

Morphologische Vergleichsuntersuchungen von *Fusarium proliferatum*-Isolaten aus Spargel (*Asparagus officinalis*)



Stefan Müller, Monika Goßmann, Susanne von Bargaen, Carmen Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät, Department für Nutzpflanzen- und Tierwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55/57, D-14195 Berlin
E-Mail: phytomedizin@agr.ar.hu-berlin.de

Einleitung: Bei Probenahmen von Spargelstangen im Mai 2003 in Österreich wurden 45 *Fusarium proliferatum*-Isolate gewonnen (Goßmann et al., 2008), welche mittels RAPD-PCR und DAF-PCR in 14 genetische Fingerprint-Gruppen unterteilt wurden (von Bargaen et al., 2009). Für eine weiterführende Charakterisierung wurden 18 Isolate aufgrund morphologischer Merkmale ausgewählt, von denen sechs hier beispielhaft näher vorgestellt werden (Tab. 1).

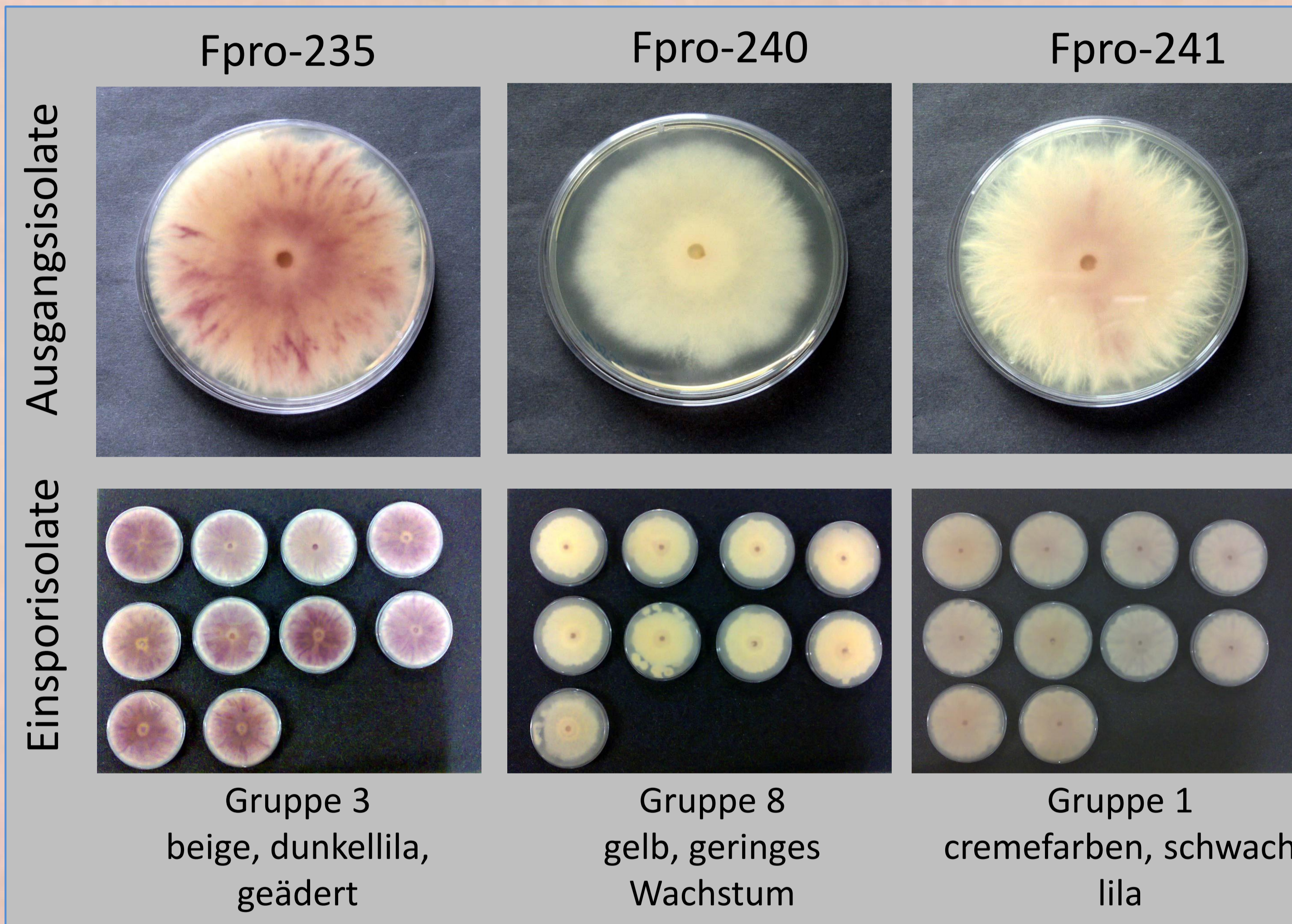
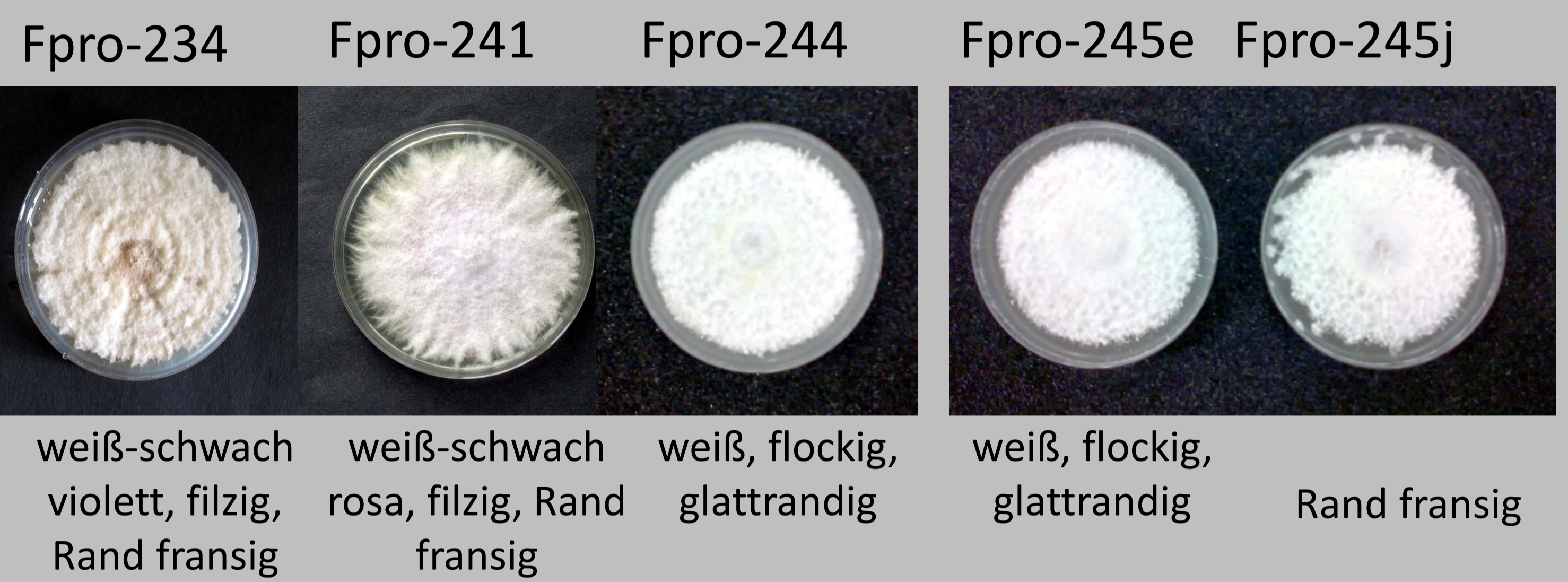


