

Aus dem Institut für Phytopathologie
der Christian–Albrechts–Universität zu Kiel

**Überregionales Monitoring zur
Epidemie- und Schadensdynamik von *Fusarium*erregern
sowie Strategien zur Befalls- und Risikominimierung der
Mykotoxinbelastung in der Weizen- und Maiskultur
Schleswig-Holsteins (2008 – 2012)**

Dissertation
zu Erlangung des Doktorgrades
der Agrar– und Ernährungswissenschaftlichen Fakultät
der Christian–Albrechts–Universität zu Kiel

vorgelegt von
M.Sc. Tim Birr
aus Eutin

Kiel, 2013

Dekan: Prof. Dr. Horn

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Verreet

2. Berichterstatter: Prof. Dr. Cai

Tag der mündlichen Prüfung: 06.11.2013

Gedruckt mit Genehmigung der Agrar- und Ernährungswissenschaftlichen Fakultät
der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis.....	I
Abbildungsverzeichnis.....	V
Tabellenverzeichnis.....	XIV
Abkürzungsverzeichnis.....	XVI
1. Einleitung.....	1
2. Literaturübersicht <i>Fusarium</i> -Arten.....	3
2.1 Taxonomie und Artenspektrum.....	3
2.2 Symptomatik.....	4
2.2.1 Symptomatik an Weizen.....	4
2.2.2 Symptomatik an Mais.....	5
2.3 Biologie und Infektionszyklus.....	7
2.4 Mykotoxine.....	10
2.5 Strategien zur Vermeidung von Mykotoxinen.....	22
3. Material und Methoden.....	27
3.1 Verwendete Materialien.....	27
3.1.1 Technische Geräte.....	27
3.1.2 Verbrauchsmaterialien und molekularbiologische Kits.....	28
3.1.3 Chemikalien.....	28
3.1.4 Puffer.....	30
3.1.5 Enzyme.....	30
3.1.6 Medien.....	30
3.1.7 Organismen.....	31
3.1.8 Fungizide.....	32
3.2 Feldversuche Winterweizen und Silomais.....	32
3.2.1 Lage der Versuchsstandorte.....	32
3.2.2 Anbauparameter und Maßnahmen der Bestandesführung.....	36
3.2.2.1 Fruchtfolge und Vorfrüchte.....	36
3.2.2.2 Bodenbearbeitung.....	38
3.2.2.3 Sortenwahl.....	39
3.2.2.4 Saattermin und Saatstärke.....	39
3.2.2.5 Stickstoff-Düngung.....	41
3.2.2.6 Pflanzenschutz.....	42
3.2.3 Versuchsanlage, Versuchsdurchführung und Fungizidapplikation.....	42
3.2.4 Erfassung meteorologischer Daten.....	44
3.2.5 Probenahme und Probenvorbereitung.....	45
3.3 Molekularbiologische Untersuchungen.....	45

3.3.1	DNA-Extraktion	45
3.3.2	Bestimmung der DNA-Konzentration.....	46
3.3.3	PCR	47
3.3.3.1	Qualitative PCR.....	47
3.3.3.2	qPCR	49
3.4	Mykotoxinanalytik	50
3.4.1	Mykotoxinextraktion.....	50
3.4.1.1	Extraktion von A- und B- Trichothecenen sowie ZEA	50
3.4.1.2	Extraktion von D3G	51
3.4.2	Parameter der Flüssigkeitschromatographie mit Massenspektrometrie– Kopplung (LC/MS).....	51
3.5	Isolierung und Identifikation von <i>Fusarium</i> -Feldisolaten sowie <i>in vivo</i> Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener, isolierter <i>Fusarium</i> -Arten.....	54
3.5.1	Isolierung von <i>Fusarium</i> spp. von pflanzlichem Gewebe	54
3.5.2	Identifikation isolierter <i>Fusarium</i> -Arten	55
3.5.2.1	DNA-Extraktion	55
3.5.2.2	PCR, Gel-Elution und Sequenzabgleich.....	55
3.5.3	<i>In vivo</i> Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener <i>Fusarium</i> -Arten im Winterweizen.....	56
3.5.3.1	Verwendete <i>Fusarium</i> -Isolate.....	56
3.5.3.2	Anzucht der Weizenpflanzen.....	57
3.5.3.3	Herstellung der Sporensuspension, Inokulation und Probenaufbereitung.....	58
3.6	Statistische Auswertung und graphische Datenaufbereitung	58
4.	Ergebnisse.....	60
4.1	Witterung	60
4.1.1	Witterung der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012	60
4.1.2	Witterungsverhältnisse zur Winterweizenblüte 2008 bis 2012	65
4.1.3	Witterungsverhältnisse zur Maisblüte 2011 und 2012.....	74
4.2	Ergebnisse Winterweizen	77
4.2.1	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012.....	77
4.2.1.1	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008.....	82
4.2.1.2	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2009.....	85
4.2.1.3	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2010.....	89

4.2.1.4	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2011.....	93
4.2.1.5	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2012.....	97
4.2.2	Zusammenhang zwischen der Befallshäufigkeit und Befallsintensität nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	101
4.2.3	Zusammenhang zwischen der <i>Fusarium</i> -Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	103
4.2.4	Einfluss der Witterung zur Winterweizenblüte auf die Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012.....	107
4.2.5	Einfluss der Sortenwahl auf die Mykotoxinbelastung des Winterweizens im Erntejahr 2012.....	118
4.2.6	Einfluss fungizider Gegenmaßnahmen auf die <i>Fusarium</i> -Befallsintensität sowie DON- und ZEA-Belastung	125
4.2.7	Zusammenhang zwischen der <i>Fusarium</i> -Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	138
4.3	Ergebnisse Silomais	140
4.3.1	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012	140
4.3.1.1	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2011.....	144
4.3.1.2	Auftreten von <i>Fusarium</i> -Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2012.....	149
4.3.2	Zusammenhang zwischen der Befallshäufigkeit und Befallsintensität nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten im Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012.....	152
4.3.3	Zusammenhang zwischen der <i>Fusarium</i> -Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Silomaises in Schleswig-Holstein 2011 und 2012.....	154
4.3.4	Einfluss der Sortenwahl auf die Mykotoxinbelastung von Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012	155
4.4	<i>In vivo</i> Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener <i>Fusarium</i> -Arten im Winterweizen	161
5.	Diskussion	163
6.	Zusammenfassung	185

Inhaltsverzeichnis

7.	Summary	188
8.	Literaturverzeichnis.....	190
9.	Anhang.....	206
	Danksagung	213
	<i>Curriculum vitea</i>	214

Abbildungsverzeichnis

Abb. 1: Symptom der partiellen Taubährigkeit bzw. Weißährigkeit an Winterweizen im Bestand (links) und an der Einzelähre (rechts)	5
Abb. 2: Symptome der Kolbenfäule an Mais. Links: Befallener Hauptkolben mit Mycel an Lieschblättern. Mitte: Befallene Körner des Hauptkolbens überzogen mit lachsfarbenen Mycel. Rechts: Durch starken Fäulebefall abgeknickter Kolben .	6
Abb. 3: Symptome der Stängelfäule an Mais. Durch Mycel rötlich verfärbtes Mark.....	7
Abb. 4: Lebenszyklus von <i>F. graminearum</i> (Trail, 2009)	8
Abb. 5: Bewertung von Gesundheitsrisiken durch Lebensmittel.....	11
Abb. 6: Grundstruktur der Trichothecene (Nielsen und Thrane, 2001)	13
Abb. 7: Grundstruktur von Zearalenon (ZEA)(Desjardins, 2006)	15
Abb. 8: Umwandlung von DON und Glucose zum nicht phytotoxischen DON-3-Glucosid (D3G) und Wasser durch die pflanzeigene UDP-Glucosyltransferase (= UGT (Uridindiphosphat-glucosyltransferase)(verändert nach Berthiller et al., 2009).	17
Abb. 9: Einfluss von Vorfrucht und Bodenbearbeitung auf den DON-Gehalt von Winterweizen (verändert nach Bartels und Rodemann, 2003)	23
Abb. 10: Anbau von Mais nach Mais nach pflugloser (links; viele Ernterückstände) und wendender (rechts; keine Ernterückstände) Bodenbearbeitung mit dem Pflug 24	
Abb. 11: Belastung des Weizens mit DON nach unterschiedlicher Bodenbearbeitung und verschiedenen Vorfrüchten (verändert nach Bartels und Rodemann, 2003)	25
Abb. 12: Winterweizenanteil in der Fruchtfolge (%) im Jahre 2010 und geographische Lage der Versuchsstandorte in Schleswig-Holstein für das das IPS-Winterweizen-Monitoring 2007/2008 bis 2011/2012. Graphische Darstellung mittels GIS (Daten nach Statistikamt Nord, 2010)	33
Abb. 13: Silomaisanteil in der Fruchtfolge (%) im Jahre 2010 und geographische Lage der Versuchsstandorte in Schleswig-Holstein für das Mais-Monitoring 2011 und 2012. Graphische Darstellung mittels GIS (Daten nach Statistikamt Nord, 2010)	35
Abb. 14: Variantenplan für die Feldversuche im IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2007/2008 bis 2011/2012.....	43
Abb. 15: Verlauf des Laufmittelgradienten über die Zeit für die Mykotoxinanalyse mittels LC/MS	52
Abb. 16: Witterung der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2009/2010 im Vergleich zum langjährigen Mittel (1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein. Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) sind als Monatsmittel bzw. –summe abgebildet; LMW = langjähriger Mittelwert	62
Abb. 17: Witterung der Versuchsjahre 2010/2011 und 2011/2012 im Vergleich zum langjährigen Mittel (1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein. Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) sind als Monatsmittel bzw. –summe abgebildet; LMW = langjähriger Mittelwert.....	64

- Abb. 18: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 19. Mai bis 23. Juni 2008. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog..... 67
- Abb. 19: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 25. Mai bis 29. Juni 2009. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog..... 68
- Abb. 20: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 31. Mai bis 05. Juli 2010. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog..... 70
- Abb. 21: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 23. Mai bis 27. Juni 2011. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (2,5 l/ha Osiris). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog 71
- Abb. 22: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 28. Mai bis 02. Juli 2012. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (2,5 l/ha Osiris). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog 72
- Abb. 23: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 22. Juli bis 26. August 2011. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Maisblüte 75
- Abb. 24: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 28. Juli bis 01. September 2012. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Maisblüte..... 76
- Abb. 25: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012..... 79

Abb. 26: Aufsummierte Gesamt-Befallsstärken aller nachgewiesenen <i>Fusarium</i> -Arten (dargestellt als Verhältnis der <i>Fusarium</i> -DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	80
Abb. 27: DON- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie Anzahl der Grenzwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	81
Abb. 28: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten an der Gesamt- <i>Fusarium</i> -DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen <i>Fusarium</i> -Arten (dargestellt als Verhältnis der <i>Fusarium</i> -DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008	82
Abb. 29: Befallsstärken (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der <i>Fusarium</i> -Arten <i>F. culmorum</i> , <i>F. graminearum</i> , <i>F. poae</i> und <i>F. avenaceum</i> im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008	83
Abb. 30: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008	84
Abb. 31: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten an der Gesamt- <i>Fusarium</i> -DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen <i>Fusarium</i> -Arten (dargestellt als Verhältnis der <i>Fusarium</i> -DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009	85
Abb. 32: Befallsstärken (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der <i>Fusarium</i> -Arten <i>F. culmorum</i> , <i>F. graminearum</i> , <i>F. poae</i> und <i>F. avenaceum</i> im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2009	87
Abb. 33: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2009	88
Abb. 34: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten an der Gesamt- <i>Fusarium</i> -DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen <i>Fusarium</i> -Arten (dargestellt als Verhältnis der <i>Fusarium</i> -DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010	89
Abb. 35: Befallsstärken (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der <i>Fusarium</i> -Arten <i>F. culmorum</i> , <i>F. graminearum</i> , <i>F. poae</i> und <i>F. avenaceum</i> im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2010	91

- Abb. 36: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2010 92
- Abb. 37: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 93
- Abb. 38: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011 95
- Abb. 39: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011 96
- Abb. 40: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012 98
- Abb. 41: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 99
- Abb. 42: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 100
- Abb. 43: Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (BHB = Befallshäufigkeit in %) und der Befallsstärke der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein der Einzeljahre 2008 bis 2012 102
- Abb. 44: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 104
- Abb. 45: Beziehung zwischen der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 105

- Abb. 46: Beziehung zwischen dem DON- und ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 106
- Abb. 47: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008; Darstellung mittels GIS 108
- Abb. 48: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009; Darstellung mittels GIS 109
- Abb. 49: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010; Darstellung mittels GIS 111
- Abb. 50: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011; Darstellung mittels GIS 112
- Abb. 51: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012; Darstellung mittels GIS 114
- Abb. 52: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 115
- Abb. 53: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und dem DON-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 116

- Abb. 54: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 116
- Abb. 55: Zusammenhang zwischen Niederschlag (mm) und Temperatur ($^{\circ}\text{C}$) während der Weizenblüte und der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (A; Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰), der DON- (B; $\mu\text{g}/\text{kg}$) sowie ZEA-Belastung (C; $\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 117
- Abb. 56: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und die prozentuale DON-Reduktion der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo; Grenzwert DON = 1250 $\mu\text{g}/\text{kg}$; Sö-Ni-Koog = Sönke-Nissen-Koog; Daten sind MW (n = 4), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)..... 120
- Abb. 57: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) unter Berücksichtigung von „maskiertem“ DON (D3G) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und prozentuale Anteile vom „maskiertem“ DON (D3G) am Gesamt-DON-Gehalt der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan; Grenzwert DON = 1250 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 122
- Abb. 58: ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und prozentuale ZEA-Reduktion der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo; Grenzwert ZEA = 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$; Sö-Ni-Koog = Sönke-Nissen-Koog; Daten sind MW (n = 4), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)..... 124
- Abb. 59: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 125
- Abb. 60: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008..... 127
- Abb. 61: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten

Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009.....	128
Abb. 62: Befallsstärken nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010.....	129
Abb. 63: Befallsstärken nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011.....	130
Abb. 64: Befallsstärken nachgewiesener <i>Fusarium</i> -Arten (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012.....	131
Abb. 65: DON- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie Anzahl der Grenzwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	132
Abb. 66: DON-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo sowie prozentuale DON-Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-koog	135
Abb. 67: ZEA-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem <i>fusarium</i> spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo sowie prozentuale ZEA-Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-koog	136
Abb. 68: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten <i>F. culmorum</i> und <i>F. graminearum</i> (Verhältnis <i>Fusarium</i> -DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012	137

- Abb. 69: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 138
- Abb. 70: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012..... 139
- Abb. 71: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012..... 140
- Abb. 72: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012..... 142
- Abb. 73: Aufsummierte Gesamt-Befallsstärken aller nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012..... 143
- Abb. 74: DON- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$ TM) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado sowie Anzahl der Richtwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012 144
- Abb. 75: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 145
- Abb. 76: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung 146
- Abb. 77: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung 148
- Abb. 78: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2012 149

- Abb. 79: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung 150
- Abb. 80: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorte Lorado an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung 152
- Abb. 81: Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (BHB = Befallshäufigkeit in %) und der Befallsintensität der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012 153
- Abb. 82: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (‰ *Fusarium*-DNA) und dem DON-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012 154
- Abb. 83: Beziehung zwischen der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (‰ *Fusarium*-DNA) und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012 155
- Abb. 84: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$) 156
- Abb. 85: ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$) 158
- Abb. 86: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$) 159
- Abb. 87: ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$) 160

Tabellenverzeichnis

Tab. 1: An Getreide und Mais nachgewiesene <i>Fusarium</i> -Arten mit Haupt- und Nebenfruchtform (verändert nach Leslie und Summerell, 2006)	4
Tab. 2: Mykotoxin bildende <i>Fusarium</i> -Arten an Mais und Getreide und deren jeweiligen Mykotoxine (verändert nach Bottalico, 1998; Thrane et al., 2004; Dejardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006)	12
Tab. 3: Höchstmengen für die <i>Fusarium</i> -Toxine DON, ZEA und Fumonisine (B ₁ + B ₂) in unverarbeiteten Speisegetreide und Lebensmitteln (Anonym, 2007)	21
Tab. 4: Richtwerte für die <i>Fusarium</i> -Toxine DON, ZEA und Fumonisine (B ₁ + B ₂) in zur Fütterung an Tiere bestimmten Erzeugnissen (Anonym, 2006).....	22
Tab. 5: Für die PCR als Positivkontrollen genutzte <i>Fusarium</i> -Isolate sowie deren Herkunft. DSMZ = Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen	31
Tab. 6: Geographische Lage, Bodentypen, -arten und Ackerzahlen der IPS-Winterweizen-Monitoringstandorte in Schleswig-Holstein. tL = toniger Lehm; sL = sandiger Lehm.....	34
Tab. 7: Geographische Lage, Bodentypen, -arten und Ackerzahlen der Standorte des Mais-Monitorings in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. tL = toniger Lehm, IS = lehmiger Sand, sL = sandiger Lehm, hl'S = humos-lehmiger Sand, hS = humoser Sand, anS = anmooriger Sand	36
Tab. 8: Fruchtfolgen und Vorfrüchte an den acht Winterweizenstandorten in Schleswig-Holstein 2007/2008 bis 2011/2012. SW = Sommerweizen; WG = Wintergerste; WRa = Winterraps; WRo = Winterroggen; WW = Winterweizen; ZR = Zuckerrübe	37
Tab. 9: Fruchtfolgen und Vorfrüchte an den zehnMais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. WRa = Winterraps; WRo = Winterroggen; WW = Winterweizen	37
Tab. 10: Bodenbearbeitungsverfahren (Pflug vs. pfluglos) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012.....	38
Tab. 11: Bodenbearbeitungsverfahren (Pflug vs. pfluglos) an den zehn Mais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012.....	39
Tab. 12: Saattermine (linker Index: f/n/s) und Saattstärken (rechter Index: Körner/m ²) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012. f = Frühsaat (bis einschließlich 20. September); n = Normalsaat (21. September bis 04. Oktober); s = Spätsaat (ab 05. Oktober)	40
Tab. 13: Stickstoffdüngung (kg Gesamt-N/ha) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012	41
Tab. 14: Stickstoffdüngung (kg Gesamt-N/ha) an den zehn Mais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2011 und 2012.....	42

Tab. 15: Fungizidplan der Gesundvariante im IPS-Winterweizen-Monitoring der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012.....	44
Tab. 16: Gemessene Witterungsparameter der agrarmeteorologischen Messstationen	45
Tab. 17: Artspezifische Primer zur Identifikation verschiedener <i>Fusarium</i> -Arten in Weizen- und Silomaisproben	48
Tab. 18: Artspezifische Primer zur Identifikation und Quantifizierung verschiedener <i>Fusarium</i> -Arten in Weizen- und Silomaisproben	49
Tab. 19: Mittels LC/MS in Weizenkorn- und Silomaisproben nachweisbare, durch Fusarien gebildete bzw. „maskierte“ Mykotoxine	52
Tab. 20: Mittels LC/MS messbare Mykotoxine (NIV, DON, NEO, Fus X, DAS, HT2, T2, ZEA und D3G) sowie mykotoxinspezifische Parameter für die LC/MS-Messung. Unterstrichene Fragmente wurden für die Quantifizierung genutzt. Neg.-Ion = Negativ-Ion, neg. = negativ; pos. = positiv	53
Tab. 21: Für die Inokulation von Weizenpflanzen genutzte <i>Fusarium</i> -Isolate sowie dessen Herkunft	57
Tab. 22: Niederschlagssummen (mm) und Temperaturmittelwerte (°C) der Monate Juni und August der Einzeljahre 2008 bis 2012 und dem langjährigen Mittelwert (LMW; 1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein	65
Tab. 23: Niederschlagssummen (mm) und Durchschnittstemperaturen (°C) während der Weizenblüte des Winterweizens im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Die Niederschlagssummen und Durchschnittstemperaturen der Einzeljahre sind als Mittelwert aller Standorte dargestellt.....	73
Tab. 24: <i>Fusarium</i> -Artenspektrum und Häufigkeit des Artenvorkommens im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Die Häufigkeiten sind als Mittel aller Standorte und Jahre dargestellt. Häufigkeit des Auftretens: hoch = > 50 – 100 %; gering - mittel = < 50 %; kein Auftreten = <i>Fusarium</i> -Art nicht nachgewiesen	78
Tab. 25: <i>Fusarium</i> -Artenspektrum und Häufigkeit des Artenvorkommens im Silomais der unbehandelten Kontrolle der Sorte Lorado an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. Die Häufigkeiten sind als Mittel aller Standorte und Jahre dargestellt. Häufigkeit des Auftretens: hoch = > 50 – 100 %; gering - mittel = < 50 %; kein Auftreten = <i>Fusarium</i> -Art nicht nachgewiesen.....	141
Tab. 26: Mykotoxin-Gehalte (µg/kg) des Kornes, des mit verschiedenen von Mais und Weizen isolierten <i>Fusarium</i> -Isolaten inokulierten Winterweizens der Sorte Ritmo (<i>in vivo</i>).....	162

Abkürzungsverzeichnis

Σ	Summe
°C	Grad Celsius
%	Prozent
‰	Promille
µg	Mikrogramm
µl	Mikroliter
Abb.	Abbildung
AcDON	Monoacetyldeoxynivalenol
AcNIV	Monoacetylnivalenol
ASS	Ammonsulfatsalpeter
anS	anmooriger Sand
bp	Basenpaare
BEA	Beauvericin
BSA	Bundessortenamt
bzw.	beziehungsweise
ca.	circa
CCM	Corn – Cob - Mix
cm	Zentimeter
D3G	DON-3-Glucosid
DacNIV	Diacetylnivalenol
DAS	Diacetoscirpenol
DiAcDON	Diacetyldeoxynivalenol
DMK	Deutsches Maiskomitee
dNTP	Nukleosidtriphosphat
DNA	Desoxyribonukleinsäure
DON	Deoxynivalenol
DSMZ	Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen
DWD	Deutscher Wetterdienst
EC	phänologisches Entwicklungsstadium (Eucarpia code)
EDTA	Ethylenediaminetetraacetic acid
EEG	Erneuerbaren-Energie-Gesetz
ESI	Elektrospray-Ionisation
et al.	et alii (und andere)
<i>F.</i>	<i>Fusarium</i>
FAO	Food and Agriculture Organization
FB1	Fumonisin B1

Abkürzungsverzeichnis

FB2	Fumonisin B2
FB3	Fumonisin B3
FF	Fruchtfolge
FHB	<i>Fusarium</i> head blight
FUC	Fusarochromanone
FUP	Fusaproliferin
Fus X	Fusarenon X
g	Gramm
G.	<i>Gibberella</i>
GIS	Geographischen Informationssystems
ha	Hektar
HASTO	Harnstoff
hl'S	humos-lehmiger Sand
HPLC	High Performance Liquid Chromatography
hS	humoser Sand
HT2	HT-2 Toxin
IPS	Integriertes Pflanzenschutzsystem
l	Liter
IS	lehmiger Sand
Kap.	Kapitel
KAS	Kalkammonsalpeter
kb	Kilobasen
MON	Moniliformin
LC/MS	Liquid chromatography/mass spectrometry
LMW	Langjähriger Mittelwert
M	Mol
m ²	Quadratmeter
MAS	Monoacetoxyscirpenol
min	Minuten
mg	Milligramm
ml	Milliliter
mm	Millimeter
mM	Millimolar
MW	Mittelwert
n	nano
N	Stickstoff
NaCl	Natriumchlorid

Abkürzungsverzeichnis

NaOH	Natriumhydroxid
NEO	Neosolaniol
ng	Nanogramm
NIV	Nivalenol
NPK	Stickstoff, Phosphor und Kalium enthaltener Volldünger
P	Irrtumswahrscheinlichkeit
p.a.	pro analysi
PCR	Polymerase-Kettenreaktion
q-PCR	Quantitative PCR
PDA	Potato Dextrose Agar
PDB	Potato Dextrose Bouillon
Pmol	pikomol
RNAse	Ribonuklease
rpm	rounds per minute
sec	Sekunde
sL	sandiger Lehm
SNA	Synthetic Nutrient Poor Agar
SNB	Synthetic Nutrient Poor Bouillon
spp.	Species
SSA	Schwefelsaures Ammoniak
SW	Sommerweizen
T	T-2 Toxin
Tab.	Tabelle
TAE	Tris-Acetat-EDTA
taq	<i>Thermus aquaticus</i>
TKG	Tausendkorngewicht
tL	toniger Lehm
TM	Trockenmasse
UDP	Uridindiphosphat
uL	schluffiger Lehm
V	Volt
v/v	volume/volume
VE-Wasser	Vollentsalztes Wasser
WG	Wintergerste
WRa	Winterraps
WRo	Winterroggen
WW	Winterweizen

z.B.	zum Beispiel
Z4G	ZEA-4-Glucosid
ZEA	Zearalenon
ZOH	Zearalenol
ZR	Zuckerrübe

1. Einleitung

Erstmals durch Heinrich Friedrich Link (1809) beschrieben, gehören Pilze der Gattung *Fusarium* weltweit zu den bedeutendsten Schaderregern im Getreideanbau. Für nahezu alle ökonomisch wichtigen Nutzpflanzen sind Krankheiten in Verbindung mit Fusarien bekannt. Dies gilt insbesondere für Kulturarten der Familie *Poaceae*, zu denen Weizen (*Triticum aestivum*), Mais (*Zea mays*), Hafer (*Avena sativa*) und Gerste (*Hordeum vulgare*) gehören. Sie können über die gesamte Vegetationsperiode befallen werden, wodurch die pflanzliche Entwicklung beeinträchtigt wird. Neben quantitativen Verlusten in Form von Ertragsverlusten, sind aber vor allem die qualitativen Verluste landwirtschaftlicher Erzeugnisse durch die Bildung von Mykotoxinen, die ein Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier darstellen, von großer Bedeutung (Parry et al., 1995; Logrieco et al., 2003; Meier et al., 2003; Strange und Scott, 2005; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006; Trail, 2009).

In nahezu allen Weizenanbaugebieten der Welt stellt der Ährenbefall mit *Fusarium* spp. ein ernsthaftes Problem dar. Seit Beginn der achtziger Jahre führte ein starker Anstieg der Krankheit zu beträchtlichen wirtschaftlichen Schäden. So löste das Auftreten von Ährenfusariosen insbesondere in klassischen Weizenanbauregionen der USA, Kanadas, Chinas, Südafrikas, Teilen Südamerikas und Europas immer wieder *Fusarium*-Epidemien aus. Aber auch in Deutschland konnten, hervorgerufen durch für Fusarien günstige Witterungsbedingungen (häufige Regenfälle mit hoher Luftfeuchtigkeit), in den Jahren 1981, 1987, 1991, 1992 und 1998 sogenannte *Fusarium*-Jahre dokumentiert werden (Sommer, 2012).

