

Untersuchungen von *Fusarium proliferatum*- Isolaten aus Spargelstangen

Investigations on Fusarium proliferatum from asparagus spears

Schadock, Ines¹, von Bargen, Susanne¹, Goßmann, Monika¹, Xu, Wenna², Kofoet, A.²,
Büttner, Carmen¹

¹Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin,
Lentzeallee 55/57, 14195 Berlin

²Institut für Gemüse- und Zierpflanzenbau Großbeeren, Theodor-Echtermeyer-Weg 1,
14979 Großbeeren

Fusarium proliferatum ist ein bodenbürtiger Pilz, welcher vor allem in tropischen Regionen zu Wurzel- und Fruchtfäule an verschiedenen Kulturpflanzen führt und sich negativ auf den Ertrag auswirkt. An Spargel (*Asparagus officinalis*) ist er weltweit Mitverursacher der Wurzel- und Kronenfäule. *F. proliferatum* zählt zu den potentiellen Mykotoxinbildnern und bildet u.a. das Toxin Fumonisin B₁. Inwieweit dieser Pilz für die menschliche Ernährung ein Gesundheitsrisiko darstellt, kann zum gegenwärtigen Zeitpunkt noch nicht eingeschätzt werden.

Fünfundvierzig *F. proliferatum* Isolate, die 2003 während der Ernteperiode aus Spargelstangen österreichischer Anbauggebiete isoliert worden waren, wurden mit Hilfe molekularer Fingerprint-Techniken untersucht. Aufgrund der ermittelten reproduzierbaren Bandenmuster nach RAPD- bzw. DAF-PCR konnte eine genetische Heterogenität der *F. proliferatum* Isolate festgestellt werden, die zu einer Einordnung der *F. proliferatum* Isolate in drei Hauptgruppen führte, sowie einer weiteren heterogenen Gruppe, in denen Isolate mit individuellem Bandenmuster enthalten waren. Zwei in der RAPD-Analyse unterschiedliche Pilzisolat wurden ausgewählt, um die genetische Varianz auf molekularer Ebene eingehender zu untersuchen. PCRs zur Amplifikation konservierter Genomabschnitte (TEF1 α und ITS-Region) wurden etabliert, ebenso wie für Genbereiche, die an der Fumonisin-Biosynthese (*FUM1/FUM8*) beteiligt sind. Durch die Sequenzierung von TEF-Genen bzw. ITS-Regionen konnte die Klassifizierung der Pilzisolat aufgrund morphologischer Parameter als *F. proliferatum* bestätigt werden. Sowohl das *FUM1*-Gen, welches für eine Polyketid-Synthase kodiert, als auch das *FUM8*-Gen (Aminoacyltransferase) konnten in diesen Pilzisolaten nachgewiesen werden. Weiterhin wurden die entwickelten *FUM1*- und *FUM8*-Primer dazu genutzt die Expression dieser Gene, welche für die initialen Enzyme des Fumonisin-Biosyntheseweges kodieren (Bojja et al. 2004, Gonzales-Jaen et al. 2004), in *F. proliferatum* Isolaten nachzuweisen, ebenso wie die Bildung des Mykotoxins FB₁ für diese untersuchten *Fusarium proliferatum* Isolate gezeigt werden konnte.

Parallel dazu wurden zwei *F. proliferatum*-Isolate aus zwei der ermittelten DNA-Fingerprint-Gruppen auf ihre Pathogenität an sechs Wochen alten Spargeljungpflanzen überprüft. Dieser Test wurde zum Einen an den Spargelsorten RAVEL und RAMOS und zum Anderen mit zwei unterschiedliche Inokulationsmethoden durchgeführt.

Dabei erwiesen sich beide Sorten als anfällig gegenüber *F. proliferatum*. Die geprüften Pilzisolat unterschieden sich in ihrer Virulenz nicht voneinander. Die Inokulationsmethode hatte jedoch entscheidenden Einfluss auf die Symptomausprägung.

In Abhängigkeit von der Menge eingesetzten Inokulums, zeigten sich bei Infektion der Spargeljungpflanzen mit auf Weizenkornsubstrat gewachsenen *F. proliferatum* schon 10 dpi deutliche Chlorosen der Phyllokladien. Bei Inokulation mit *F. proliferatum*-Sporensuspensionen hingegen, wurden über den gesamten Versuchszeitraum von 50 Tagen keine Wachstumsdepressionen festgestellt.

Literatur:

Bojja RS, Cerny RL, Proctor RH, Liangcheng D (2004) Determining the Biosynthetic Sequence in the Early Steps of the Fumonisin Pathway by Use of Three Gene Disruption Mutants of *Fusarium verticillioides*. *J. Agric. Food Chem.* **52**, 2855-2860

Gonzales-Jaen MT, Mirete S, Patino B, Lopez-Errasquin E, Vazquez C (2004) Genetic markers for the analysis of variability and for production of specific diagnostic sequences in fumonisin-producing strains of *Fusarium verticillioides*. *European Journal of Plant Pathology* **110**, 525-532