Tabelle 1: *Fusarium proliferatum*-Isolate

Isolatbezeichnung	Standort	Fingerprint-Gruppe	Morphologische Gruppe	Kolonierand	Pigmentierung	Konidienketten
Fpro-234	Niederösterreich	L	Gruppe 4	Rand fransig	Stark pigmentiert	Ketten lang
Fpro-235	Niederösterreich	C	Gruppe 3	Rand fransig	Stark pigmentiert	Ketten kurz
Fpro-240	Burgenland	D	Gruppe 8	Rand fransig, besonderer Wuchs	geringes Wachstum	
Fpro-241	Oberösterreich	C	Gruppe 1	Rand fransig	Schwach pigmentiert	Ketten kurz
Fpro-244	Oberösterreich	A	Gruppe 5	Rand glatt	Schwach pigmentiert	Ketten lang
Fpro-245	Burgenland	E	Gruppe 6	Rand glatt	Schwach pigmentiert	Ketten kurz

Luftmyzel und Kolonierand

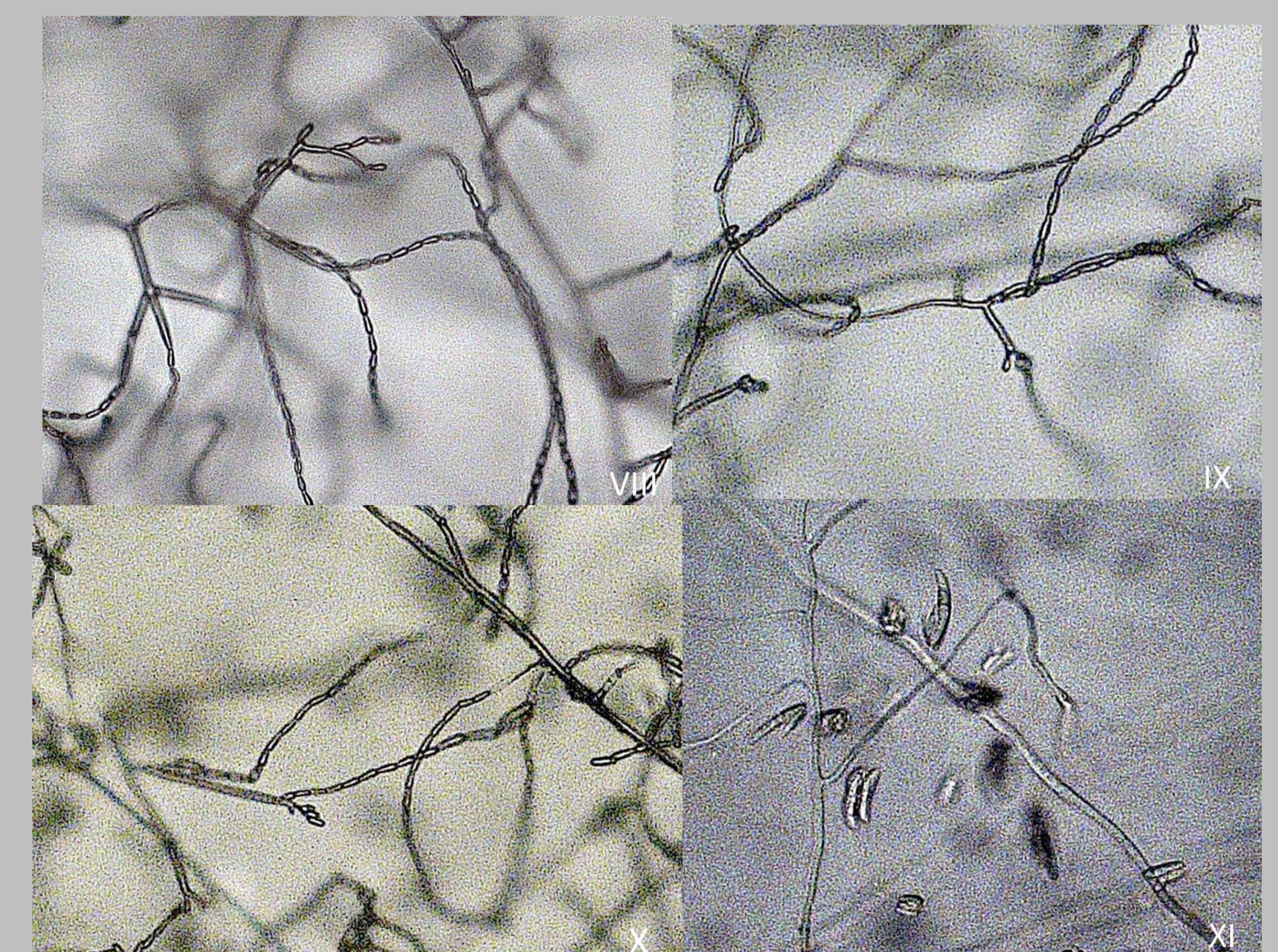
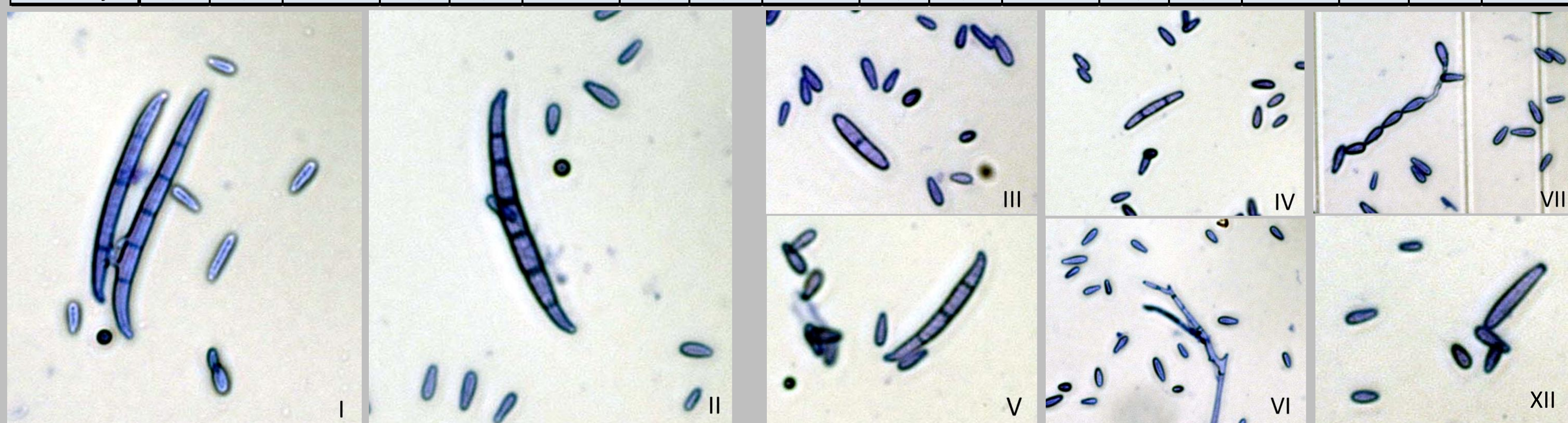