Die fortlaufende Ausdehnung der Anbauflächen von Getreide und Mais, auch in für den Maisanbau klimatisch ungünstigeren Regionen, sowie stetig steigende Anteile der Maiskultur in den Anbaurotationen erhöhen die Brisanz des Auftretens der plurivoren Schaderreger der Gattung *Fusarium* durch erhöhte Infektionspotentiale im Getreide- und Maisanbau. In Deutschland stieg innerhalb von nur zehn Jahren die Gesamtanbaufläche von Mais erheblich an. Während 2002 auf nur 1.517.000 ha Mais (CCM, Körner- und Silomais) angebaut wurde, so konnte in 2012 eine Zunahme der Maisanbaufläche um 70 % auf 2.562.900 ha dokumentiert werden. Die Anbaufläche von Körnermais blieb nahezu konstant, wohingegen die Fläche der Nutzungsrichtung Silomais, welcher zunehmend als Energiepflanze in Biogasanlagen verwendet wird, deutlich um über 80 % zunahm (Anonym, 2013a).

Im Zuge des seit Juli 2004 geltenden Gesetzes zur Neuregelung des Rechts erneuerbarer Energien im Strombereich (Anonym, 2012a) nahm in Schleswig-Holstein der Anbau von Silomais in den Jahren 2002 bis 2012 von 82.000 ha auf 181.000 ha um über 120 % zu. Mit 220.000 ha Anbaufläche ist der Winterweizen die flächenstärkste Ackerfrucht in Schleswig-Holstein. Die gegenüber den Pilzen der Gattung *Fusarium* als Wirtspflanzen fungierenden,

anfälligen Kulturarten Weizen und Mais stellen damit die wichtigsten Ackerkulturen in Schleswig-Holstein mit über 60 % an der Gesamtackerfläche dar (Anonym, 2013b).

Rein biologisch-epidemiologisch betrachtet bedeutet dies, dass das bisherige Nebeneinander der Kulturen durch die zunehmende Maisanbauintensität bei gleichbleibend hoher Weizenanbauintensität aufgrund der sich vermehrt einstellenden, erhöhten Inokula im Rahmen der zunehmenden Übertragungsmöglichkeiten von *Fusarium*-Arten zwischen den genannten Wirtspflanzenarten die allgemeinen Infektionspotentiale für Fusarien deutlich zunehmen werden.

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, im Rahmen einer überregionalen Untersuchung biologisch-epidemiologische Hintergrundinformationen über das qualitative und quantitative Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxinbildung in den Kulturarten Winterweizen (Versuchsjahre 2008 bis 2012) und Mais (Nutzungsrichtung Silomais; Versuchsjahre 2011 und 2012) in Schleswig-Holstein zu erarbeiten. Ferner sollten unter Berücksichtigung von Anbausystemfaktoren wie Fruchtfolge, Vorfrucht, Bodenbearbeitung und Sortenwahl sowie chemisch-therapeutischer Maßnahmen Veränderungen in der Zusammensetzung des Artenspektrums, der Stärke des Befalls sowie Kontaminationen des Ernteguts mit Mykotoxinen bestimmt werden, um Strategien zur biologischen Kontrolle des Befallsgeschehens mykotoxininduzierender *Fusarium*-Pilze in der Weizen- und Maiskultur zu entwickeln. Eine weitere Zielsetzung war es, den Einfluss der übergeordneten Einflussgröße Witterung auf die Befallsstärke von *Fusarium*-Arten und die Mykotoxinbelastung zu analysieren. Ferner sollte der Fragestellung nachgegangen werden, in wie weit von Mais isolierte *Fusarium*-Arten in der Lage sind, Winterweizen zu infizieren und das Erntegut mit ihren spezifischen Mykotoxinen zu kontaminieren.

2. Literaturübersicht *Fusarium*-Arten

2.1 Taxonomie und Artenspektrum

Pilze der Gattung *Fusarium* sind ubiquitär auftretende Schaderreger, die vielfach als Pathogene von Pflanzenkrankheiten weltweit bedeutender Kulturarten identifiziert wurden (Leslie und Summerell, 2006). Untersuchungen des Artenspektrums zeigen, dass mehrere Arten gleichzeitig den Wirt besiedeln können und neben der Witterung die Konkurrenzfähigkeit der Pathogene darüber entscheidet, welche Art sich durchsetzt (Parry et al., 1995; Schweyda, 1996; Doohan et al., 2003).

Im Getreideanbau Europas gelten *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. langsethiae*, *F. poae*, *F. sporotrichioides*, *F. tricinctum* und *F. venenatum* als die am häufigsten auftretenden *Fusarium*-Arten, wobei *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. poae* die dominierenden Arten darstellen (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Bottalico und Perrone, 2002; Waalwijk et al., 2003; Kosiak et al., 2003; Stepien et al., 2008; Nicolaisen et al., 2009; Yli-Mattila, 2010; Nielsen et al., 2011; Yli-Mattila, 2011).

Zu den in der Maiskultur Europas auftretenden *Fusarium*-Arten zählen *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti* und *F. graminearum*, *F. oxysporum*, *F. poae*, *F. proliferatum*, *F. sporotrichioides*, *F. subglutinans*, *F. tricinctum*, *F. venenatum* und *F. verticillioides* (Logrieco et al., 2002; Logrieco et al., 2003; Nicolaisen et al., 2009; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Dorn et al., 2011; Eckard et al., 2011; Musa et al., 2011; Marin et al., 2012).

Die *Fusarium*-Pilze werden taxonomisch in die Abteilung der *Eumycota* eingeordnet und bilden eine asexuelle sowie eine sexuelle Form aus. Die sexuelle Form, auch Hauptfruchtform oder Teleomorph genannt, wird der Unterabteilung *Ascomycotina* und dort der Gruppe der *Pyrenomyceten* zugeordnet, während die asexuelle Form, auch Nebenfruchtform oder Anamorph genannt, zur Unterabteilung der *Deuteromycotina* zählt (Hallmann et al., 2009). Jedoch ist nicht bei allen *Fusarium*-Pilzen, die an Getreide und Mais parasitieren, die Sexualphase vorhanden beziehungsweise bekannt (Tab. 1). Unter den *Fusarium*-Arten, welche an Getreide und Mais parasitieren, besitzen *F. avenaceum* (*G. avenacea*), *F. equiseti* (*G. intricans*), *F. graminearum* (*G. zaeae*), *F. subglutinans* (*G. subglutinans*), *F. tricinctum* (*G. tricincta*) und *F. verticillioides* (*G. monilliformis*) ein Sexualstadium (Leslie und Summerell, 2006).

Tab. 1: An Getreide und Mais nachgewiesene *Fusarium*-Arten mit Haupt- und Nebenfruchtform
(verändert nach Leslie und Summerell, 2006)

Anamorph (Hauptfruchtform)	Teleomorph (Nebenfruchtform)
<i>F. avenaceum</i>	<i>Gibberella avenacea</i>
<i>F. crookwellense</i>	unbekannt
<i>F. culmorum</i>	unbekannt
<i>F. equiseti</i>	<i>Gibberella intricans</i>
<i>F. graminearum</i>	<i>Gibberella zeae</i>
<i>F. langsethiae</i>	unbekannt
<i>F. oxysporum</i>	unbekannt
<i>F. poae</i>	unbekannt
<i>F. proliferatum</i>	unbekannt
<i>F. sporotrichioides</i>	unbekannt
<i>F. subglutinans</i>	<i>Gibberella subglutinans</i>
<i>F. tricinctum</i>	<i>Gibberella tricincta</i>
<i>F. venenatum</i>	unbekannt
<i>F. verticillioides</i>	<i>Gibberella monilliformis</i>

2.2 Symptomatik

2.2.1 Symptomatik an Weizen

Bei der am häufigsten auftretenden Krankheitserscheinung im Weizen handelt es sich um das Symptom der partiellen Taubährigkeit (Abb. 1), wobei die gebildeten Konidiosporen und Ascosporen von *Fusarium*-Pilzen durch eine Blüteninfektion in die Ähre gelangen und mittels Myzel über den Fruchtknoten bis in die Ährenspindel vordringen. Dort unterbricht der Erreger durch Durchwachsen der Leitbündel die Wasser- und Nährstoffversorgung der darüber liegenden Ährchen. Die Ährchen bleichen aus und sterben vorzeitig ab, wodurch das Symptom der partiellen Taub- bzw. Weißährigkeit sichtbar wird. Dieses Symptom, im englischen „*Fusarium* head blight“ (FHB), wird vor allem durch einen Befall mit *F. avenaceum*, *F. culmorum* und *F. graminearum* hervorgerufen (Snijders und Krechting, 1992; Parry et al., 1995). Bei feuchter Witterung bildet sich auf den erstbesiedelten Ährchen ein lachsfarbener Sporenbelag; die vorzeitig vergilbten Ähren werden von Schwärzepilzen besiedelt. Durch die verminderte Kornausbildung entsteht ein sogenanntes Kümmerkorn, durch welches das Tausendkorngewicht (TKG) reduziert wird. Die für einen *Fusarium*-Befall typischen Körner sind weißlich bis rötlich verfärbt sowie leichter und weicher als bei

gesunden Pflanzen (Dexter et al., 1996; Mc Mullen et al., 1997; Nightingale et al., 1999; Obst und Gehring, 2002).



Abb. 1: Symptom der partiellen Taubährigkeit bzw. Weißährigkeit an Winterweizen im Bestand (links) und an der Einzelähre (rechts)

Nach Obst und Gehring (2002) werden Fusariosen im Getreide aber auch auf Wurzeln, Blattscheiden, der Halmbasis und in Halmknoten nachgewiesen, wobei als erstes Befallsauftreten strichförmige Verbräunungen auf den Blattscheiden und auf dem Halm zu beobachten sind, die in halmumfassende Nekrosen übergehen, welche unscharf vom gesunden Pflanzengewebe abgegrenzt sind. Im Inneren des Halmes entwickelt sich ein weißliches Pilzmycel. Bei einem Befall der Blattscheiden prägt sich ein braunvioletter Ring über dem ersten Halmknoten aus und ein starker Halmbasisbefall kann zu vorzeitiger Reife und Lagern der infizierten Pflanzen führen. Die *Fusarium*-Arten lassen sich anhand ihrer Ährensymptome visuell sowie makroskopisch nicht unterscheiden; lediglich für *F. poae* typisch ist ein scharf begrenzter dunkler Ring auf der sonst grünen Deckspelze. Nach Schlüter et al. (2006) ist für Weizen auch eine bodenbürtige Infektion über die Wurzel mit anschließendem systemischen und symptomlosen Wachstum für *F. culmorum* möglich.

2.2.2 Symptomatik an Mais

Ein Befall von Mais durch *Fusarium*-Arten äußert sich durch Auflaufkrankheiten, Wurzel- und Stängelfäulen sowie Kolbenfäulen, welche über die ganze Vegetationsperiode auftreten können (Hurle et al., 2005).

Nach Hurle et al. (2005) sind bei starkem Befall die Kolben unter den Lieschen von einem dichten, lachsfarbenen Pilzgeflecht überzogen, wobei ihnen bisweilen ein süßlicher Geruch entströmt. Wie in Abbildung 2 dargestellt, sind auch die befallenen Körner des Hauptkolbens sowie die Lieschblätter mit dem Pilzmycel überzogen, wobei die Körner rot bis braun verfärbt sind und teilweise aufplatzen. Ein starker Befall kann letztendlich zu einem Abknicken der Kolben führen.



Abb. 2: Symptome der Kolbenfäule an Mais. Links: Befallener Hauptkolben mit Mycel an Lieschblättern. Mitte: Befallene Körner des Hauptkolbens überzogen mit lachsfarbenen Mycel. Rechts: Durch starken Fäulebefall abgeknickter Kolben

Die Art der *Fusarium*-Kolbenfäule wird anhand der auftretenden *Fusarium*-Arten in *Gibberella ear rot* (Red ear rot) und *Fusarium ear rot* (Pink ear rot) differenziert. Erreger der *Gibberella ear rot*, vor allem *F. graminearum*, infizieren den Kolben vorwiegend über die Narbenfäden und bedecken ihn von der Spitze abwärts mit pinkrotem Mycel. Die bedeutendsten Erreger der *Fusarium ear rot* sind vor allem *F. verticillioides*, *F. proliferatum* und *F. subglutinans*. Typisch für *Fusarium ear rot* ist der Befall einzelner oder aggregierter Körner mit weißem, leicht rosa gefärbten Mycel und der symptomlose Befall der Körner (Bottalico, 1998; Munkvold, 2003).

Neben der Kolbenfäule kann es an Mais zu Wurzel- und Stängelfäulen durch Fusariosen kommen. An diesem Komplex sind vor allem die *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. equiseti* beteiligt. Einzelne Pflanzen färben sich fahlgrün und vor allem an den Lieschblättern zeigen sich Trockensymptome, wodurch der Kolben schlaff am Stängel herab hängt. An den Stängeln bilden sich fleckig braune bis schwarze Verfärbungen und das Mycel dringt bei intensivem Wachstum bis zur Epidermis vor, wo es die Sporenlager

bildet. Wie in Abbildung 3 sichtbar, verrottet das verbräunte Stängelmark und ist von einem weißlich bis rosafarbenen Pilzgeflecht durchzogen. Durch das geschwächte Stützgewebe nimmt die Standfestigkeit der Pflanze mit zunehmender Befallsintensität ab, bis der Stängel bereits bei geringer Belastung durch beispielsweise Niederschläge und Wind abknickt. Bei ausgeprägten Fäulen sinkt vor allem die Zahl der Körner je Kolben und das Tausendkorngewicht, da die Körnerfüllung durch eine Notreife stark beeinträchtigt wird (Hurle et al., 2005).



