

R-Paket PROSPER: populationsdynamische Modelle für Unkräuter

Christoph von Redwitz¹ und Friederike de Mol²

Abstract: Populationsdynamik von Unkräutern zu verstehen und vorzusehen, ist eine wesentliche Voraussetzung für erfolgreiches Unkrautmanagement. Simulationsmodelle, wie sie von verschiedenen Arbeitsgruppen erarbeitet werden, sind dafür ein wichtiges Werkzeug. Durch unterschiedliche Plattformen und fehlenden Zugang zum Programmcode stellt das Aufgreifen und Weiterentwickeln von Modellen anderer Arbeitsgruppen oft ein Problem dar. Darum wurde zur Erarbeitung des Pakets PROSPER R als Programmiersprache mit großer Dynamik in den Agrarwissenschaften genutzt. Ein einfacher genetischer Ansatz, der jedem Genotyp einen Resistenzwert zuordnet, wird zur Selektion genutzt. Das Simulationsmodell kann wahlweise deterministisch oder stochastisch parametrisiert werden. Mit dem R-Paket PROSPER wird eine Sammlung von Funktionen angeboten, mit denen die verschiedenen Fragestellungen der Populationsdynamik von Unkräutern bearbeitet werden können. Diese Funktionen lassen sich auch auf bislang nicht berücksichtigte Probleme anpassen. Die mitgelieferte Beispielsammlung kann erweitert werden, so dass neue Modelle schnell und unkompliziert sichtbar gemacht werden können. Das wiederum vereinfacht ihre Nachvollziehbarkeit und ihre Weiterentwicklung.

Keywords: Simulation, Genetik, Resistenz, Unkraut, Stochastik.

1 Einleitung

Die Untersuchung der Populationsdynamik von Unkräutern ist seit Jahren ein bedeutendes Thema in der Wissenschaft mit hoher Relevanz für die landwirtschaftliche Praxis. Dabei werden unterschiedlichste Fragestellungen bearbeitet: wie entwickelt sich eine Unkrautpopulation generell, wie reagiert sie auf spezielle Managementmaßnahmen? Wie hoch muss der Samenfraß als Ökosystemleistung bemessen werden? Wie entwickelt sich Unkraut-Herbizidresistenz im Feld? Diese letzte Frage wird wegen ihrer besonderen Brisanz für die Landwirtschaft weltweit von Arbeitsgruppen mit Hilfe unterschiedlicher Simulationsmodelle untersucht. Diese Modelle sind in vielen Fällen für spezielle Teilfragen entwickelt und somit schwer an andere Fragestellungen anzupassen. Die Nutzung von Open Source Software wie R oder Python kann die Anpassung und Übertragung erleichtern. Mit PROSPER wird ein neues R-Paket entwickelt. Es bietet ein Set an Funktionen, mit denen individuenbasierte populationsdynamische Modelle mit individueller Genetik erstellt werden können. Die Modellierung des Herbizideinsatzes als besonderem Selektionsschritt im

¹ Leibnitz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung (ZALF) e.V., Institut für Landnutzungssysteme, Eberswalderstr. 84, 15374 Müncheberg, christoph.redwitz@zalf.de

² Universität Rostock, Phytomedizin, Agrar- und Umweltwissenschaftliche Fakultät, Satower Str. 48, 18059 Rostock, friederike.de-mol@uni-rostock.de

Ackerbau wird unterstützt. Zugrunde liegt dabei der Ansatz des Modells PERTH [Re11]. Ein besonderer Fokus von PROSPER liegt in der Implementierung von Feldversuchsdaten in populationsdynamische Modelle. Zusätzlich bietet PROSPER eine Plattform, Modelle zu sammeln, weiter zu bearbeiten und zu verbreiten. Für Python ist das ausgefeilte SimuPop-Paket [PK05] mit ähnlicher Zielsetzung vorhanden. R kommt jedoch eine besondere Bedeutung zu, da die Grundstrukturen der Sprache in der universitären Ausbildung im Rahmen der Statistik oft bereits erlernt werden. So hat sie, unter Agrarwissenschaftlern, eine breitere Anwenderbasis.

