ergebnisse aus zwei Jahren Feldarbeit

Angela LEUKERS, Jens JACOB

Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen, Institut für Pflanzenschutz in Gartenbau und Forst, – Wirbeltierforschung, Toppeideweg 88, 48161 Münster
E-Mail: angela.leukers@jki.bund.de

Feldmäuse (*Microtus arvalis*) können sich von Refugien (z.B. Ackerrandstreifen) auf Ackerflächen ausbreiten und dadurch vor allem bei Massenvermehrungen signifikante Ernteverluste in Land- und Forstwirtschaft verursachen. Um Schäden an Kulturpflanzen zu minimieren, ist es sinnvoll, die Feldmäuse an der Ausbreitung auf den Acker zu hindern. Fundierte Kenntnisse der dem Dispersionsdruck zugrunde liegenden Prozesse sind eine wichtige Voraussetzung für das Verständnis der Ausbreitungsdynamik und für die Entwicklung räumlich und zeitlich gezielter Gegenmaßnahmen. Das Ziel dieser von der Deutschen Bundesstiftung Umwelt geförderten Studie ist die Erforschung der Ausbreitungsmuster von Feldmäusen vom Refugium auf den Acker als Basis für die Entwicklung eines nachhaltigen Feldmausmanagements.

Das Untersuchungsgebiet befindet sich in Sachsen-Anhalt, Grünlandflächen unter Windkraftanlagen dienen als experimentelle Refugien. Um den Dispersionsdruck vom Refugium auf den Acker zu messen, wurde ein Teil der Refugien mit Barrierezäunen ausgestattet, welche Immigration erlauben, aber Emigration verhindern. Seit Oktober 2009 werden monatlich mittels Fang-Wiederfang-Serien Populationsentwicklung und Dispersionsdruck gemessen. Die Wiederfangwahrscheinlichkeit innerhalb einer Fangserie betrug jeweils mindestens 50%. Die durchschnittliche Individuenzahl pro Refugium schwankte hochgerechnet zwischen 150 und 300 Individuen/ha. Mahd im Juni und September 2010 bewirkte eine Verringerung der Feldmausabundanz. Starkes Populationswachstum im August 2010 und August 2011 führte zu hochgerechneten Maximalwerten von 850 bzw. 1300 Individuen/ha. Die Feldmausabundanz in Refugien ohne Barrierezaun stieg dabei stärker an als in eingezäunten Refugien. Radio-Telemetrie und Luftbildüberwachung wurden eingesetzt, um die Ausbreitungsdynamik auf dem Acker für Individuen- und Populationslevel zu untersuchen. Bisher konnte keine Etablierung von aus Refugien stammenden Individuen auf dem Acker nachgewiesen werden. Obwohl keine Schäden an der Ackervegetation sichtbar waren, wurden Feldmäuse in geringen Dichten auf dem Acker festgestellt (hochgerechnet 100 Individuen/ha). Die Ergebnisse lassen vermuten, dass die maximal mögliche Populationsdichte in den Refugien noch nicht erreicht ist. Nachfolgende DNA-Analysen werden Rückschlüsse auf eventuelle Subpopulationen und Wanderungsbewegungen auf dem Acker ermöglichen.

(DPG AK Wirbeltiere)

4) House Mouse Field Trials to Assess Resistance to Warfarin and Difenacoum in Relation to the Occurrence of Variants in the *vkorc1*-Gene before and after the Treatments

Stefan ENDEPOL¹, Nicole KLEMMANN², Michael Hans KOHN³

¹ Bayer CropScience, Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim, Germany

² 48231 Warendorf, Germany

³ Department of Ecology and Evolutionary Biology, Rice University, Houston, TX 77005, USA

E-Mail: Stefan.Endepols@bayer.com

In house mice (*Mus musculus domesticus*) field studies that are guided by genetic monitoring of *vkorc1* need to be done to conclusively implicate the gene with any observed resistance, i.e. fitness advantage in field populations. We characterised the degree of resistance in relation to *vkorc1* genotypes in local mouse groups on two farms in Germany. We tested whether certain resistance profiles and *vkorc1* genotypes displayed dynamics over the course of sequential treatments with warfarin and difenacoum that are consistent with *vkorc1* variants being the cause for resistance and having higher fitness (frequencies) than others.

Three phenotypic resistance profiles were identified on farm I: A = warfarin-susceptible, B = resistant to warfarin but susceptible to difenacoum, C = resistant to both anticoagulants. On farm II, profiles A and B were identified also. Unexpectedly, a high degree of resistance was observed in *vkorc1* wild-type mice. Next to wildtype *vkorc1* sequences only the R58G variant was found.

In the mouse infestations studied here practical resistance to anticoagulants was found present. However, it cannot be explained by *vkorc1* coding or intronic variants, but must be due to non-coding *vkorc1* variants or entirely due to other genetic