Abb. 3: Symptome der Stängelfäule an Mais. Durch Mycel rötlich verfärbtes Mark

2.3 Biologie und Infektionszyklus

Nachfolgend (Abb. 4) ist beispielhaft für die Gattung *Fusarium* der Lebenszyklus von *F. graminearum* an Weizen dargestellt. Dieser ist aber auch auf andere Wirtspflanzen wie Gerste, Hafer oder Mais übertragbar. Fusariosen sind in der Lage saprophytisch auf Ernterückständen wie Wurzeln, Stängel und Ähren bzw. Kolben von Getreide und Mais über mehrere Vegetationsperioden zu überdauern. Auf Maisstoppeln ist hierbei in der Regel aber ein deutlich höheres Ausgangsinokulum zu finden als beispielsweise auf Weizenstroh. Des Weiteren können sie als Chlamydosporen im Boden überdauern (Parry et al., 1995; Cotton und Munkvold, 1998; Hoffmann und Schmutterer, 1999; Munkvold, 2003; Champeil et al., 2004; Gilbert und Fernando, 2004). Eine reduzierte Bodenbearbeitung hat einen positiven Effekt auf die Überlebensdauer des Inokulums, da ein großer Teil der Erntereste auf der Bodenoberfläche verbleibt und dort langsamer verrottet. Dahingegen reduziert sich die Überlebensdauer durch eine wendende Bodenbearbeitung durch einen zügigeren mikrobiellen Abbau der Ernterückstände. Das Inokulumpotential wird damit hauptsächlich durch die Art der Vorfrucht und Menge der Ernterückstände bestimmt. Auf den Ernteresten

findet die Bildung und Reifung der Sporen statt (Munkvold, 2003; Pirgozliev et al., 2003; Bartels und Rodemann, 2003; Champeil et al., 2004; Bateman, 2005; Schaafsma et al., 2005; Beyer et. al, 2006; Maiorano et al., 2008; Osborne und Stein, 2007; Musa et al., 2011).

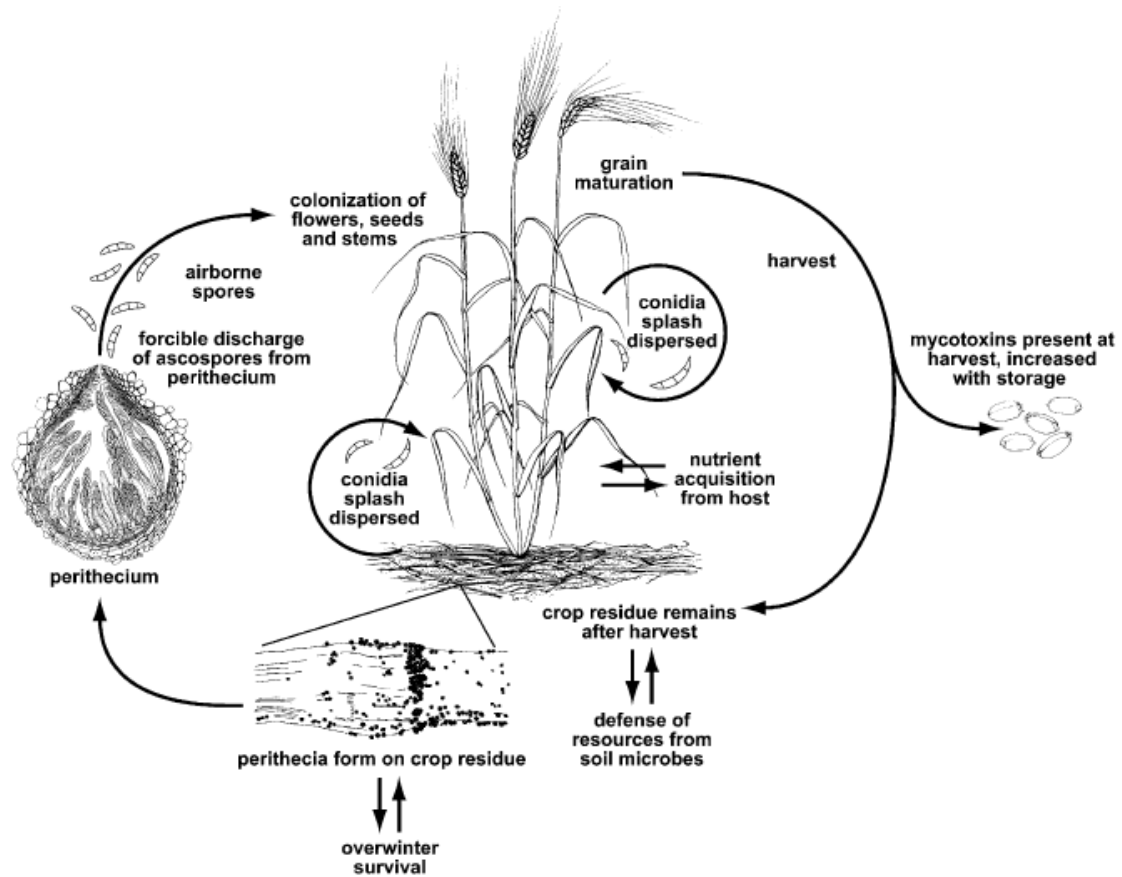


Abb. 4: Lebenszyklus von *F. graminearum* (Trail, 2009)

Während des Frühjahrs bilden die *Fusarium*-Arten, die über ein sexuelles Stadium verfügen, Perithezien, in denen die Ascosporen heranreifen. Die Bildung der Perithezien kann über die gesamte Vegetationsperiode hinweg erfolgen (Trail et al., 2005). Die Reifung der Perithezien sowie die Freisetzung der Ascosporen werden durch eine Vielzahl von Umweltfaktoren wie Lichtintensität, Temperatur, Luftfeuchtigkeit, Niederschlag und Nässe des Gewebes beeinflusst (Trail et al., 2005; Gilbert und Fernando, 2004). Die Ascosporen werden unter geeigneten Bedingungen aktiv ausgeschleudert und durch Luftbewegung über große Distanzen transportiert. Neben der Primärfektion dienen sie der sexuellen Rekombination. Alle *Fusarium*-Arten sind in der Lage Konidien auszubilden. Diese werden sowohl durch Regentropfen und Wind als auch Insekten transportiert und dienen der Massenverbreitung im Bestand. Für die Arten, welche lediglich über ein asexuelles Stadium verfügen, ist dies die

einzigste Form der Ausbreitung (Parry et al., 1995; Munkvold, 2003; Champeil et al., 2004; Gilbert und Fernando, 2004).

Die Vermehrung des Inokulums sowohl durch Ascosporen als auch durch Konidien in Form von Sporodochien ist wahrscheinlich zu jedem Zeitpunkt des adulten Pflanzenstadiums von Getreide oder auch Mais bei für den Erreger günstigen Bedingungen nachweisbar (Beyer et al., 2005).

Die Infektion der Weizenpflanze ist vom Ährenschieben bis zur Teigreife möglich, wobei das anfälligste Entwicklungsstadium jedoch die Blüte darstellt. Die Konidio- und Ascosporen keimen auf den Deckspelzen der Ährchen und auf den Antheren aus (Parry et al., 1995; Bartels und Rodemann, 2003; Bushnell et al., 2003; Champeil et al., 2004). Von den Antheren aus wächst der Pilz mit seinem Mycel entlang des Exokarps zwischen Deck- und Hüllspelze und gelangt in das sich entwickelnde Korn. Fruchtschale und Endosperm werden durch das Pilzwachstum zerstört. Die Hyphen breiten sich weiter inter- und intrazellulär bis zur Ährenspindel aus und können diese, meist basipetal, weiter besiedeln. Von der Spindel aus können später Sekundärinfektionen weiterer Ährchen stattfinden (Bushnell et al., 2003; Jansen et al., 2005). Die Besiedlung der Spindel unterbricht den Wasser- und Nährstofftransport der Leitbündel zu den darüber liegenden Ährchen, wodurch diese in der Folge ausbleichen. Aufgrund der unzureichenden Kornfüllung bilden sich kümmerliche Körner. Auch die infizierten Ährchen bleichen aus. Von diesen Phänomenen des Ausbleichens infizierter und nicht infizierter Ährchen leitet sich der Name „partielle Taubährigkeit“ ab (Snijders und Krechting, 1992; Bushnell et al., 2003). Im späteren Verlauf entwickeln sich auf den Deckspelzen der befallenen Ährchen typische lachsfarbene Sporenlager (Sporodochien) aus. Neben der Infektion der Ähre ist auch eine bodenbürtige Infektion über die Wurzel mit anschließendem systemischen Wachstum für *F. culmorum* an Weizen nachgewiesen worden (Schlüter et al., 2006).

Der primäre Infektionsweg für Erreger der *Fusarium*-Kolbenfäule an Mais erfolgt über die Narbenfäden, die besonders in den ersten sechs Tagen der Blüte äußerst anfällig sind. Die pilzlichen Hyphen wachsen entlang der Narbenfäden zum Fruchtknoten der Körner oder Spindel und besiedeln diese. Bereits zehn Tage nach der Blüte ist dieser Infektionsweg beinahe ausgeschlossen. Die Sporen, die durch Wind oder Wassertropfen auf den Kolben gelangen, infizieren über die Narbenfäden oder den Kolben direkt durch Wunden, welche durch Insekten oder Vögel sowie Hagel verursacht wurden. Sind die Körner bereits hart und trocken, ist es für den Pilz unmöglich geworden diese physiologische Barriere zu durchbrechen (Logrieco, 2002; Munkvold, 2003). Bereits nach zwei Wochen können die ersten Symptome auftreten, häufig sind diese jedoch von außen kaum wahrzunehmen, da die Körner und Kolben von den Lieschblättern umhüllt sind (1998; Munkvold, 2003). Eine weitere Inokulumquelle ist *Fusarium*-infiziertes Saatgut, von dem ausgehend sich im Laufe

der pflanzlichen Entwicklung der Befall über Keimling und Stängel systemisch in der Pflanze ausbreitet (Munkvold et al., 1997). Es konnte nachgewiesen werden, dass der Maispollen in Kombination mit Tau in den Blattachseln optimale Wachstumsbedingungen bedingen, so dass die Ascosporen von *F. graminearum* auskeimen und Sporodochien bilden können, von denen wiederum Konidien abgeschnürt werden, die die Pflanze infizieren können (Rodemann und Bartels, 2004).

Neben dem Ausgangsinokulum ist aber auch die Witterung von entscheidender Bedeutung. Das Zusammenspiel dieser beiden Faktoren entscheidet über die Stärke des Infektionspotentials für die Pflanze. Dabei gelten Witterungsbedingungen mit Temperaturen > 18/19 °C und täglichen Niederschlägen von mehr als fünf Millimetern Regen als besonders infektionsbegünstigend zum Zeitpunkt der Blüte (Bartels und Rodemann, 2003). Jedoch differieren die klimatischen Ansprüche der einzelnen *Fusarium*-Arten. Die optimalen Wachstumsbedingungen für *F. graminearum* liegen zwischen 15 und 25 °C und Luftfeuchtigkeiten von 96 bis 99 % (Magan, 2006). Ähnliche Temperaturansprüche hat *F. avenaceum*, dem ein Wachstum zwischen 10 und 30 °C möglich ist, wobei die Sporenkeimung nur zwischen 15 und 25 °C erfolgt (Oleskevich et al., 1998). *F. graminearum* ist daher in wärmeren Regionen Europas zu finden, während *F. culmorum* und *F. poae* eher in kühleren, maritim geprägten Regionen Mittel- und Nordeuropas vorkommen (Parry et al., 1995; Nicholson et al., 1998; Bottalico, 1998). Für *F. culmorum* sind abiotische Ansprüche von > 80 % Luftfeuchtigkeit und Temperaturen > 10 °C beschrieben (Meier, 2003), wobei optimales Wachstum bei 21 °C erfolgt (Jajic et al., 2008). *F. sporotrichioides* und *F. crookwellense* sind ebenso in kühlen und gemäßigten Regionen vertreten (Visconti et al., 1985; Sugiura et al., 1994). *F. verticillioides* besitzt höhere Temperaturansprüche mit einem Optimum von 27,5 °C, wobei das Wachstum aber zwischen 5 und 37,5 °C möglich ist (Nirenberg, 1976). Ebenfalls sehr hohe Temperaturansprüche haben *F. proliferatum* und *F. oxysporum*, die sich optimal zwischen 25 bis 30 °C entwickeln (Groenewald, 2005). Nach Bottalico (1998) sind gerade *F. proliferatum* und *F. verticillioides* in Südeuropa stark verbreitet, während ihr Auftreten in Nord- und Mitteleuropa sehr gering ist.

2.4 Mykotoxine

Neben Ertragsverlusten und Qualitätsminderungen durch höhere Schmachtkornanteile, sowie niedrigere Tausendkornmassen und Fallzahlen (Dexter et al., 1996; Mc Mullen et al., 1997; Nightingale et al., 1999), stellt vor allem die Kontamination des Ernteguts mit toxischen Stoffwechselprodukten, den Mykotoxinen, ein Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier dar (Tanaka et al., 1988; Lebschy, 1992). Mykotoxine gehören zu einer Gruppe von natürlichen, strukturell sehr unterschiedlichen Stoffen, die als Metabolite aus dem Sekundärstoffwechsel von Schimmelpilzen hervorgehen. Sie werden als hitzestabile

Substanzen in der Nahrungs- und Futtermittelkette und bei der Verarbeitung von Nahrungs- und Futtermitteln nicht abgebaut. Laut Schätzungen der FAO sind weltweit 25 % der Nahrungs- und Futtermittel mit Mykotoxinen kontaminiert.

Nahrungsmittel können von Mykotoxinen auf drei verschiedene Arten kontaminiert werden. Zum einen kann bereits auf dem Feld („Feldpilze“) oder später im Lager („Lagerpilze“) eine sogenannte Primärkontamination stattfinden, die erst im Endprodukt nachweisbar ist. Zum anderen können Fertigprodukte wie Brot oder Marmelade durch eine Sekundärkontamination kontaminiert werden, was sich meist durch auffällige Schimmelbildung an den Nahrungsmitteln bemerkbar macht. Schließlich kann ein sogenannter „carry over“ bei der Verfütterung mykotoxinbelasteter Futtermittel an Nutztiere dazu führen, dass die Mykotoxine im Gewebe des Tieres eingelagert werden und eine entsprechende Belastung des tierischen Nahrungsmittels vorliegt (Bartels und Rodemann, 2003).

