

Investigation of the structural and genetic diversity of *Pythium* communities in European corn fields and evaluation of their disease potential and control strategies

Wilken Christian Boie

Bodengesundheit ist für den nachhaltigen Anbau von Nutzpflanzen von großer Bedeutung. Dabei spielen bodenbürtige Schadpathogene, wie *Pythium* spp., eine entscheidende Rolle, da sie erhebliche Schäden an landwirtschaftlichen Kulturen wie Mais (*Zea mays*) verursachen können. Charakteristische Symptome einer *Pythium*-Infektion sind die Wurzel- und Stängelfäule, die Umfallkrankheit sowie ein allgemein reduziertes Pflanzenwachstum. Hinzukommend begünstigen *Pythium* spp. auch die primäre und sekundäre Infektion durch andere Schaderreger. Die effektive Bekämpfung dieses Pathogens ist daher eine große Herausforderung in der praktischen Landwirtschaft. Der verbreitetste Ansatz des Erregermanagements ist der Einsatz chemischer Saatgutbeizen. Hierbei gilt es jedoch zu berücksichtigen, dass ein Einsatz ungeachtet der Zusammensetzung der Erregerpopulation erfolgt. Ein entsprechendes Verständnis in Bezug auf die strukturelle und kompositionelle Zusammensetzung von *Pythium* Populationen ist jedoch für ein nachhaltiges Erregermanagement von großer Bedeutung.

In dieser Arbeit wurden Bodenproben von insgesamt 127 Standorten aus 11 europäischen Ländern analysiert, um die strukturelle und kompositionelle Verbreitung des Erregers *Pythium* spp. zu untersuchen. Die DNA wurde aus den Bodenproben isoliert und ITS-Amplikons mittels Next-Generation Sequenzierung (NGS) analysiert. Die bioinformatische Auswertung der Sequenzierung verdeutlicht die europaweite Dominanz der Spezies *P. attrantheridium*, *P. heterothallicum*, *P. sylvaticum* und *P. ultimum*. Hinzukommend wurde festgestellt, dass einzelne ASVs (Amplicon Sequence Variants) einiger dominanter Spezies wiederholt in Europa nachgewiesen wurden.

Einen wesentlichen Einfluss auf das *Pythium* Mikrobiom hat der Tonanteil des Bodens, da bei höherem Tonanteil die Inokulum-Dichte und Diversität geringer ausfällt. Anhand von zwei sich in ihrer Pathogenität unterscheidenden *Pythium*-Spezies sowie einer nicht infizierten Kontrolle wurde zusätzlich die molekulare Wirt-Parasit-Interaktion untersucht.

Mittels eines selektiven Benomyl-Ampicillin-Rifampicin-Pentachloronitrobenzol-mediums (BARP) wurden aus 123 gepoolten Baitproben die dominanten *Pythium*-Spezies aus den Bodenproben zusätzlich evaluiert. Hinzukommend wurden zehn Isolate unterschiedlicher Spezies aus dem Medium kultiviert, ITS Fragmente amplifiziert und durch Sanger Sequenzierung identifiziert. Durch einen Vergleich der genetischen Übereinstimmung der Isolate mit den dominanten ASVs der NGS Analyse konnten sechs *Pythium*-Spezies ausgewählt werden und auf ihre Pathogenität, ihre gegenseitige Interaktion bei multiplen Infektionen sowie ihre Sensitivität gegenüber unterschiedlichen Wirkstoffen untersucht werden. Hierbei wurde festgestellt, dass *P. ultimum* und *P. irregulare* die Keimrate sowie die Sprossfrisch- und Wurzeltrockenmasse signifikant reduzierten. Die gleichzeitige Infektion mit mehreren Spezies verdeutlicht die unterschiedliche Konkurrenzfähigkeit innerhalb der Gattung. Darüber hinaus wurde die Notwendigkeit einer angepassten Pathogenbekämpfung durch die unterschiedlichen Wirkungsgrade der Beizmittel deutlich. Picarbutrazox, Metalaxyl-M und Phosphit erzielten den größten Bekämpfungserfolg, während insbesondere Azoxystrobin keinen der erhobenen Parameter signifikant steigerte. Die Sensitivitätsanalyse bestätigt die beobachteten Sensitivitätsverluste gegenüber Azoxystrobin und verdeutlichte den hohen Wirkungsgrad von Picarbutrazox.

Die Ergebnisse dieser Arbeit unterstreichen die Relevanz des Erregers *Pythium* spp. in Europa, bestätigen das hohe Schadpotenzial und liefern einen wertvollen Datensatz für die Entwicklung innovativer Bekämpfungsstrategien.