
Sektion 48

Pflanzenschutz im Ackerbau V

48-1 - Erstes *Fusarium*-Monitoring im deutschen Haferanbau – Ein Überblick aus dreijährigen Ergebnissen

First Fusarium monitoring in German oats – results from a three-year study

Paulina Georgieva¹, Matthias Herrmann², Andreas von Tiedemann¹, Petr Karlovsky³, Steffen Beuch⁴, Michael Sulyok⁵, Mark Winter¹

¹Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

²Julius Kühn-Institut, Institut für Züchtungsforschung an landwirtschaftlichen Kulturen, Rudolf-Schick-Platz 3a, 18190 Sanitz, OT Groß Lüsewitz

³Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Molekulare Phytopathologie und Mykotoxinforschung, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

⁴Nordsaat Saatzeit GmbH, Saatzeit Granskevitz, Granskevitz 3, 18569 Granskevitz

⁵Universität für Bodenkultur (BOKU) Wien, Department IFA-Tulln, Analytikzentrum, Konrad-Lorenz-Straße 20, 3430 Tulln an der Donau, Österreich

In den vergangenen Jahren hat der Anbau von Hafer in Deutschland aufgrund der steigenden Nachfrage nach Industriehafer für die Produktion von Haferflocken, Frühstückscerealien und Müsliriegeln an Bedeutung gewonnen. Generell gilt Hafer als eine relativ gesunde Getreideart, was die Anfälligkeit gegenüber Pilzkrankheiten betrifft. Dennoch sind in jüngerer Zeit in Kornproben aus Skandinavien und Großbritannien vermehrt hohe Gehalte an *Fusarium*mykotoxinen gefunden worden. Die Ursache ist die Rispenfusariose an Hafer, welche als wenig erforschte Krankheit gilt und auch bei fehlenden Krankheitssymptomen zu erheblichen Mykotoxinbelastungen des Ernteguts führen kann. Die Krankheit wird durch Schimmelpilze aus der Gattung *Fusarium* verursacht. Monitorings aus Nordeuropa zeigten, dass im Hafer vor allem die Mykotoxine Deoxynivalenol (DON) und T-2/HT-2 eine Rolle spielen. Bislang ist allerdings wenig über die *Fusarium*arten und das Mykotoxinspektrum im deutschen Haferanbau bekannt. Daher wurde in dieser Arbeit in einem dreijährigen Monitoring an 10 bis 14 Standorten in Deutschland das *Fusarium*arten- und Mykotoxinspektrum an den Rispen und Körnern ermittelt. Hierzu wurden je Standort 200 Haferkörner auf Nährmedien ausgelegt, um Reinkulturen von *Fusarium* zu gewinnen. Anschließend wurden die *Fusarium*arten anhand ihrer Morphologie und mittels Sequenzierung von spezifischen Genomabschnitten identifiziert. Zusätzlich wurden die gewonnenen Isolate mittels PCR-Verfahren in genetische Chemotypen eingeteilt. Das Mykotoxinspektrum in den Haferkörnern wurde durch HPLC-MS/MS festgestellt. Weiterhin wurden ausgewählte Arten hinsichtlich ihrer Aggressivität in Gewächshausversuchen untersucht. Nach künstlicher Infektion von Haferpflanzen wurde die Besiedelung des reifen Korns durch die Quantifizierung der pilzlichen DNA mittels qPCR erfasst. In den untersuchten Kornproben lag die Befallshäufigkeit von *Fusarium* spp. bei bis zu 67%. Das ermittelte Artenspektrum in den Jahren 2015 bis 2017 umfasste insgesamt neun *Fusarium*arten, wobei die potenziellen Mykotoxinproduzenten *Fusarium poae*, *F. sporotrichioides*, *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. langsethiae* in nennenswerter Anzahl identifiziert wurden. Die am häufigsten auftretende Art war der Nivalenol- (NIV) Produzent *F. poae*. Die am häufigsten und in höchsten Mengen gemessenen Mykotoxine im Hafer waren T-2 und HT-2 (bis 850 µg/kg), DON (330 µg/kg), sowie NIV (928 µg/kg). Unter Laborbedingungen konnten durch Schälern