Beim Vergleich von Mykotoxinen mit anderen Kontaminationen von Lebens- und Futtermitteln zeigen sich deutliche Unterschiede in der Bewertung ihrer akuten und schleichenden (chronischen) Giftigkeit (Abb. 5).

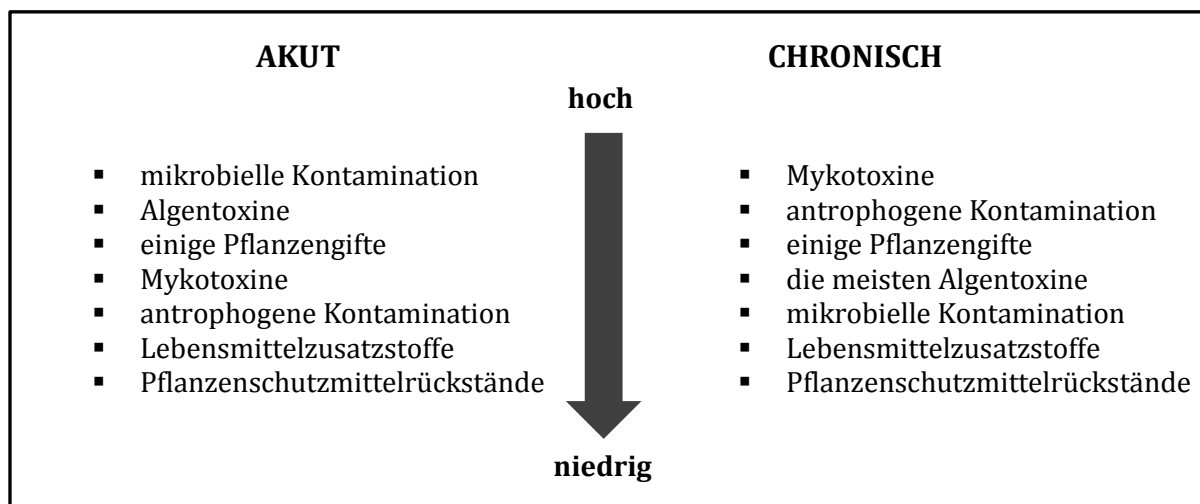


Abb. 5: Bewertung von Gesundheitsrisiken durch Lebensmittel

Während die akute Toxizität der Mykotoxine im Vergleich mit anderen Giftstoffen im mittleren Bereich einzuordnen ist, stellen sie bezüglich ihrer chronischen Giftigkeit, also bei Aufnahme über längere Zeiträume, ein wesentlich höheres Gesundheitsrisiko dar als beispielsweise Pflanzenschutzmittel.

Die fünf Mykotoxine mit dem weltweit wirtschaftlich bedeutendsten Einfluss sind Aflatoxin B1, Ochratoxin A, 4-Deoxynivalenol (DON), Zearalenon (ZEA) und Fumonisin B1 (FB1). Davon werden die drei letztgenannten von *Fusarium*-Arten gebildet (Krska, 2001; Glenn, 2007).

Da Getreide und Mais von einer Vielzahl von *Fusarium*-Arten befallen werden, können diese auch mit einer Vielzahl an *fusarium*spezifischen Mykotoxinen kontaminiert sein, da sich das

Spektrum an synthetisierten Mykotoxinen zwischen den verschiedenen *Fusarium*-Arten unterscheidet (Bottalico, 1998; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006; Desjardins und Protor; 2007)(Tab. 2).

Tab. 2: Mykotoxin bildende *Fusarium*-Arten an Mais und Getreide und deren jeweiligen Mykotoxine
(verändert nach Bottalico, 1998; Thrane et al., 2004; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006)

<i>Fusarium</i>-Art	Mykotoxine
<i>F. avenaceum</i>	MON, BEA
<i>F. crookwellense</i>	NIV, FUS, ZEA, ZOH
<i>F. culmorum</i>	DON, ZEA, NIV, FUS, ZOH, AcDON
<i>F. equiseti</i>	ZEA, ZOH, MAS, DAS, NIV, DAcNIV, FUS, FUC, BEA
<i>F. graminearum</i>	DON, ZEA, NIV, FUS, AcDON, DAcDON, DAcNIV
<i>F. langsethiae</i>	T2, HT2, NEO, MAS, DAS
<i>F. oxysporum</i>	MON, BEA, FB1, FB2
<i>F. poae</i>	DAS, NIV, FUS, MAS, T2, BEA
<i>F. proliferatum</i>	FB1, BEA, MON, FUP, FB2
<i>F. sporotrichioides</i>	T2, HT2, NEO, MAS, DAS
<i>F. subglutinans</i>	BEA, MON, FUP
<i>F. tricinctum</i>	MON, BEA
<i>F. venenatum</i>	DAS
<i>F. verticillioides</i>	FB1, FB2, FB3

AcDON – Monoacetyldeoxynivalenol (3-AcDON, 15-AcDON); AcNIV – Monoacetylnivalenol (15-AcNIV); BEA – Beauvericin, DiAcDON – Diacetyldeoxynivalenol (3,15-AcDON); DacNIV – Diacetylnivalenol (4,15-AcNIV); DAS - Diacetoxyscirpenol; DON – Deoxynivalenol (Vomitoxin); FB1 – Fumonisin B1; FB2 - Fumonisin B2; FB3 – Fumonisin B3; FUP - Fusaproliferin; FUS – Fusarenon-X (4-Acetyl-NIV); FUC - Fusarochromanone; HT2 – HT-2 Toxin; MAS - Monoacetoxyscirpenol; MON - Moniliformin; NEO - Neosolaniol; NIV - Nivalenol; T2 – T-2 Toxin; ZEA - Zearalenon; ZOH - Zearalenol (α und - Isomere)

Die wichtigsten, von den unterschiedlichen *Fusarium*-Arten gebildeten Mykotoxine, lassen sich in die Gruppen der Trichothecene und Fumonisine sowie in Zearalenone und dessen Derivate einteilen.

Trichothecene

Bei den Trichothecenen, die erstmals 1948 von Freemann und Morrison (1949) aus dem Pilz *Trichothecium roseum* isoliert wurden, handelt es sich um eine Gruppe von Sesquiterpenen, deren molekulares Grundgerüst das tetrazyklische 12, 13-Epoxy-trichothec-9-en-Ringsystem ist (Desjardins, 2006)(Abb. 6). Sie werden in erster Linie von *Fusarium*-Arten, aber auch von

Vertretern der Gattungen *Cephalosporium*, *Cryptoela*, *Cylindrocarpon*, *Stachybotrys*, *Myrothecium*, *Trichoderma*, *Cladosporium*, *Trichothecium* und *Verticimonosporium* (Smith et al., 1994) gebildet.

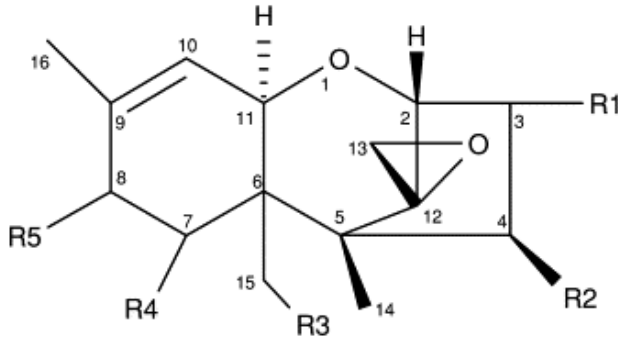


Abb. 6: Grundstruktur der Trichothecene (Nielsen und Thrane, 2001)

Die Trichothecene werden in die zwei Untergruppen der A- und B-Trichothecene aufgeteilt. Charakteristisch für die B-Trichothecene ist das Auftreten einer Carbonylgruppe am C-8-Atom, während dort bei den A-Trichothecenen andere funktionelle Gruppen vorkommen (Bottalico, 1998).

In die Untergruppe der A-Trichothecene fallen die Mykotoxine Mono- und Diacetoscirpenol (MAS und DAS), Neosolaniol (NEO) sowie das T2- und HT2-Toxin. Sie werden unter anderem von den Arten *F. sporotrichioides* und *F. langsethiae* gebildet.

Zu den B-Trichothecenen zählen Deoxynivalenol (DON) mit seinen Derivaten 3-Acetyl-DON und 15-Acetyl-DON und Nivalenol (NIV). B-Trichothecene werden in erster Linie von den Arten *F. graminearum*, *F. culmorum* und *F. crookwellense* synthetisiert, wobei von den an Mais und Getreide parasitierenden *Fusarium*-Arten nur *F. culmorum* und *F. graminearum* DON bilden können (Bottalico, 1998; Thrane et al., 2004; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006). Für diese beiden *Fusarium*-Arten sind Chemotypen beschrieben worden, die entweder nur DON oder NIV bzw. beide Mykotoxine bilden können (Desjardins, 2006). DON ist von allen genannten Trichothecenen das wichtigste und am häufigsten detektierte Mykotoxin (Desjardins, 2006). DON scheint als Virulenzfaktor bei der Infektion von Getreide und Mais eine entscheidende Rolle zuzukommen (Harris et al., 1999; Mc Cormick, 2003; Ludewig, 2005). Im Pflanzengewebe wirkt DON phytotoxisch und kann zu Welkeerscheinungen, Chlorosen und Nekrosen führen. Des Weiteren wirkt DON auf die Proteinbiosynthese in der Pflanze, was vermutlich die Unterdrückung des pflanzlichen Abwehrsystems gegen pilzliche Angriffe zur Folge haben soll (Harris et al., 1999; Conrath et al., 2002).

Die toxischen Effekte der Trichothecene, die an Labor- und Nutztieren beobachtet werden konnten, sind Hautreizungen, Blutungen in inneren diversen Organen, hämolytische

Fehlsteuerungen, Abbau des Knochenmarks, Schwächung des humoralen und zellulären Immunsystems, Hemmung der Proteinbiosynthese und Erkrankungen des Nervensystems (Logrieco et al., 2002; Logrieco et al., 2003). Bei längerer Exposition sind Durchfall, verminderte Nahrungsaufnahme, Erbrechen, reduziertes Wachstum, Schäden an Herz, Leber und Milz die Folge (Prelusky, 1994). Insgesamt wird die Toxizität der Trichothecene vom Typ A höher als die vom Typ B bewertet (Krska et al., 2001).

Hinsichtlich der Auswirkungen auf den Menschen wirken Trichothecene im Allgemeinen zellschädigend, sind hauttoxisch und greifen in erster Linie den Verdauungstrakt an. Sie schwächen das Immunsystem, was zu einer erhöhten Anfälligkeit gegenüber Infektionskrankheiten führt. Die Hauptsymptome beim Menschen nach einer akuten Trichothecenvergiftung sind Erbrechen, Durchfall und Hautreaktionen. DON und NIV hemmen im menschlichen Organismus DNA-, RNA- und die Proteinbiosynthese auf ribosomaler Ebene und führen zur Hämolyse von Erythrozyten. Diese Mykotoxine beeinflussen serotonerge Nervenzellen und damit das ZNS, wodurch es zu neuropsychiatrischen und emotionalen Erkrankungen kommen kann (Desjardins, 2006). Nach Rodemann (1999) kann eine dauerhafte Aufnahme von DON zu Nierenschäden führen. Das T2-toxin gilt als Ursache für „Alimentäre toxische Aleukie“ (ATA). Das Gift zerstört das Rückenmark, wodurch eine Blutarmut hervorgerufen wird. Diese Krankheit forderte während und nach dem 2. Weltkrieg in der Sowjetunion mehrere Tausend Tote (Desjardins, 2006, Leslie und Summerrell, 2006).

Zearalenon

Der Befall von Getreide und Mais mit *F. culmorum* und *F. graminearum*, aber auch einigen anderen Arten wie beispielsweise *F. crookwellense* und *F. equiseti*, kann zu einer Kontamination mit dem Toxin Zearalenon (ZEA) führen (Bottalico, 1998; Desjardins, 2006; Leslie und Summerrell, 2006). ZEA ist ein makrozyklisches Resorcylsäurelacton (Abb. 7) und hat eine ähnliche Struktur wie antibiotische Metaboliten einer großen Anzahl anderer Pilze (Desjardins, 2006). Namensgebend für Zearalenon war der Name der Pilzkultur, aus dem das Mykotoxin zuerst isoliert wurde. Es handelt sich hierbei um *Giberella zeae*, der Hauptfruchtform von *F. graminearum*. Der Trivialname leitet sich von *G. zeae* und der englischen Bezeichnung der Resorcylsäurelactone (resorcylic acid lactone), **-ene** (für das Vorhandensein einer Doppelbindung zwischen C 1 und C 2) sowie **-one** (für die Präsenz eines Ketons am C 6-Atom) ab (Desjardins, 2006).

