

Alfred Obst

Bayerische Landesanstalt für Bodenkultur und Pflanzenbau,  
Abt. Pflanzenschutz, München

PROGNOSEMODELLE FÜR SCHADORGANISMEN IM ACKERBAU  
- DERZEITIGER STAND UND KÜNFTIGE ENTWICKLUNGEN -

Schadwirkungen pilzlicher oder tierischer Erreger an Kulturpflanzen lassen sich erst zum Zeitpunkt der Ernte erkennen; die Entscheidungen zu ihrer Abwehr sind allerdings wesentlich früher zu treffen. Die im Zeitraum zwischen der Entscheidung und der Ernte liegende Entwicklung der Schaderreger und Kulturpflanzen sowie ihrer Beziehungen zueinander müssen durch Befalls- und Schadensprognosen vorhergesagt werden (EBERT et al., 1975). Die Vielzahl der Daten aus dem komplexen Beziehungsgefüge Wirtspflanze - Erreger - Umwelt kann oft erst durch die moderne Datenverarbeitung analysiert und zu einer einfachen und übersichtlichen Form kondensiert werden. Ähnlich wie in der Physik stecken auch hinter den biologischen Beziehungen Gesetzmäßigkeiten, die mit mathematischen Gleichungen und Modellen beschrieben werden können.

Prognosemodelle im Pflanzenschutz wollen lediglich Entscheidungshilfen zur gezielten Bekämpfung geben. Oft genügt bereits die Ja-Nein-Entscheidung (Erreichen bestimmter Schwellenwerte, Negativprognose). Inhaltsreicher ist die quantitative Befallsvorhersage in Abhängigkeit von der Zeit; unter Einbeziehung von Befalls-Verlust-Relationen kommt man schließlich zu Schadensprognosen. - Die Modelle sollen einerseits einfach und übersichtlich, andererseits möglichst treffsicher und genau sein.

In der Regel wird eine Schaderregerpopulation durch sehr viele Einflußgrößen gleichzeitig gesteuert, z.B. durch verschiedene Klimafaktoren, Inokulumgröße, Wirtspflanzenfaktoren usw. Unter den verfügbaren multivariaten Analysen wurde die multiple Regressionsanalyse von Phytopathologen bisher am liebsten verwendet. Regressionsmodelle sind daher zurzeit der für Prognosen am häufigsten benutzte Modelltyp (ROYLE und BUTT, 1979).

Das *multiple Regressionsmodell* erklärt die Reaktion einer Variablen, nämlich der abhängigen, als eine Summe linearer Funktionen der anderen, der unabhängigen. Die Größen werden quantitativ erfaßt, und es wird Additivität der Einflußgrößen unterstellt. Die Daten sind deduktiv, empirisch aus Feldbeobachtungen (z.B. Krankheitsentwicklung, Wetterregistrierung) gewonnen worden.

Das Verhalten des Systems wird statistisch, deskriptiv analysiert. In der Regel sind es nicht unmittelbare Kausalbeziehungen, die aufgezeigt werden, wenn auch meist eine mittelbare kausale Verknüpfung der Einfluß- und Zielgrößen besteht. So kann z.B. eine an sich wichtige Variable - etwa die Temperatur - nur dann als signifikant erkannt werden, wenn sie als limitierender Faktor variiert (KREMHELLER, 1979).

Als gute Prognoseparameter gelten zeitabhängige Variable, z.B. Krankheitsbeobachtungen im Feld (ROYLE und BUTT, 1979). Oft gelingt es, mit zwei oder drei Schlüsselfaktoren, die aus einer Reihe von ursprünglich 20 oder 30 Variablen ausgewählt worden sind, zwei Drittel der Variation der Zielgröße zu erklären. Ein Bestimmtheitsmaß von 0,6 bis 0,7 ist bereits ein gutes Prognoseergebnis. Die wenigen ausgewählten Parameter beinhalten dann eine Menge örtlicher Erfahrungen. Wenn z.B. KLOSE (1974) allein mit dem Zeitpunkt des Mehltau-Erstauftretens nach dem Auflaufen der Sommergerste die Befallsstärke z.Z. der Blüte mit 88 % Sicherheit voraussagen konnte, so nur deshalb, weil er dann indirekt zugleich den Einfluß der Umweltfaktoren auf die Mehltau-Entwicklungsgeschwindigkeit im Raum Bayern und in den Untersuchungsjahren beschrieben hat.