der Körner die Mykotoxingehalte um bis zu 100 % reduziert werden. Die Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass *F. langsethiae* und *F. sporotrichioides* als Hauptproduzenten von T-2/HT-2 im deutschen Haferanbau angesehen werden können. Dennoch konnte keine Korrelation zwischen den DNA-Gehalten von *F. sporotrichioides* und *F. langsethiae* und den T-2 Gehalten in den Haferproben vom Feld nachgewiesen werden. Zwischen den DNA-Gehalten von *F. poae* und NIV bestand unter natürlichen Bedingungen hingegen eine leicht positive Korrelation. Die genetische Chemotypisierung der gewonnenen Isolate zeigte, dass die Isolate von *F. culmorum* und *F. graminearum* zur Gruppe der 3-acetyl-DON-Produzenten und die von *F. poae* zur Gruppe der NIV-Produzenten gezählt werden können. Aus den vorliegenden Untersuchungen kann geschlossen werden, dass die Arten *F. langsethiae* und *F. sporotrichioides* in manchen Jahren auch im deutschen Haferanbau zu finden sind und als Hauptproduzenten von T-2/HT-2 angesehen werden können. Auf Grund unserer Gewächshaus- und Felduntersuchungen hat sich aber gezeigt, dass *F. sporotrichioides* deutlich aggressiver als *F. langsethiae* ist. Die am häufigsten auftretende Fusariumart war *F. poae*, die zu signifikanten NIV-Belastungen im deutschen Hafer führen kann. Besonders durch die hohe Toxizität von NIV im Vergleich zu DON stellen *F. poae* und die damit einhergehenden NIV-Belastungen eine ernstzunehmende Gefahr für die deutsche Haferproduktion dar.

48-2 - Einfluss des systemischen Befalls von Pilzkrankheiten im Mais auf das Auftreten von Mykotoxinen und Ansätze für einen Integrierten Pflanzenschutz

Effect of systemic infection with fungal pathogens in maize on the occurrence of mycotoxins and options for Integrated Pest Management

Michael Heß¹, Lukas Kutschera¹, Michael Rychlik²

¹Technische Universität München, Lehrstuhl für Phytopathologie

²Technische Universität München, Lehrstuhl für Analytische Lebensmittelchemie

Auftreten und Kontrolle von Pilzkrankheiten im Mais sind für Deutschland nur wenig systematisch untersucht. Aufgrund des vereinzelt beobachteten Befalls wird daher in der Praxis Pilzkrankungen nur eine geringe Bedeutung beigemessen. Trotzdem kommt es bei Monitoringuntersuchungen immer wieder zu überraschend hohem Auftreten von Mykotoxinen.

Das Abknicken von einem äußerlich symptomfreien Mais im Jahr 2015 lenkte die Aufmerksamkeit auf den endophytischen Befall und die Bedeutung einer systemischen Ausbreitung. Bei den mykologischen Untersuchungen konnte der systemische Befall mit verschiedenen Pilzen im Stengel nachgewiesen werden. Dabei dominierte *Fusarium graminearum*. PCR und Toxin Analysen der systematischen Untersuchungen in Feldversuchen der Jahre 2016 und 2017 konnten die Beobachtungen aus dem Jahr 2015 bestätigen. Der Einfluss von Sorte, Bestandesdichte und Fungizideinsatz als mögliche Kontrollmaßnahmen wird auf Basis der Ergebnisse diskutiert.

48-3 - Deutschlandweites *Fusarium*-Monitoring – Auftreten von *Fusarium*-Arten an Mais in Kolben und Stängeln

German wide Fusarium-Monitoring – Occurrence of Fusarium-species on maize cobs and stalks

Annette Pfordt¹, Simon Schiwiek², Lucia Ramos Romero¹, Petr Karlovsky², Andreas von Tiedemann²

¹Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

²Georg-August-Universität Göttingen, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung für Molekulare Phytopathologie und Mykotoxinforschung, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen

Durch die Zunahme des Maisanbaus in engen Weizenfruchtfolgen hat der Befall von *Fusarium*-Arten an Maiskolben und -stängeln stark zugenommen. Kolben- und Stängelfusariosen können die Qualität sowohl für die Tierfütterung als auch für die menschliche Ernährung durch die Kontamination des Erntegutes mit gesundheitsgefährdenden Mykotoxinen erheblich beeinträchtigen. Da es über das Spektrum der *Fusarium*-Arten an Mais in Deutschland keine hinreichenden neueren Untersuchungen gibt, ist eine gezielte Resistenzprüfung von Maisgenotypen nicht möglich. Daher wurde die augenblicklich vorherrschende Befallsituation durch ein überregionales Monitoring der an den verschiedenen Maisorganen (Kolben und Stängel) vorkommenden *Fusarium*-Arten durchgeführt, um ihre phytopathologische Bedeutung zu ermitteln und mögliche Auswirkungen auf die Mykotoxinbelastung des Erntegutes abschätzen zu können. Dazu wurden im Jahr 2017 an 42 Standorten in Deutschland insgesamt 189 Maiskolben- und 112 Stängelproben gesammelt und von jedem Standort agronomische und meteorologische Schlagdaten erhoben (Bodenbearbeitung, Vorfrucht, Lufttemperatur, Niederschlag und relative Luftfeuchte im Juli). Die Befallsstärke des Kolbens wurde mittels EPPO Richtlinien separat an den äußeren Körnern und an der Spindel bonitiert. Aus den Körner-, Spindel- und Stängelproben wurden die *Fusarium*-Arten isoliert und anhand makroskopischer Merkmale auf PDA-Nährmedium wie Farbe und Myzelwachstum und mikroskopisch anhand der artcharakteristischen Sporenform bestimmt. Zwischen den *Fusarium*-Arten mit ähnlichen morphologischen Merkmalen wurde mittels quantitativer qPCR oder Sequenzierung des translation-elongation factor 1 alpha (TEF1 α) Gens unterschieden. Die Untersuchungen zeigten im Jahr 2017 an 74 % aller untersuchten Kolben (Körner und Spindel zusammen) (n=180) einen starken Befall mit *F. graminearum*. Am zweithäufigsten wurde an den Kolben Befall mit *F. poae* (17 %) festgestellt, gefolgt von *F. verticillioides* (14 %), *F. temperatum* und *F. cerealis* (jeweils 13 %). *F. tricinctum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. equiseti* und *F. sporotrichoides* spielten eine untergeordnete Bedeutung. An den untersuchten Stängelproben zeigte sich eine auffällig andere Zusammensetzung der *Fusarium*-Arten als am Kolben. Zwar dominierte auch *F. graminearum* mit 80 % (n=112), jedoch folgten am Stängel *F. culmorum* (21 %), *F. cerealis* (19 %), *F. temperatum* (11 %) und *F. equiseti* (11 %). Die Art der Bodenbearbeitung (wendend, nicht wendend), die Vorfrucht (Zuckerrübe, Mais, Getreide) sowie die Lufttemperatur und der Niederschlag im Juli zeigten einen signifikanten Einfluss auf die Befallshäufigkeit der verschiedenen *Fusarium*-Arten am Gesamtkolben und Stängel.

Literatur

EPPO Guidelines. 2015. Fusarium ear rot of maize. EPPO Bulletin 2015, 45 (3), 336-339. European and Mediterranean Plant Protection Organization, Paris.

48-4 - Charakterisierung von *Fusarium*-Arten aus einem Monitoring an Mais in Deutschland: Molekulargenetische Artbestimmung und Analyse des Mykotoxinspektrums

Characterization of Fusarium species from a German maize monitoring: Molecular genetic identification of species and mycotoxin spectrum

Simon Schiwiek¹, Annette Pfordt², Andreas von Tiedemann², Anna Rathgeb¹, Petr Karlovsky¹

¹Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Molekulare Phytopathologie und Mykotoxinforschung, Georg-August-Universität Göttingen, Grisebachstr. 6, 37077, Göttingen

²Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Abteilung Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Georg-August-Universität Göttingen, Grisebachstr. 6, 37077, Göttingen

Das Auftreten der *Fusarium* Kolben- oder Stängelfäule an Mais kann zu einer Kontamination des Ernteguts mit gesundheitsgefährdenden Mykotoxinen führen. Durch die Zunahme des Maisanbaus in Deutschland hat dieses Befallsrisiko stark zugenommen. Mykotoxine werden als sekundäre Metabolite verschiedener *Fusarium*-Arten gebildet und weisen unterschiedliche Toxizität auf. Für bestimmte Toxine wurden per Verordnung auf EU-Ebene Höchstmengen für verschiedene Lebensmittel festgelegt. Die Gesamtheit der *Fusarium*-Toxine legt jedoch eine hohe chemische Diversität an den Tag, was einen umfassenden Nachweis erschwert. Das Arbeitsziel besteht in der genauen taxonomischen Erfassung der relevanten *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxinspektren.