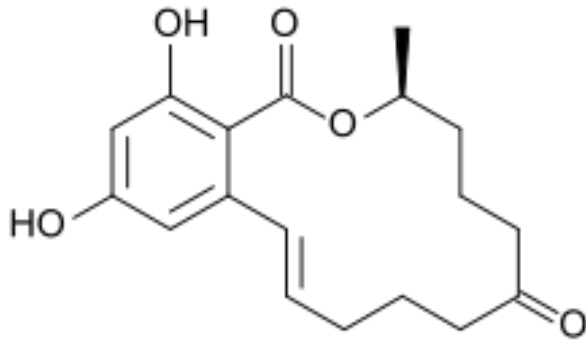


Abb. 7: Grundstruktur von Zearalenon (ZEA)
(Desjardins, 2006)

ZEA verfügt aufgrund seiner Konformation über die Fähigkeit mit körpereigenen Östrogenen um die Östrogenrezeptoren zu konkurrieren und somit bei Warmblütern zu Hyperöstrogenismus, Reproduktions- und Fertilitätsproblemen zu führen. Auf Grund dieser östrogenen Wirkung führt eine Verfütterung von kontaminierten Futterpartien besonders bei Schweinen zu Scham- und Gesäugeschwellungen, zu einer Vergrößerung des Uterus, Scheinträchtigkeiten, Aborten und Sterilität. Weitere Folgen können ein unregelmäßiger Brunstzyklus und eine verzögerte Pubertät sein (Logrieco, 2002; Prelusky, 1994; Dänicke, 2001; Desjardins, 2006). Schweine reagieren besonders empfindlich auf ZEA, was zum Teil auf eine höhere Affinität für die Östrogenrezeptoren bei Schweinen zurückzuführen ist (Dänicke, 2001). Eine erhöhte Belastung mit ZEA äußert sich bei Rindern und Geflügel in einem Leistungsabfall (Logrieco, 2002). Nach Rodriguez et al. (1985) hat der Verzehr von ZEA kontaminierten Lebensmitteln bei Kindern aus Puerto Rico um 1980 pubertäre Entwicklungsstörungen und Brustveränderungen hervorgerufen.

Fumonisine

Fumonisine sind weltweit verbreitet und werden von *F. oxysporum*, *F. proliferatum* und *F. verticillioides* gebildet (Bottalico, 1998; Dejardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006). Fumonisine bestehen aus einer Aminopolyhydroxyalkyl-Kette mit 19 oder 20 Kohlenstoffatomen. Fumonisin B₁, B₂ und B₃ sind die am häufigsten auftretenden und bedeutendsten Vertreter dieser Toxinklasse, wobei das Fumonisin B₁ die höchste akute Toxizität aufweist (Desjardins, 2006). Die *Fumonisine* wirken als Inhibitoren der Sphingolipidsynthese. Dadurch beeinflussen sie zelluläre Prozesse wie Zellwachstum, Zelldifferenzierung sowie die Morphologie der Zellen, die Endothelzellpermeabilität und auch die Apoptose. Die Fumonisine wirken akut toxisch auf Leber und Nieren, sind aber weder mutagen noch gentoxisch. Embryotoxizität und Fruchschädigung werden nur in Verbindung mit oder in Folge von maternaler Toxizität beobachtet. Hypercholesterinämie und eine Reihe immunologischer Veränderungen konnten bei Versuchstieren ebenfalls durch Fumonisine

induziert werden. Bei Pferden verursachen Fumonisine, vor allem FB1, die Gehirnschädigung „Equine Leukoencephalomalazie“ (ELEM), die über Apathie, Ataxie, Paralyse von Unterlippe, Zunge und Pharynx zum Tod führen kann. Bei Schweinen sind sie der Auslöser des ebenfalls tödlichen pulmonalen Ödem-Syndrom (PPE). Fumonisine stehen im bisher nicht eindeutig bestätigten Verdacht, Leberkrebs bei Ratten auszulösen. Sie werden jedoch von mehreren Autoren mit Speiseröhrenkrebs beim Menschen in Südafrika, Norditalien, im Südosten der USA und in einer Region in China in Verbindung gebracht (Diaz und Boermanns, 1994; Desjardins, 2006).

Maskierte Mykotoxine

Ein existentes, aber bis jetzt nur wenig berücksichtigtes Problem für die Lebensmittel- und Futtermittelsicherheit stellen die sogenannten „maskierten“ Mykotoxine dar.

Erste Hinweise für eine metabolische Umwandlung von Mykotoxinen bzw. das Vorhandensein konjugierter Mykotoxine in Pflanzen wurden Mitte der 80er Jahre gewonnen. Miller und Young (1985) zeigten, dass nach der Infektion von Winterweizen mit *F. graminearum* die DON-Gehalte der Ähren im Verlauf der Pathogenese zunächst stiegen, ein Maximum erreichten, aber im Verlauf der weiteren pflanzlichen Entwicklung bis zur Ernte wieder sanken. Es wurde angenommen, dass die Modifikation des DONs durch pflanzliche Enzyme ursächlich für diese Abnahme war. Bereits ein Jahr zuvor machten Young et al. (1984) eine konträre Beobachtung. Der DON-Gehalt von hefefermentierten Nahrungsmitteln war nach dem Herstellungsprozess höher als der Gehalt des für die Herstellung der Lebensmittel genutzten DON-kontaminierten Weizenmehls. Es wurde hierbei vermutet, dass der DON-Anstieg durch eine enzymatische Umwandlung eines unbekanntes, bereits im Mehl vorhandenen und von der Pflanze gebildeten DON-Konjugaten hervorgerufen wurde, der mit den standardmäßigen Analysen nicht nachgewiesen werden konnte.

DON-Konjugate konnten erstmals durch Savard (1991) chemisch mit Glucose und Fettsäuren synthetisiert werden. Sewald et al. (1992) identifizierten das DON-3-Glucosid (3- β -D-Glucopyranosyl-4-Deoxynivalenol = Deoxynivalenol-3- β -D-Glucosid = D3G) als Hauptmetabolit des DONs nach der Behandlung von Maiszellensuspensionskulturen mit ^{14}C -markiertem DON, welches in D3G metabolisiert wurde. Die Struktur wurde durch NMR-Spektroskopie und Elektrospray-Massen-Spektroskopie beschrieben. Durch Berthiller et al. (2003) wurde das DON-3-Glucosid (D3G) synthetisiert und mittels QTrap LC/MS charakterisiert.

Verantwortlich für die Umsetzung von DON zum nicht phytotoxischen D3G ist die pflanzeigene UDP-Glucosyltransferase (UGT (Uridindiphosphatglucosyltransferase)). Das Enzym katalysiert im Phase-II-Metabolismus der Pflanze den Transfer von einem Glucosemolekül der UDP-Glucose auf die Hydroxyl-Gruppe des dritten C-Atoms des DONs,

wodurch die reaktive Stelle des Moleküls blockiert und dieses inaktiviert wird (Poppenberger et al., 2003) (Abb. 8).

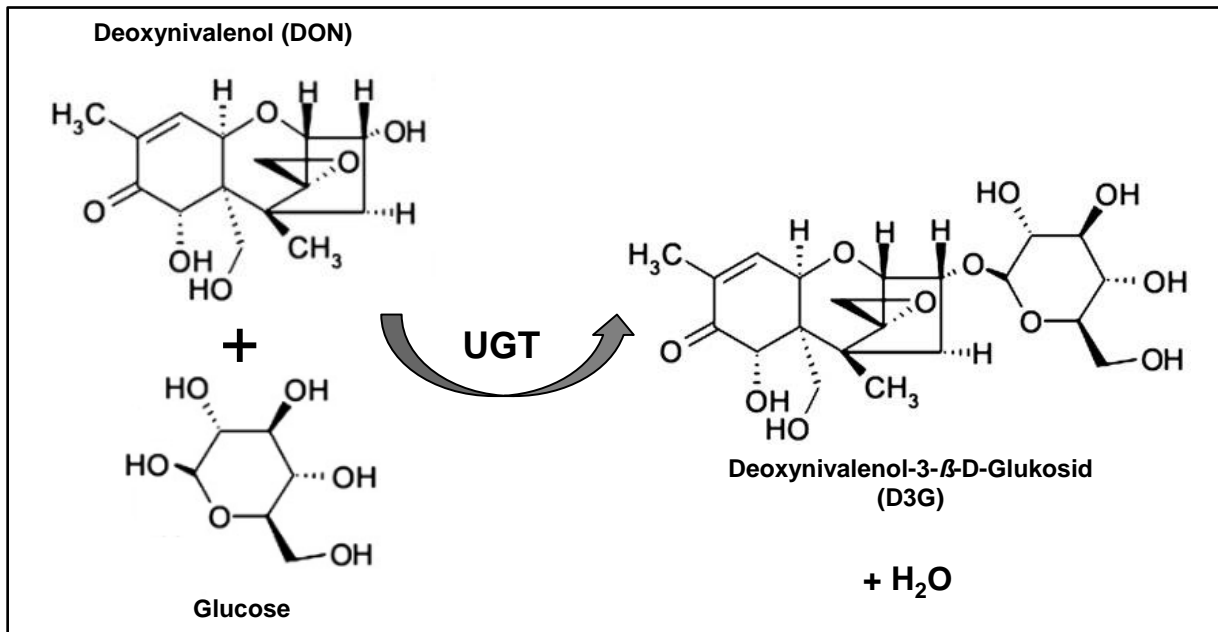


Abb. 8: Umwandlung von DON und Glucose zum nicht phytotoxischen DON-3-Glucosid (D3G) und Wasser durch die pflanzeigene UDP-Glucosyltransferase (= UGT (Uridindiphosphat-glucosyltransferase) (verändert nach Berthiller et al., 2009)

Die UDP-Glucosyltransferase wurde zunächst von *Arabidopsis thaliana* (Poppenberger et al., 2003) und später von Weizen (Ma et al., 2010) kloniert und charakterisiert. Durch Poppenberger et al. (2003) und Ma et al. (2010) konnte auch die Induktion der Expression der UDP-Glucosyltransferase bei *Fusarium*-Befall durch DON gezeigt werden. Neben DON regulieren auch die Botenstoffe Salicylsäure, Ethylen und Jasmonsäure die Expression des Enzyms. Eine konstitutive Überexpression der UDP-Glucosyltransferase in *Arabidopsis thaliana* führte zu einer verbesserten Toleranz der Pflanze gegenüber DON (Poppenberger et al., 2003). Durch die Glucosylierung wirkt DON einerseits nicht mehr toxisch, andererseits wird es auch besser wasserlöslich, wodurch es besser innerhalb der Pflanze abtransportiert oder in der Vakuole eingelagert werden kann (Berthiller et al., 2009).

Während DON und andere B-Tricothecene wie NIV, Fusarenon X, 3-Ac-DON und 15-Ac-DON durch eine Reihe von analytischen Methoden in Getreide und Getreideprodukten routinemäßig nachgewiesen werden können (Krska et al., 2001), wird nach dem D3G-Metaboliten für gewöhnlich bei den Mykotoxin-Standardanalysen nicht gesucht, was zu einer Unterschätzung des eigentlich vom Pilz produzierten DON führen kann (Berthiller et al., 2003). Von Berthiller et al. (2005) wurde eine Methode zum Nachweis von D3G mittels LC/MS entwickelt.

D3G konnte als Erstes in Weizen- (Berthiller et al., 2005; Sasanya et al., 2008; Berthiller et al., 2009) und Maisproben (Berthiller et al., 2005; Berthiller et al., 2009) detektiert und zuletzt auch in Gerste, Malz sowie Bier (Lancova et al., 2008; Kostelanska et al., 2009; Kostelanska et al., 2011) gefunden werden.

Berthiller et al. (2005) konnten D3G erstmals in natürlich mit Fusarien befallenen Weizen- und Maisproben bzw. künstlich mit *F. graminearum* und *F. culmorum* infizierten Weizenproben nachweisen. Um die Häufigkeit des Auftretens von D3G sowie dessen relative und absolute Konzentrationen in natürlich kontaminiertem Getreide zu untersuchen, wurden von Berthiller et al. (2009) 23 Weizenproben von Schlägen aus Deutschland, Österreich und der Slowakei sowie 54 Körnermaisproben von österreichischen Feldern auf DON und D3G analysiert. Beide Analyten konnten in allen 77 Feldproben detektiert werden. Im Weizen lagen 7 bis 29 % des gesamten in den Proben enthaltenen DON in der glucosylierten Form vor, was einem Durchschnitt von 17 % entspricht. Im Mais waren durchschnittlich 14 % des DON als D3G vorliegend, die Gehalte an D3G reichten dabei von 5 bis 46 %. In 72 von 86 kanadischen Körnermaisproben konnten Tran et al. (2011) „maskiertes“ DON finden, wobei der Anteil am Gesamt-DON bei durchschnittlich 14 % lag. Das beständige Auftreten von D3G in allen untersuchten Weizen- und Maisproben bestätigt die Präsenz der konjugierten Formen der Mykotoxine zusammen mit ihren Ausgangsmykotoxinen und somit die Unterschätzung der gesamten Mykotoxinbelastung.

Bei einer Untersuchung von insgesamt 116 Getreideprodukten (z.B. Mehl, Frühstückscerealien) des tschechischen Marktes waren insgesamt 75 % der Lebensmittel mit DON und sogar 80 % mit D3G kontaminiert. Es konnten DON-Gehalte zwischen 13 und 594 µg/kg und D3G-Gehalte von 5 bis 72 µg/kg festgestellt werden (Malachova et al., 2011). Kostelanska et al. (2009) fanden D3G-Gehalte in Bier von bis zu 37 µg/l, wobei in einem großen Teil der Proben die D3G-Gehalte denen des DON entsprachen bzw. übertrafen. Dabei konnte das D3G in 74 % der 176 Biere gefunden werden, wobei DON in lediglich 64 % der Proben nachgewiesen werden konnte. In einer weiteren Studie von Kostelanska et al. (2011) wurden in allen untersuchten alkoholischen und nicht alkoholischen Bieren DON und D3G detektiert, wobei der Gehalt an D3G den des DON in jedem untersuchten Bier überstieg.