Modell: *Triticum aestivum*, 56 - saaf → Mehltau



Soweit bei den Feldbeobachtungen nicht die ihnen zugrundeliegenden physikalischen und ökologischen Vorgänge mit erfaßt und ausgewertet worden sind, soweit haben die Aussagen der Regressionsmodelle keine allgemeine Gültigkeit. Eine Extrapolation über andere als die untersuchten Situationen ist nicht zulässig. Das Prognoseergebnis gilt somit nur für die Orte, Jahreswitterung, Sorte, Bewirtschaftungssystem usw., unter denen die Daten gewonnen wurden. Für einen Schadorganismus sind also an verschiedenen Orten u.U. unterschiedliche Prognosemodelle erforderlich!

In der Epidemiologie wird meist ein anderer Modelltyp, jener der *dynamischen Simulation* verwendet. Die Eignung für die Prognose erscheint derzeit noch wenig befriedigend, aber es werden große Hoffnungen in diese Arbeitsrichtung gesetzt. Die Simulationsmodelle bestehen aus einer Reihe von Gleichungen, die die Größe von Zustandsvariablen (z.B. Erregerpopulation) und ihre Änderungsraten in Abhängigkeit von der jeweiligen Größe der Zustandsvariablen (Rückkoppelung) sowie von äußeren Einflußgrößen (z.B. Klimawerten) beschreiben. Die Simulationsmodelle wollen den natürlichen Ablauf biologischer Vorgänge nachahmen, z.B. bei einer Krankheitsepidemie die aufeinander folgenden Schritte einer Infektkette, die von der Infektion über Symptombildung, Sporulation zur erneuten Infektion führen. In einem derartigen Modell müssen (in Submodellen) nicht nur die Entwicklung des Schadregens und der Kulturpflanze, auch jene wichtiger natürlicher Gegenspieler und des Verlaufs von Makro- und Mikroklima berücksichtigt werden. Es sind also funktionale Modelle, die erklären, nicht nur beschreiben.

Die Daten werden überwiegend induktiv, aus Experimenten unter kontrollierten Klimabedingungen gewonnen, um die bei Feldermittlungen stets vorhandenen Interkorrelationen auszuschalten. Bei Regressionsmodellen stören die Interkorrelationen weniger. Für Simulationsmodelle müssen stets alle Einflußgrößen, zumindestens alle wichtigen, des komplexen Beziehungsgefüges Pathosystem berücksichtigt werden.

Basierend auf der Kenntnis der physikalischen, chemischen und biologischen Beziehungen wird nur allgemein gültiges Wissen in das Modell des biologischen Systems eingefügt. Bahnbrechend waren hier die Arbeiten von ZADOKS und WAGGONER, die die Modelle der EPIDEM-Familie (für *Alternaria solani* an Tomaten und *Helminthosporium maydis* an Mais) geschaffen haben (ZADOKS, 1979).

Es ist verständlich, daß kleine Ungenauigkeiten in der Darstellung von Einzelschritten sich zu großen Abweichungen des simulierten gegenüber dem wahren Epidemieverlauf potenzieren. Wenige der vorhandenen Simulationsmodelle entsprechen daher in der Darstellungsgenauigkeit schon heute den Anforderungen. ZADOKS (1979) glaubt allerdings, daß Simulationsmodelle die im Endstadium erreichte Befallsstärke mit einer Genauigkeit im 5- oder 10%-Fehlerbereich werden voraussagen können, wenn der Prognosezeitraum nicht größer als 100 Tage und der Gesamtvermehrungsfaktor nicht größer als 10.000 ist. - Einfachheit der Modelle sowie Prognosegenauigkeit und Allgemeingültigkeit sind also Gegensätze, die sich vorerst kaum vereinen lassen.