Methoden und Ergebnisse: Die in Erdkultur gelagerten *Fusarium proliferatum*-Isolate wurden reaktiviert und auf speziellen, nährstoffarmen Agar (SNA, Nirenberg, 1976) und potato dextrose agar (PDA) abisoliert, wobei sich Unterschiede im Erscheinungsbild des Luftmyzels, der Beschaffenheit des Randes der Kolonie und vor allem der Pigmentierung des Agars auf der Plattenunterseite auf PDA zeigten. Anschließend wurden je Isolat 10 Einsporlinien (a-j) gewonnen und jeweils 100 Konidien vermessen (Tab. 2). Dabei fielen, neben weitgehender Übereinstimmung

morphologischer Merkmale der Einsporlinien mit dem Ausgangsisolat und innerhalb der Linie, Unterschiede in der mengenmäßigen Verteilung von 0- und 1-septierten Mikrokonidien und 2- bis 5-septierten Makrokonidien auf (Abb.: I bis V, XII). Die für *Fusarium proliferatum* typischen Ketten aus Mikrokonidien, das Auftreten von Makrokonidien und die Bildung von Konidien an arttypischen Polyphialiden waren bei allen Isolaten zu finden (Abb.: VI bis XI).

Tabelle 2: Mittelwerte der Konidiengrößen aller Einsporlinien je Isolat

Einsporlinien	Mittelwerte in µm																	
	0-septiert			1-septiert			2-septiert			3-septiert			4-septiert			5-septiert		
	Länge	Breite	Anzahl n	Länge	Breite	Anzahl n	Länge	Breite	Anzahl n	Länge	Breite	Anzahl n	Länge	Breite	Anzahl n	Länge	Breite	Anzahl n
234 b-j	9,0	3,0	744	17,0	3,4	122	26,0	3,6	11	35,1	3,5	21	52,5	4,7	1	63,2	4,9	1
235 a-j	8,8	3,0	551	18,8	3,2	287	28,2	3,4	39	39,7	3,8	119	53,0	4,4	1	55,3	4,2	3
240 a-j	8,5	3,0	727	18,4	3,4	142	26,2	3,8	8	37,0	4,1	23	-	-	0	-	-	0
241 a-j	9,0	3,0	505	18,3	3,4	389	26,1	3,6	19	38,9	3,9	40	51,8	4,0	10	59,1	4,1	37
244 a-j	8,2	3,0	677	16,4	3,4	199	21,4	3,6	8	33,6	3,8	16	-	-	0	-	-	0
245 a-j	8,3	3,1	526	16,6	3,4	170	25,1	3,7	22	37,5	3,7	77	45,8	4,4	4	-	-	0



Abbildungen: Mikroskopische Aufnahmen auf SNA (14 dpi, 20°C, Dauerdunkel): I: Fpro-235j Makrokonidien 400-fach vergrößert, II: Fpro-245e Makrokonidie 6-septiert 400-fach vergrößert, III: Fpro-244d 1-septiert 400-fach, IV: Fpro-244d 2-septiert 400-fach, V: Fpro-245e 3-septiert 400-fach, VI: Fpro-234j Polyphialide 400-fach, VII: Fpro-245f Konidienkette, VIII: Fpro-244 Konidienträger 200-fach vergrößert, IX: Fpro-234 Polyphialide 200-fach, X: Fpro-238 Polyphialide 200-fach, XI: Fpro-244 Makrokonidien 200-fach, XII: Fpro-245f Mikrokonidien 400-fach

Ausblick: Mittels des gewonnenen Myzels und der hergestellten Sporensuspension der Einsporlinien erfolgen DNA- und RNA-Extraktionen, Nachweise des TEF- sowie der FUM1- und FUM8-Gene mittels spezifischer Primer. Außerdem ist eine Sequenzierung der FUM-Gene vorgesehen.

Anhand dieser Daten soll die genetische Diversität verschiedener *Fusarium proliferatum* Genotypen überprüft und die molekularen Daten morphologischen Charakteristika und dem Fumonisinbildungspotential korreliert werden.