In einem überregionalen Monitoring wurden insgesamt 189 infizierte Maiskolben und 112 Stängelsegmente von 42 Standorten in Deutschland im Jahr 2017 gesammelt. Aufgetrennt in Korn, Spindel und Stängel wurden die befallenden *Fusarium*-Arten isoliert. Diese Kulturen wurden anhand makroskopischer und mikroskopischer Merkmale identifiziert. Nach der Extraktion der genomischen DNA aus Einzelsporkulturen der Isolate erfolgten die Bestimmung mittels artspezifischer PCR und die Sequenzierung der *tef1a* und *its* Markergene, insbesondere für die Trennung der Mitglieder des *Gibberella fujikuroi* species complex (GFSC). Verbleibende Probensegmente wurden gefriergetrocknet und für die Mykotoxinextraktion homogenisiert. Ausgewählte Isolate wurden auf Reis und zerkleinerten Maiskörnern kultiviert und ebenfalls gefriergetrocknet. Die Bestimmung des Mykotoxinspektrums erfolgte mittels HPLC-MS/MS im Multiple Reaction-Monitoring Modus. Abschließend wurden die Ergebnisse mit quantitativen PCR-Daten der Biomasse in den Probenmehlen verglichen.

Das Monitoring in 2017 ergab folgende fünf am häufigsten auftretenden Arten an den Kolben (Körner und Spindel zusammengefasst): *F. graminearum* (73 %), *F. poae* (17 %), *F. verticillioides* (14 %), *F. temperatum* (13 %) und *F. cerealis* (13 %). Diese Ergebnisse zeigen unter anderem, dass neben der Art *F. graminearum*, Mitglieder des GFSC, *F. verticillioides* und *F. temperatum*, zu den derzeit wichtigsten Bedrohungen für den Befall des Kolbens zählen. Der Stängel zeigte eine andere Zusammensetzung infizierender Arten. Folgende fünf Arten waren am häufigsten vertreten: *F. graminearum* (80 %), *F. culmorum* (21 %), *F. cerealis* (19 %), *F. temperatum* (15 %) und *F. equiseti* (11 %). Für die Mykotoxinanalyse wurde eine Methode verwendet, die 18 Mykotoxine erfasst. Die Bestimmung des Mykotoxinspektrums und der Mykotoxingehalte in Feldproben und Laborkulturen ausgewählter Spezies zeigte deutliche Unterschiede zwischen den getesteten Isolaten.

48-5 - Einfluss der Silierung auf die Stabilität von *Fusarium*-Mykotoxinen

Fate of Fusarium mycotoxins during the ensiling process

Tolke Jensen¹, Marthe de Boevre², Sarah de Saeger², Nils Preußke³, Frank Sönnichsen³, Joseph-Alexander Verreet¹, Holger Klink¹, Tim Birr¹

¹Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Phytopathologie, Hermann-Rodewald-Straße 9, 24118 Kiel

t.jensen@phytomed.uni-kiel.de

²Ghent University, Centre of Excellence in Mycotoxicology and Public Health, Ottergemsesteenweg 460, 9000 Ghent, Belgium

³Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Otto Diels Institut für Organische Chemie, Otto-Hahn-Platz 4, 24118 Kiel

Pilze der Gattung *Fusarium* können von der Aussaat bis zur Ernte sowohl vegetative als auch generative Organe einer Maispflanze befallen und neben Ertragsverlusten zu einer Kontamination des Erntegutes mit warmlütertoxischen Metaboliten, sogenannten Mykotoxinen, führen (Oldenburg et al., 2017). Da physikalische und chemische Detoxifikationsmaßnahmen aufgrund der partiellen Wirksamkeit und Veränderung der Matrix begrenzt sind, stellen biologische Dekontaminationsmaßnahmen nach der Ernte durch Mikroorganismen eine vielversprechende umweltfreundlichere Alternative dar (Tuppia et al., 2017). Die Fähigkeit zum Mykotoxinabbau konnte *in vitro* für Milchsäurebakterien, *Bacillus* spp. als auch für Hefen nachgewiesen werden (Wambacq et al., 2016). Alle genannten Mikroorganismen sind Teil der epiphytischen Mikroflora von Maissilagen. Das Ziel der vorliegenden Arbeit war es daher, den Einfluss des Silierungsprozesses als auch den Effekt unterschiedlicher Silierzusätze auf die Stabilität von *Fusarium*-Mykotoxinen zu untersuchen. Dafür wurde Silomais künstlich kontaminiert und in Laborsilos für 90 Tage einsiliert. Mittels einer gemäß der Entscheidung 2002/657/EG der Kommission für Silomais als auch Maissilage validierten LC-high resolution Orbitrap[®] MS-Methode wurden die Gehalte an Deoxynivalenol (DON), Deoxynivalenol-3-Glucoside (DON3G), 3+15-Acetyl-Deoxynivalenol (3+15-AcDON), Deepoxy-Deoxynivalenol (DOM-1), Zearalenon (ZEN), alpha-Zearalenol (α -ZEL) und beta-Zearalenol (β -ZEL) vor und nach der Silierung quantifiziert. In dem Vortrag werden die Ergebnisse der Silierexperimente vorgestellt und die daraus resultierenden Konsequenzen für die Tiergesundheit diskutiert.