2 Funktionalität und Aufbau eines Modells

Das Paket bietet die Möglichkeit 1. bereits bestehende Modelle zu nutzen (z.B. für *Echinochloa crus-galli* (Hühnerhirse) [RPG16]), 2. diese zu modifizieren, oder 3. im R-Code ein neues Modell aufzusetzen.

Dabei besteht der Aufbau eines Modells stets aus zwei Blöcken mit blockspezifischen Funktionen:

Setup des Modells: Mit den Funktionen `struc_preparation()` und `gen_freq()` werden Datenstrukturen geschaffen: die Objekte zur Speicherung der Simulationsergebnisse, Wahrscheinlichkeiten für die sexuelle Reproduktion und die Resistenzwerte bei einer bestimmten Genetik. Für eine einfache Populationsdynamik wird dieser Block nur einmal für die gesamte Simulation aufgerufen. Für komplexere Fragestellungen werden Teile des Blocks für die Wiederholungen der Simulation variiert.

Simulation der Reproduktionszyklen (oft Jahre): Entwicklungsschritte der Population werden ausschließlich mit der Funktion `quanti()` beschrieben. Die Zuordnung genetischer Information zu Individuen erfolgt mit `pop_step()`.

Da Fragestellungen in der Unkrautforschung divers sind, liefert das Paket nur eine einfache `plot()` und `summary()` Funktion. Die übersichtliche Datenstruktur im Format von `data.table()` [DS17] erlaubt aber schnelle Bearbeitung und Auswertung.

Die Parametrisierung eines populationsdynamischen Simulationsmodells für Unkräuter geschieht in der Regel über Topf- bzw. Feldversuche für einzelne Schritte der Populationsentwicklung, wie bspw. Samenproduktion [No92] oder Samenverlust [Ba13]. Diese Daten sind oft mit einer großen Streuung verbunden, die mit gut gewählten statistischen Modellen abgebildet werden kann [Ba12]. Allerdings werden in populationsdynamischen Modellen oftmals nur einfachste Beschreibungen wie Übergangsraten zum nächsten Entwicklungsstadium genutzt und die Variabilität ignoriert. PROSPER bietet mit der Funktion `quanti()` die Möglichkeit, auch komplexe Beschreibungen von Zusammenhängen wie lineare Modelle [Da15] oder hyperbolische Funktionen [No92] zur Beschreibung einzelner populationsdynamischer Übergänge zu nutzen.

2 Beispiel: Wie beeinflusst eine kleine Menge sensibler Samen die Entwicklung von Herbizidresistenzen in *Echinochloa crus-galli*

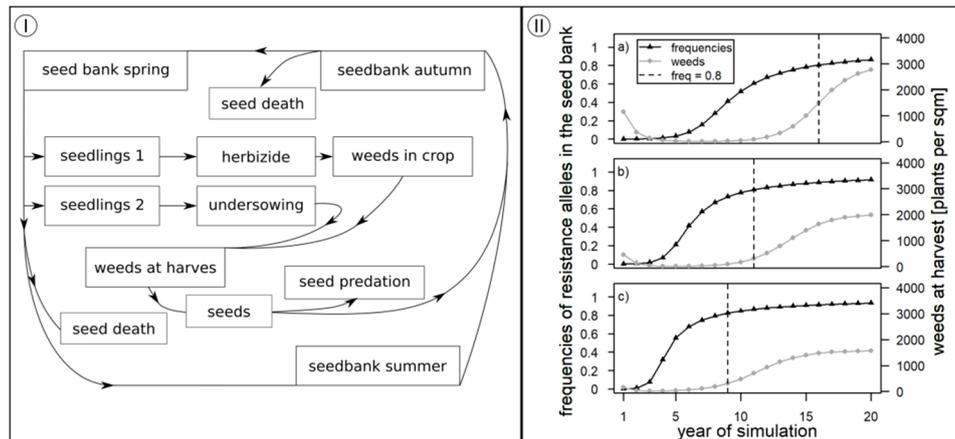


Abb. 3 I) Flussgrafik des Modells für *Echinochloa crus-galli* in Mais [RPG16]. II) Ergebnisse von drei Simulationsläufen.

