

## Distribution of *Fusarium* species in maize and aspects of their chemical control in wheat

Baraah Mhrez, MSc

1. Berichterstatter: Prof. Dr. J.-A. Verreet

Die protektive (vor und während der Inokulation angewandte) und kurative (angewandt nach der Inokulation) Wirkung der Fungizide Metconazol, Epoxiconazol, Pyraclostrobin und einer Wirkstoffkombination aus Epoxiconazol und Pyraclostrobin gegen *Fusarium graminearum*, den Haupterreger von Ährenfusariosen (*Fusarium* head blight, FHB) in Weizen und Gibberella Ährenfäule in Mais, wurde analysiert. Alle Fungizide besaßen protektive Wirksamkeit, selbst bei 50% der vom Hersteller empfohlenen Dosis. Alle Fungizide reduzierten darüber hinaus die Krankheitsindikatoren FDK (durch *Fusarium* geschädigte Körner), FHB-Index, DON (Deoxynivalenol)-Gehalt und Pilz-DNA, wobei Metconazol am wirksamsten war, dicht gefolgt von der Wirkstoffkombination und dann von Epoxiconazol und Pyraclostrobin, die jeweils einzeln angewandt wurden.

Neununddreißig *Fusarium*-Isolate zeigten unterschiedliche Anfälligkeit gegenüber den Demethylierungshemmern (DMI) Metconazol und Epoxiconazol. Eine Analyse der vom CYP51B-Gen abgeleiteten Aminosäuresequenzen zeigte, dass die Unterschiede in der Anfälligkeit gegenüber DMI auf die Substitution von Aminosäuren im CYP51B-Gen zurückzuführen waren. Anschließend wurde CYP51 von *Fusarium* spp. mit CYP51 des Wildtyps und resistenten Isolaten von *Septoria tritici* verglichen. Die Ergebnisse zeigten keine Unterschiede in der DNA-Sequenz von CYP51 an spezifischen Positionen, was darauf hindeutet, dass Mutationen in CYP51 keine Rolle für die Anfälligkeit gegen *Fusarium* spp. spielen.

Durch Carbendazim verursachte Wachstumshemmungen von *F. graminearum*-Isolaten waren bei allen Konzentrationen weitgehend in ähnlichen Bereichen verteilt. Die DNA-Sequenz von  $\beta$ 2-Tubulin wurde in vier Isolate analysiert. Eine Punktmutation an Position 198 wurde in allen getesteten Isolaten identifiziert; diese Mutation resultierte in einer einzigen Aminosäure-Substitution, wobei Glutaminsäure durch Glutamin ausgetauscht wurde.

Drei verschiedene Tests (Petrischalen-Test, Einzelblüten-Inokulation und DNA-Quantifizierung) wurden angewandt, um die Aggressivität von *Fusarium graminearum*-Isolaten an Weizen zu quantifizieren. Es konnte gezeigt werden, dass die hoch und schwach aggressiven Isolate in den drei Tests einheitlich reagierten, was bestätigt, dass der Petrischalen-Test für das Screening der aggressivsten Isolate von *F. graminearum* verwendet werden kann.

DNA von *Fusarium*-Arten wurde in geringen oder nicht nachweisbaren Konzentrationen in den untersuchten Maisorganen bis zum Blütenstadium gefunden. Danach variiert die Zusammensetzung der Arten je nach Probe und Wachstumsstadium.

Die systemische Infektion von *Fusarium* spp. während des Wachstums und der

Entwicklung von Mais zeigte, dass Wurzeln stärker mit DNA von *Fusarium*-Arten kontaminiert waren als die anderen Pflanzenorgane. DNA-Konzentrationen verringerten sich von der Wurzel bis zum Abschnitt unter dem Hauptkolben und waren systemisch im Stängel verteilt, das heißt in den Nodien und Internodien bis zum Kolben. Die höchsten DNA-Konzentrationen wurden im Hauptkolben nach dem Stadium der Blüte nachgewiesen und sie erhöhten sich allmählich bis zur Reife.