Es sei schließlich auf einen *gemischten*, mehr erklärenden *Modelltyp* mit zahlreichen Regressionsgleichungen hingewiesen, der bahnbrechend von SCHRÖDTER und ULLRICH (1965) am Beispiel der *Phytophthora*-Prognose bei Kartoffeln entwickelt worden ist. Den gleichen Weg hat übrigens KREMHELLER (1979) mit ihrem *Peronospora*-Modell für den Hopfenbau beschritten. In die Modelle wurden z.B. durch Einbeziehung von Experimenten unter kontrollierten Bedingungen bzw. durch zeitlich begrenzte Exposition von Fangpflanzen zur Beobachtung nur der Inokulumdynamik induktive Elemente integriert. Der Befallsfortschritt im Feld wird als die Summe der Einflüsse auf die verschiedenen Entwicklungsstadien der Krankheit ausgedrückt. Die Modelle beschränken sich auf einige Einflußgrößen von besonderem Gewicht. Mit ihnen wird eine Näherungslösung für die wahre (nicht bekannte) Bewertungsfunktion gesucht.

So haben SCHRÖDTER und ULLRICH (1965) die Krautfäuleentwicklung mit folgenden 5 biometeorologischen Parametern beschrieben:

- Witterungseinfluß auf Sporangienbildung
- " " Sporangienkeimung und Infektion
- " " Myzelwachstum bzw. Ausdehnung der Läsionen
- Bedeutung des Zeitfaktors hoher Luftfeuchtigkeit bzw. Benetzung für Infektion und Fruktifikation
- hemmender Einfluß von Trockenzeiten auf die Krankheitsentwicklung.

Die Autoren konnten auf diese Weise die Krautfäuleentwicklung zu 56 % allein auf die Schwankungen der in der Wetterhütte gemessenen Werte Temperatur, Luftfeuchtigkeit und Niederschlag zurückführen. - Mit der gleichen Methode bemüht man sich schon seit einiger Zeit um Erarbeitung eines Prognosemodells für die Halmbruchkrankheit des Weizens.

Aus bekannten Gründen sollten Prognoseempfehlungen möglichst differenziert, höchstens auf regionaler Ebene ausgesprochen werden. Simulationsmodelle sowie der letztgenannte auch erklärende Modelltyp auf Basis von Regressionsgleichungen erfordern für die Erstellung der Prognose jeweils umfangreiche Rechenarbeit. Hier zeichnen sich 2 Wege der Realisierung ab:

- in pflanzenschutzauwendigen Kulturen Vor-Ort-Aufstellen programmierbarer Kleingeräte (z.B. Obstschorf-Warngerät)
- differenzierte Datenerfassung, zentrale Verrechnung, Ausgabe entsprechender Lageberichte (z.B. PHYTPROG-Dienst, CERCROG-Dienst des Dt. Wetterdienstes).

#### LITERATUR

- EBERT, W., GUTSCHE, V. und MENDE, F., 1975: Allgemeine Grundlagen zur Prognose des Auftretens und der Schadwirkung tierischer Schädlinge. Nachrichtenbl. Pflanzenschutz DDR 29, 184-188.
- KLOSE, A., 1974: Untersuchungen zur Epidemiologie und Prognose von Mehltau (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordei*) an Sommergerste. Diss. Techn. Univ. München, 106 S.).
- KREMHELLER, H.Th., 1979: Untersuchungen zur Epidemiologie und Prognose des Falschen Mehltaus an Hopfen (*Pseudoperonospora humuli* (Miy. et Tak.) Wilson). Diss. Techn. Univ. München, 110 S.
- ROYLE, D.J. und BUTT, D.J., 1979: The place of multiple regression analysis in modern approaches to disease control. EPPO Bull. 9, 155-164.
- SCHRÖDTER, H. und ULLRICH, J., 1965: Untersuchungen zur Biometeorologie und Epidemiologie von *Phytophthora infestans* (Mont.) de By. auf mathematisch-statistischer Grundlage. Phytophatholog. Z. 54, 87-103.
- ZADOKS, J.C., 1979: Simulation of epidemics: Problems and applications. EPPO Bull. 9, 227-234.