Am Beispiel von *E. crus-galli* in Mais wurden zwei Unkrautkohorten des Unkrauts betrachtet (Abb. 3, I), von denen die erste, groß und reproduktionsstark, durch Herbizideinsatz selektiert wurde. Die zweite Kohorte, mit kleinerer Individuenzahl und geringerer Reproduktionsleistung, wurde durch nicht-selektive Maßnahmen in unterschiedlichen Maßen unterdrückt. Das Modell geht von jährlichem Maisanbau aus und ist mit Literaturwerten parametrisiert [RPG16]. Der gesamte Code kann mit `prosper.ECHCG()` abgefragt werden.

Es wurden drei Simulationsansätze verglichen (Abb. 1, II): a) keine Unterdrückung der zweiten Kohorte, b) 30 % nicht selektierende Unterdrückung und c) 100 % nicht selektierende Unterdrückung der zweiten Kohorte. Jeder Ansatz lief über 20 Jahre und wurde 15-mal wiederholt.

Es zeigte sich, dass die Entwicklung von Herbizidresistenz durch die selektionsfreie Unterdrückung der zweiten Kohorte maßgeblich beschleunigt wurde. Zur besseren Sichtbarkeit dieser Beschleunigung wurde die Frequenz von 0.8 markiert (Abb. 1, II). Eine Ertragsabschätzung aufgrund der Unkrautdichte wurde nicht durchgeführt, aber man kann mit Sicherheit davon ausgehen, dass der Ertrag schon bei 100 Pflanzen/m² erheblich reduziert wird, und unter Umständen schon zu negativen Deckungsbeiträgen führt. Auf einer Fläche mit diesen Unkrautdichten und Herbizidallelfrequenzen wie sie hier nach 10 Jahren in den Ansätzen b) und c) vorliegen, ist in dieser Form kein Maisanbau mehr möglich.

Mit diesem und ähnlichen Modellansätzen können Optionen zum pflanzenbaulichen Management von Herbizidresistenzen geprüft werden. Das ist insbesondere deshalb interessant, da großflächige Feldversuche mit resistenten Unkräutern kaum möglich sind.

3 Ausblick

Weitere Funktionalitäten für PROSPER wie alternative Selektionsschritte, alternative Beschreibung der Genetik oder auch ein Raumbezug sind in Planung. Zur Analyse und Bewertung des Modells soll eine Sensitivitätsanalyse möglich gemacht werden. Mit einer wachsenden Sammlung von Modellen wird die Anwendung von PROSPER auf neue Fragestellungen immer weiter erleichtert.

Literaturverzeichnis

- [Ba12] Bagavathiannan, M.V.; Norsworthy, J.K.; Smith, K. L.; Neve, P.: Seed production of barnyardgrass (*Echinochloa crus-galli*) in response to time of emergence in cotton and rice. *The Journal of Agricultural Science* 150/12, S. 717-724, 2012.
- [Ba13] Bagavathiannan, M.V.; Norsworthy, J.K.: Postdispersal loss of important arable weed seeds in the Midsouthern United States. *Weed Science* 61/13, S. 570-579, 2013.
- [Da15] Daedlow, D.: About the contribution of seed predation on weed demography. Dissertation, University of Rostock, Faculty of and Environmental sciences, 2015.
- [DS17] Dowle, M.; Srinivasan, A.: data.table: Extension of `data.frame`. R package version 1.10.4. <https://CRAN.R-project.org/package=data.table>, 2017.
- [No92] Norris, R.F.: Case history for weed competition/population ecology: barnyardgrass (*Echinochloa crus-galli*) in sugarbeets (*Beta vulgaris*). *Weed Technology* 6/92, S. 220-227, 1992.
- [PK05] Peng, B.; Kimmel, M.: simuPOP: a forward-time population genetics simulation environment. *Bioinformatics* 21/05, S. 3686-3687, 2005.
- [Re11] Renton, M.; Diggle, A.; Manalil, S.; Powles, S.: Does cutting herbicide rates threaten the sustainability of weed management in cropping systems. *Journal of Theoretical Biology* 283/11, S. 14-27, 2011.
- [RPG16] Redwitz, C. von; Pannwitt, H.; Gerowitz, B.: About the interplay of sensitive and resistant biotypes in weed populations - simulation exercises for *Echinochloa crus-galli* in maize crops. *Julius-Kühn-Archiv* 452/16, S. 93-99, 2016.