

Untersuchungen zur geografischen Verbreitung und DNA-Befallsstärke verschiedener *Rhizoctonia*-Spezies in den Kulturen Weizen und Mais unter Berücksichtigung von Umwelt- und Anbausystemfaktoren

M.Sc. Gesine Thomsen

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

Pathogene, die die oberirdischen Organe von Kulturpflanzen befallen, sind häufig aufgrund der erregerspezifischen Symptomatik relativ leicht zu identifizieren und zu unterscheiden. Aufgrund der vielfältigen Diagnosemöglichkeiten gibt es für die einzelnen Erreger zahlreiche Untersuchungen zu den Verbreitungs- und Infektionswegen, dem Vorkommen in den Anbauregionen der Wirtspflanzen und Erhebungen zur Ertragsrelevanz. Bodenbürtige Pathogene werden hingegen häufig bei der Gesunderhaltung unserer Kulturpflanzen nicht ausreichend berücksichtigt. Als eine der bekanntesten und vielfältigsten Gruppen bodenbürtiger Schaderreger ist die Gattung *Rhizoctonia* zu nennen. Aufgrund der Vielfältigkeit und hohen Anzahl verschiedener Spezies, die dieser Gattung zugeordnet werden können, wurden die Vertreter in sogenannte Anastomosegruppen (AG) eingeteilt. Vor allem die AG 2-2 IIIB rückte zuletzt vermehrt als Schaderreger an Mais in den Fokus der Praxis und der Forschung. Im Rahmen regional in Schleswig-Holstein an Mais und Weizen und überregional in Deutschland, Frankreich und der Schweiz an Mais mittels qualitativer und quantitativer Nachweismethoden durchgeführter Untersuchungen von Pflanzen- und Bodenproben, wurde die geografische Verbreitung und die Befallsintensität der Untergruppen AG 1 IA, AG 1 IB, AG 2-2 IIIB und *R. cerealis* im Vegetationsverlauf analysiert. Die Untersuchung der Feldproben lieferte bezüglich der DNA-Befallsstärke (‰) in den Versuchsjahren 2014 und 2015 für die Erreger AG 2-2 IIIB und *R. cerealis* reproduzierbare Ergebnisse. Die AG 1 IA und die AG 1 IB konnten im Vergleich zu der AG 2-2 IIIB und *R. cerealis* sowohl bezüglich der qualitativen Nachweishäufigkeit, als auch der quantitativen DNA-Befallsstärke (‰) nur in geringer Frequenz nachgewiesen werden. Die Weizenproben aus Schleswig-Holstein wiesen sehr hohe DNA-Befallsstärken (‰) von *R. cerealis* auf, wobei der Befall im Versuchsjahr 2015 auch schon in frühen Entwicklungsstadien nachweisbar war. Im Mais gelang vornehmlich ein Nachweis der AG 2-2 IIIB, wobei auch ein latenter Befall der Pflanzen mit *R. cerealis* detektiert wurde. Um die an den überregionalen Versuchsstandorten gemessenen DNA-Befallsstärken (‰) bewerten zu können, wurde unter Berücksichtigung der Einflussfaktoren „Fruchtfolgegestaltung“ und dem „Sandgehalt der beprobten Versuchsflächen“ auf die DNA-Befallsstärke (‰) ein Gefährdungsindex (%) entwickelt. Im Ergebnis kann herausgestellt werden, dass Mais beim Anbau in einer engen Fruchtfolge bis hin zu Monokultur einer deutlich stärkeren Belastung mit der AG 2-2 IIIB unterliegt. Wird Mais jedoch in Monokultur angebaut und der Erreger ist im Pflanzenmaterial nachweisbar, so wird ein Befall der Pflanzen durch einen ansteigenden Sandgehalt der Versuchsflächen zusätzlich begünstigt. Insgesamt konnte festgestellt werden, dass die AG 1 IA und AG 1 IB im Weizen und im Mais sowohl regional in Schleswig-Holstein als auch überregional im Mais in Deutschland, Frankreich und der Schweiz nachweisbar sind. Entsprechend der gemessenen DNA-Befallsstärken (‰) ist diesen beiden *Rhizoctonia*-Spezies jedoch keine Bedeutung beizumessen. *R. cerealis* befällt Weizen und Mais gleichermaßen, wobei der Mais erst spät besiedelt wird und vor allem in Fruchtfolgen mit hohem Getreideanteil in höheren DNA-Befallsstärken (‰) zu detektieren ist, bzw. zu höheren Gefährdungsindices (%) führt. Über die Auflockerung der Fruchtfolge und die damit einhergehende Senkung der Befallsintensität bzw. des Gefährdungsindex (%) kann die Auswirkung zusätzlicher, schwer steuerbarer Einflussgrößen wie verschiedene bodenchemische und bodenphysikalische Eigenschaften der Anbauflächen überlagert werden.

(Prof. Dr. J.-A. Verreet)