Ein Metabolit des Mykotoxins ZEA stellt das sogenannte ZEA-4-Glucosid (ZEA-4-β-D-Glucopyranosid = Z4G) dar, welches in infiziertem Gewebe von Getreide und Mais in das Glucose-Konjugat transformiert und, wie das D3G, mit den bisherigen Mykotoxin-Standardanalysen nicht erfasst wird (Engelhardt et al., 1988; Poppenberger et al., 2006). Die Modifikation von ZEA zu Z4G wurde bereits 1988 durch Engelhardt et al. mittels Maiszellensuspensionskulturen nachgewiesen. Verantwortlich für die Konjugation von ZEA zum Z4G ist eine pflanzeneigene UDP-Glucosyltransferase, welche in *Arabidopsis thaliana*

entdeckt wurde (Poppenberger et al., 2006). Durch Schneewis et al. (2002) wurde eine Methode zum qualitativen und quantitativen Nachweis von Z4G mittels LC/MS entwickelt. In derselben Studie wurden 24 natürlich infizierte Weizenproben auf das Vorkommen von ZEA und Z4G untersucht. ZEA konnte in 22 von 24 Proben in einem Bereich von 11 bis 860 µg/kg, Z4G in 10 der 24 Feldproben (alle waren ZEA-positiv) bei Gehalten von 17 bis 104 µg/kg nachgewiesen werden. Der durchschnittliche, relative Anteil von Z4G an ZEA betrug 27 %, wobei steigende ZEA-Gehalte mit steigenden Z4G-Gehalten korreliert waren.

Ein weiterer „maskierter“ Metabolit von ZEA ist das ZEA-4-Sulfat (Z4S), welches jedoch innerhalb des pilzlichen Metabolismus gebildet wird (Plasencia und Mirocha, 1991). Vendl et al. (2010) konnten in einigen Getreideprodukten Z4S in geringen Gehalten nachweisen (Weizen- und Maismehl, Müsli, etc.).

Die ZEA-Metaboliten α -Zearalenol (α -ZOL) und β -Zearalenol (β -ZOL), ebenfalls durch pflanzliche Enzyme aus ZEA gebildet und mit herkömmlichen Extraktions- und Messmethoden nachweisbar, können ebenfalls zu Glucosiden (α -Zearalenol-4-Glucosid und β -Zearalenol-4-Glucosid) umgewandelt werden (Engelhardt et al., 1988; Vendl et al., 2010).

Für „maskierte“ Toxine sind bis jetzt wenige toxikologische bzw. metabolische Studien verfügbar. Generell stellt die Konjugation von Mykotoxinen einen effektiven Entgiftungsmechanismus dar, durch welchen die akute Toxizität vergleichend zum Ausgangsmykotoxin reduziert wird. Poppenberger et al. (2003) konnten am Beispiel von D3G zeigen, dass die Inhibierung der Proteinsynthese von Weizenribosomen durch D3G im Vergleich zu DON drastisch reduziert werden konnte. Vergleichend zum Ausgangsmetaboliten ZEA weist das Konjugat Z4G eine geringere östrogene Aktivität auf (Poppenberger et al., 2006). Obwohl durch die Konjugation eine Entgiftung der Mykotoxine erfolgt, sollten die „maskierten“ Mykotoxine im Rahmen der Futter- und Lebensmittelsicherheit Berücksichtigung finden, da eine Spaltung des konjugierten Mykotoxins in seine Ausgangsformen im Verlauf der Verdauung möglich ist bzw. erfolgt. Gareis et al. (1990) konnten am Beispiel des glucosyliertes ZEAs (Z4G) nachweisen, dass das Z4G beim Gang durch den Verdauungstrakt von Schweinen wieder vollständig in die freien Formen ZEA und Zucker gespalten wird, womit die ZEA-Belastung der Schweine höher war, als es bei der Analyse der Futtermittel angenommen worden ist. Durch die Spaltung des Z4G ist dieses Konjugat indirekt ebenso toxisch wirksam wie ZEA.

Im Falle des D3G konnte durch Berthiller et al. (2011) aufgezeigt werden, dass das „maskierte“ DON gegenüber einer sauren Hydrolyse, wie sie im Magen von Säugetieren stattfindet, und cytosolischen β -Glucosidasen stabil ist und nicht in ihre Ausgangsmoleküle gespalten wird. Jedoch konnte durch verschiedene Milchsäurebakterien, die aus dem Darm von Säugetieren isoliert wurden, eine Spaltung von D3G in DON und Glucose nachgewiesen

werden, womit die Gesamt-DON-Belastung bei einer D3G-positiven Probe unterschätzt werden würde.

Damit die Gesamthöhe der Mykotoxinbelastung erfasst werden kann, sollte bei zukünftigen Mykotoxinanalysen auch der Gehalt an „maskierten“ Mykotoxinen berücksichtigt werden.

Mykotoxinhöchstmengen und Richtwerte

Die Mykotoxine DON und ZEA haben durch ihr häufiges Auftreten im europäischen Raum die größte Bedeutung und werden daher oft als Leittoxine bezeichnet (Bartels und Rodemann, 2003). Da Mykotoxine chemisch sehr stabil und hitzebeständig sind und in der Nahrungs- und Futtermittelkette sowie bei der Verarbeitung von Nahrungs- und Futtermitteln nicht abgebaut werden, kommt der Vermeidung der Mykotoxinbelastung von landwirtschaftlichen Erzeugnissen hohe Bedeutung zu. Die Festsetzung von gesetzlichen Höchstmengen an Mykotoxinen sowie deren Einhaltung sind wesentlicher Bestandteil eines vorbeugenden Verbraucherschutzes (Bartels und Rodemann, 2003; Engelhardt und Berger, 2008).

Im Jahr 2006 wurde daher die EU-weit gültige Mykotoxin-Höchstmengenverordnung (EG Nr. 1881/2006) eingeführt, die die zulässigen Höchstgehalte für die *Fusarium*-Toxine DON und ZEA aber auch Fumonisine (Fumonisin B₁ + B₂) in bestimmten verarbeiteten und unverarbeiteten Lebensmitteln regelt und im Jahr 2007 durch eine weitere Verordnung (EG Nr. 1126/2007) geändert wurde (Tab. 3). Die Einhaltung der Höchstmengen wird überprüft und bei deren Überschreitung dürfen diese Lebensmittelerzeugnisse nicht vermarktet werden.

Für die praktische Landwirtschaft sind vor allem die Höchstmengen für unverarbeitetes Getreide und unverarbeiteten Mais von großer Bedeutung, da belastetes Erntegut nicht weiterverarbeitet bzw. mit weniger oder nicht belastetem verschnitten werden darf. Für unverarbeitetes Getreide (z.B. Weichweizen) dürfen Mykotoxingehalte von 1250 µg DON/kg, für unverarbeiteten Hartweizen, Hafer und Mais von 1750 µg/kg nicht überschritten werden. Hinsichtlich der ZEA-Belastung sind für unverarbeitetes Getreide 100 µg ZEA/kg und für unverarbeiteten Mais 350 µg ZEA/kg tolerierbar.

Tab. 3: Höchstmengen für die *Fusarium*-Toxine DON, ZEA und Fumonisine (B₁ + B₂) in unverarbeiteten Speisegetreide und Lebensmitteln (Anonym, 2007)

Mykotoxin	Lebensmittelerzeugnis	Höchstgehalt (µg/kg)
Deoxy-nivalenol	Unverarbeitetes Getreide außer Hartweizen, Hafer und Mais	1250
	Unverarbeiteter Hartweizen, Hafer und Mais	1750
	Zum unmittelbaren menschlichen Verzehr bestimmtes Getreide, Getreidemehle, Kleie, Keime und Teigwaren	750
	Brot (einschließlich Kleingebäck), feine Backwaren, Kekse, Getreide-Snacks und Frühstückscerealien	500
	Getreidebeikost und andere Beikost für Säuglinge und Kleinkinder	200
Zearalenon	Unverarbeitetes Getreide außer Mais	100
	Unverarbeiteter Mais	350
	Zum unmittelbaren menschlichen Verzehr bestimmtes Getreide, Getreidemehle, Kleie und Keime	75
	Brot (einschließlich Kleingebäck), feine Backwaren, Kekse, Getreide-Snacks und Frühstückscerealien	50
	Getreidebeikost und andere Beikost für Säuglinge und Kleinkinder	20
Summe Fumonisin B ₁ und B ₂	Unverarbeiteter Mais	4000
	Zum unmittelbaren menschlichen Verzehr bestimmter Mais, zum unmittelbaren menschlichen Verzehr bestimmte Lebensmittel auf Maisbasis	1000
	Frühstückscerealien und Snacks auf Maisbasis	800
	Getreidebeikost und andere Beikost auf Maisbasis für Säuglinge und Kleinkinder	200

Diese für unverarbeitete und verarbeitete Lebensmittel festgelegten Höchstmengen gelten allerdings nicht für Futtermittel für die tierische Ernährung. Hier bestehen nur sogenannte Richtwerte, welche die unterschiedliche Sensitivität einzelner Nutztierarten gegenüber bestimmten Mykotoxinen widerspiegeln. Da durch das sogenannte „carry over“ auch eine Aufnahme belasteter Nahrungsmittel tierischer Herkunft durch den Verbraucher möglich ist (Döll und Dänicke, 2004), wurden betreffend des Vorhandenseins der Fusarientoxine DON, ZEA, sowie Fumonisinen, in zur Verfütterung an Tiere bestimmten Erzeugnissen, durch die Empfehlung der Kommission vom 17. August 2006, Richtwerte als sogenannte Orientierungswerte vorgegeben (Tab. 4).

Tab. 4: Richtwerte für die *Fusarium*-Toxine DON, ZEA und Fumonisine (B₁ + B₂) in zur Fütterung an Tiere bestimmten Erzeugnissen (Anonym, 2006)

Zur Fütterung bestimmte Erzeugnisse	DON (µg/kg)	ZEA (µg/kg)	Σ aus B ₁ & B ₂ (µg/kg)
<u>Futtermittelausgangserzeugnisse:</u>			
- Getreide und Getreideerzeugnisse außer Maisnebenprodukte	8000	2000	-
- Maisnebenprodukte	12000	3000	-
- Mais und Maiserzeugnisse	-	-	60000
<u>Ergänzungs- und Alleinfuttermittel:</u>			
- Rinder (z.B. Milchkühe)	5000	500	-
- Schweine	900	250	5000
- Ferkel und Jungsauen	-	100	-
- Kälber (< 4 Monate), Lämmer und Ziegenlämmer	2000	500	20000
- Wiederkäuer (> 4 Monate)	-	-	50000

Die Richtwerte für DON und ZEA in den Futtermitteln für Schweine sowie Ferkel und Jungsauen sind hierbei besonders niedrig angesetzt, da Monogastrier im Vergleich zu Wiederkäuern, wie bereits erwähnt, besonders empfindlich auf eine Kontamination mit den Mykotoxinen reagieren. Die Richtwerte der maximalen Mykotoxinbelastungen von DON und ZEA in Futtermitteln liegen bei 900 µg DON/kg und 350 µg ZEA/kg für Mastschweine und 5000 µg DON/kg und 500 µg ZEA/kg in der Rinderfütterung.

2.5 Strategien zur Vermeidung von Mykotoxinen

Zur allgemeinen Reduktion des *Fusarium*-Befalls und Mykotoxin-Belastungen stehen im Getreide- und Maisanbau acker- und pflanzenbauliche Maßnahmen zur Verfügung. Der Einsatz von Fungiziden zur Bekämpfung von Fusarien ist im Weizen zulässig, jedoch bestehen im Maisanbau in Deutschland keine Zulassungen für Fungizide.

Fruchtfolge und Vorfrucht

Aufgrund der Bedeutung des Inokulumpotentials für die Infektion kommt der Fruchtfolgegestaltung und im Besonderen der Vorfrucht eine zentrale Stellung für das Befallsgeschehen zu. Die Vorfrucht und deren Ernterückstände bestimmen zusammen mit der Form der Bodenbearbeitung das Ausgangsinokulum (Bartels und Rodemann, 2003). Fruchtfolgen mit hohem Anteil an Getreide und Mais können nach der Ernte ein hohes

Infektionspotential auf den Stoppel- und Ernterückständen für die nachfolgende Kultur hinterlassen. Damit steigen die Möglichkeiten der Vermehrung und Überdauerung des Pilzes in der vegetationsfreien Zeit erheblich an. Da die Verrottung der verholzten Maisstoppeln länger andauert als die von Getreidestroh, stellen Ernterückstände von Mais eine besondere Gefahr für die Folgefrucht dar (Schlüter, 2010). Da es sich bei Fusariosen um plurivore Erreger handelt, sind diese in der Lage selbst beim Anbau einer anderen Kulturart an dieser zu parasitieren. Es wurde häufig beobachtet, dass in getreidebetonten Fruchtfolgen, in der Weizen nach Mais als Nachfrucht angebaut wurde, hohe Belastungen mit Mykotoxinen nachgewiesen werden konnten. Somit kann sich durch zu enge Fruchtfolgen bzw. dem Anbau von Wirtspflanzen in Monokultur (z.B. Mais- oder Weizenmonokultur) die *Fusarium*-Problematik von Jahr zu Jahr verschärfen (Flett, 1991; Munkvold, 2003; Pirgozliev et al., 2003; Edwards, 2004; Schaafsma et al., 2005; Oldenburg et al., 2007; Blandino et al., 2009). Wie aus Abbildung 9 ersichtlich, übt gerade Mais als Vorfrucht zu Weizen einen stark infektionsfördernden Einfluss aus, in dessen Folge der DON-Gehalt im Weizen stark ansteigt. So besitzt Mais ein vielfach höheres Gefährdungspotential als zum Beispiel Gerste oder Zuckerrüben.