Literatur

Oldenburg, E., Höppner, F., Ellner, F., Weinert, J., 2017: *Fusarium* diseases of maize associated with mycotoxin contamination of agricultural products intended to be used for food and feed. *Mycotoxin Res* **33**, 167-182.

Tuppia, C.M., Atanasova-Penichon, V., Chéreau, S., Ferrer, N., Marchegay, G., Savoie, J.M., Richard-Forget, F., 2017: Yeast and bacteria from ensiled high moisture maize grains as potential mitigation agents of fumonisin B1. *J Sci Food Agric* **97**, 2443-2452.

Wambacq, E., Vanhoutte, I., Audenaert, K., De Gelder, L., Haesaert, G., 2016: Occurrence, prevention and remediation of toxigenic fungi and mycotoxins in silage: a review. *J Sci Food Agric* **96**, 2284-2302.

48-6 - Bedeutung und Reduktion von Mykotoxinen in Mais

Torsten Balz, Josef Terhardt

Bayer CropScience Deutschland GmbH

Die Bedeutung von Mykotoxinen in Mais wird intensiv diskutiert. Dafür gibt es unterschiedliche Gründe. Einer der Gründe ist ein Umdenken in der Bedeutung von DON und ZEA in der Rinderfütterung. Ein anderer Grund sind fehlende Analysedaten, die das Auftreten von Mykotoxinen im Mais dokumentieren. In den Jahren 2016 und 2017 wurde ein deutschlandweites Mykotoxinmonitoring in Mais von Bayer CropScience durchgeführt.

Dabei wurden Maisproben von Landwirten zur Untersuchung in ein Analyselabor eingeschickt. Mittels HPLC wurden die DON und ZEA Gehalte analysiert.

Im Jahr 2016 hat das Fungizid Prosaro eine zusätzliche Indikation gegen *Fusarium*, zur Reduktion von Mykotoxinen in Mais erhalten. In Exaktversuchen konnte die Wirksamkeit von Prosaro gezeigt werden. Aus Timing-Versuchen wird das optimale Anwendungsfenster abgeleitet. Ergebnisse und Erfahrungen aus diesen Versuchen werden vorgestellt.

48-7 - Körnermais-Mykotoxin-Prognosesystem

Joseph-Alexander Verreet, Tim Birr, Christoph Algermissen, Holger Klink

Christian-Albrechts-Universität zu Kiel, Institut für Phytopathologie, Hermann-Rodewald-Straße 9, 24118 Kiel

Wie im Weizen übt die Witterung während der Blühphase des Mais einen entscheidenden Einfluss auf den Mykotoxingehalt im Erntegut aus. In einem Kooperationsprojekt mit der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft wurde dieser Zusammenhang (16 überregionale Versuchsstandorte, 20 Sorten) anhand der durchgeführten Landessortenversuche in Bayern der Jahre 2010 bis 2014 deutlich. Die Kenntnis der Blühphase ist hierbei entscheidend; deren genaue und überregional gleichzeitige Ermittlung ist jedoch sehr zeit- und arbeitsintensiv. Um den Zeitraum der Blüte zu bestimmen, wurde das Temperatursummenmodell von Rath et al. (2005) genutzt. Anhand der Temperatursumme ab Aussaat konnten die theoretischen Blühzeitpunkte der Sorten an den einzelnen Standorten berechnet und die Witterungsparameter Niederschlag und Temperatur in dieser Phase mit dem DON-Gehalt im Erntegut in Beziehung gebracht werden. Hierbei korrelieren die aufgezeichneten Niederschläge und Temperaturen als Haupteinflussfaktoren von *Fusarium*-Infektionen zur Zeit der Blüte mit den zur Ernte in den Kornproben nachgewiesenen DON-Gehalten in hohem Maße (z. B. $R_2 = 0,91$ in der Sorte ‚Susan‘; Mittel aller Sorten, Jahre und Standorte $R_2 = 0,64$). Hierauf basierend wurde ein multiples Regressionsmodell zur witterungsbasierten Prognose der DON-Kontamination im Körnermaiserntegut abgeleitet. Das Modell wurde anhand von Witterungsdaten und DON-Gehalten bayerischer und österreichischer Standorte mit hohen Vorhersagegenauigkeiten getestet bzw. validiert.