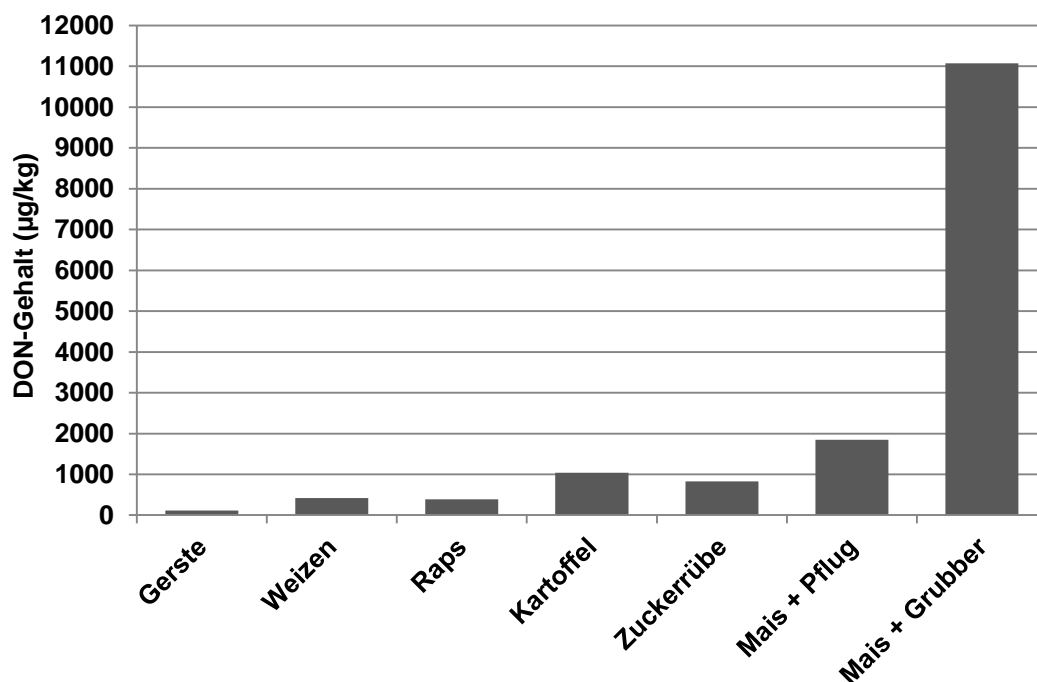


Abb. 9: Einfluss von Vorfrucht und Bodenbearbeitung auf den DON-Gehalt von Winterweizen (verändert nach Bartels und Rodemann, 2003)

Bodenbearbeitung

In der vegetationsfreien Zeit überdauern die Fusarien primär auf abgestorbenen und noch nicht verrotteten Ernterückständen. Das Vorhandensein großer Mengen dieser Erntereste an der Bodenoberfläche erhöhen das Risiko eines Befalls und damit die Gefahr erhöhter

Mykotoxin-Gehalte der Folgefrucht beträchtlich. In diesem Zusammenhang spielt auch die Intensität der Bodenbearbeitung eine entscheidende Rolle. Durch den Einsatz des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung werden die Ernterückstände der Vorfrucht in tiefere Bodenschichten verlagert und somit der Infektionsdruck für die Folgefrucht verringert. Durch die Minimalbodenbearbeitung resultieren in der Regel höhere Inokulumpotentiale und damit ein erhöhtes *Fusarium*-Befallsrisiko, da im Vergleich zum Pflugeinsatz deutlich größere Mengen organischen Materials an der Bodenoberfläche verbleiben (Abb. 10)(Munkvold, 2003; Bartels und Rodemann, 2003; Bateman, 2005; Schaafsma et al., 2005; Beyer et al., 2006; Maiorano et al., 2008; Oldenburg et al., 2007; Osborne und Stein, 2007; Musa et al., 2011).

Durch den Einsatz des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung nach der Vorfrucht Mais durch das Unterpflügen der Stoppelreste in tiefere Bodenschichten die DON-Gehalte des Weizens im Vergleich zu einem mit reduzierender Bodenbearbeitung (Grubber) bestellten Weizen nach der Vorfrucht Mais deutlich vermindert (Abb. 9).



Abb. 10: Anbau von Mais nach Mais nach pflugloser (links; viele Ernterückstände) und wendender (rechts; keine Ernterückstände) Bodenbearbeitung mit dem Pflug

In ihren Untersuchungen konnten Schaafsma et al. (2005) nachweisen, dass durch den Einsatz der Minimalbodenbearbeitung bzw. Direktsaat nach der Vorfrucht Mais die DON-Belastungen im Vergleich zur wendenden Bodenbearbeitung um das drei- bzw. fünffache höher lagen. Ferner wurden durch den Anbau einer Nichtwirtspflanze als Vorfrucht auch bei Minimalbodenbearbeitung und Direktsaat die DON-Gehalte im Weizenerntegut erheblich reduziert.

Abbildung 11 zeigt den Zusammenhang zwischen Bodenbearbeitung, Vorfrucht und dem DON-Gehalt von Weizen.

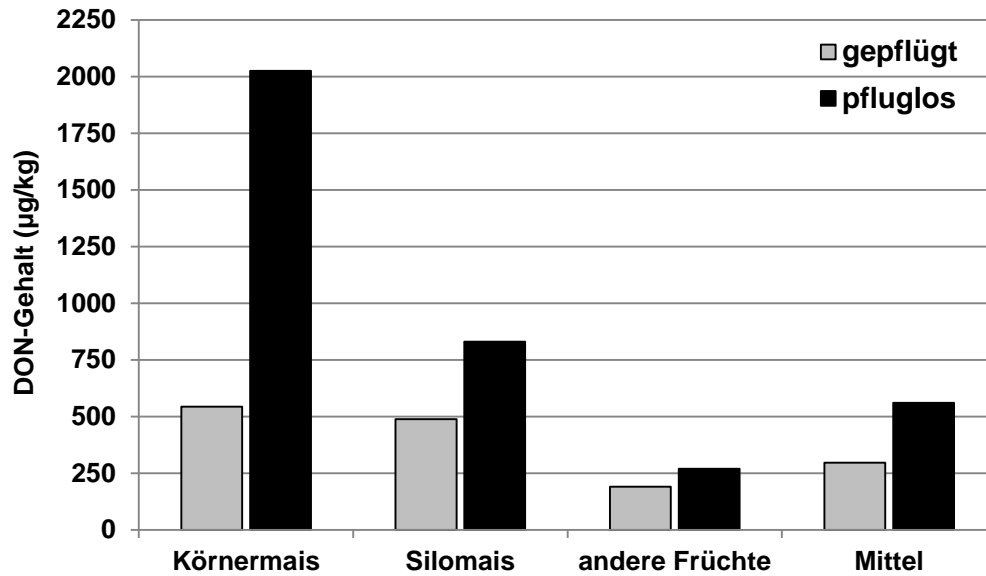


Abb. 11: Belastung des Weizens mit DON nach unterschiedlicher Bodenbearbeitung und verschiedenen Vorfrüchten (verändert nach Bartels und Rodemann, 2003)

Die höchsten DON-Belastungen sind in der Folgefrucht Weizen nach dem Anbau von Mais zu finden, während durch den Anbau anderer Vorfrüchte das Risiko hoher DON-Kontaminationen erheblich sinkt. Des Weiteren führt die Anwendung des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung zu einer deutlichen Minimierung der DON-Gehalte gegenüber der Minimalbodenbearbeitung, wodurch gerade bei Vorfrucht Mais die DON-Belastungen erheblich abnehmen.

Sortenwahl

Im Rahmen des Integrierten Pflanzenschutzes kommt der Sortenwahl eine besondere Bedeutung zu, insbesondere bei engen Getreidefruchtfolgen und konservierender Bodenbearbeitung. Die durch Züchtung erreichte Toleranz gegenüber Krankheitserregern gilt dabei als wichtige vorbeugende Maßnahme im Pflanzenschutz. Durch den Anbau wenig anfälliger Sorten gegenüber *Fusarium*-Arten kann einer Besiedlung durch den Erreger entgegengewirkt und das Risiko hoher Mykotoxin-Belastungen begrenzt werden. Anhand von Resistenzbewertungen verschiedener Weizen- und Maissorten ergibt sich, dass zurzeit keine *Fusarium*-resistenten Sorten zugelassen sind, wobei jedoch hinsichtlich der Anfälligkeit große Unterschiede zwischen den Sorten auftreten (Rudd et al., 2001; Anonym, 2012b). Beyer et al. (2006) konnten nachweisen, dass durch den Anbau einer gering anfälligen Winterweizensorte (Dekan) im Vergleich zu einer anfälligen Sorte (Ritmo) unter gleichen Anbaubedingungen im norddeutschen Raum die DON-Gehalte um 75 % vermindert werden konnten.

Fungizideinsatz

Häufig sind Fungizide unter befallsfördernden Witterungsbedingungen oder in Anbaugebieten mit Risikofaktoren als die letztlich durchschlagende Maßnahme zur Vermeidung eines *Fusarium*-Befalls anzusehen (Bartels und Rodemann, 2003). In der Maiskultur sind derzeit keine Fungizide zugelassen, während im Weizen erfolgreich Fungizide zur Bekämpfung von pilzlichen Krankheiten eingesetzt werden.

Zur direkten Bekämpfung der partiellen Taubährigkeit wird die Applikation von triazolhaltigen Fungiziden empfohlen (Edwards et al., 2001; Mesterhazy et al., 2002; Edwards, 2004). Die Effizienz einer solchen Behandlung hängt in großem Maße von der termingerechten Ausbringung der Fungizide ab. Die beste Kontrolle der Fusarien durch Fungizide wird während der Weizenblüte erreicht, wohingegen durch eine Applikation vor bzw. nach der Blüte die Effizienz bzw. der *fusarium*spezifische Wirkungsgrad rapide abnimmt. Die termingerechte Ausbringung zur Blüte sollte in einem Zeitfenster von etwa plus/minus zwei bis vier Tagen um den Infektionstermin herum erfolgen (Homdork et al., 2000; Bartels und Rodemann, 2003). Der Wirkungsgrad einer termingerechten Applikation hinsichtlich der Befalls- und DON-Reduktion liegt nach Mielke et al. (2000) dann bei 50 bis 60 %. Aus der Gruppe der Triazole sind die Wirkstoffe Tebuconazol, Metconazol und Prothioconazol besonders wirksam (Edwards et al., 2001; Menniti et al., 2002; loos et al., 2005; Blandino et al., 2006; Krasjak et al., 2008). Edwards et al. (2001) konnten im Winterweizen nach künstlicher Infektion mit *F. culmorum* und *F. graminearum* DON-Reduktionen von nahezu 80 % in den mit Metconazol und Tebuconazol zur Blüte behandelten Varianten gegenüber der Kontrollvariante feststellen. Menniti et al. (2002) wiesen für Tebuconazol hohe Reduktionen von *F. culmorum* und *F. graminearum* und DON von 50 % nach, während sich Epoxiconazol als weniger effektiv herausstellte, wobei ähnliche DON-Gehalte wie in der fungizidunbehandelten Kontrolle festgestellt wurden. In einer Studie von Krasjak et al. (2008) mit verschiedenen Fungiziden wurde mit der Kombination aus Tebuconazol + Prothioconazol die mit Abstand höchsten Befallsreduktionen festgestellt.

Im Gegensatz zu den Triazolfungiziden sind Wirkstoffe aus der Gruppe der Strobilurine meist wirkungslos gegenüber Fusarien (Edwards et al., 2001; Pirgozliev et al., 2002; loos et al., 2005). Untersuchungen von Simpson et al. (2001) zeigten, dass die Anwendung von Azoxystrobin ein verstärkte Besiedlung des Weizens mit Fusarien zur Folge hatte, hervorgerufen durch den „greening-Effekt“. Die DON-Gehalte lagen sogar oberhalb der unbehandelten Kontrolle.

3. Material und Methoden

Im Folgenden werden die in dieser Arbeit verwendeten Materialien und Methoden dargestellt.

3.1 Verwendete Materialien

3.1.1 Technische Geräte

Fotodrucker Video Copy Processor P91 W (für UV-Leuchttisch)	Mitsubishi Electronics America, Cypress, Kalifornien - USA
LC/MS 500-MS IT Mass Spectrometer	Varian Inc., Palo Alto, Kalifornien - USA
Gelkammer SUB-CELL®GT	BIO-RAD Laboratories, Hercules, Kalifornien - USA
Nano Drop	General Electric Company, Fairfield, Connecticut - USA
qPCR iCycler iQ™RealTimePCR	BIO-RAD Laboratories, Hercules, Kalifornien - USA
PCR-Block Primus 96 plus	Aviso GmbH, Jena – GER
Polaris 5 C18-A-Säule (150 x 3,0 mm)	Varian Inc., Palo Alto, Kalifornien – USA
Rotormühle Pulverisette 14	Fritsch, Idar-Oberstein - GER
Schüttler	Edmund Bühler GmbH, Hechingen – GER
Schwingmühle (Ball mill) TissueLyser	Qigan, Hilden - GER
Thermoblock Digital Heatblock	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Transformator (für Gelkammer) POWER PAC 300	BIO-RAD Laboratories, Hercules, Kalifornien - USA
UV-Leuchttisch Bioscanner BIO RAD	BIO-RAD Laboratories, Hercules, Kalifornien - USA
Vakuumpumpe Vacuum Pump V700 (für Vakuumentrifuge)	BÜCHI Labortechnik AG, Flävil - CH
Vakuumentrifuge S Concentrator BA-VC-300H	H. Saur Laborbedarf, Reutlingen - GER
Vortexer VF 2	IKA® Werke GmbH & Co. KG, Staufen - GER
Vortexer VORTEX-GENIE-MIXER 2	EYDAM KG, Kiel - GER
Wasserbad LAUDA E100	Lauda GmbH & Co KG, Königshofen - GER
Zentrifuge Biofuge pico	Heraeus, Osterode – GER
Zentrifuge Centrifuge 5804R	Eppendorf, Hamburg – GER

3.1.2 Verbrauchsmaterialien und molekularbiologische Kits

13 mm Syringe Filter (w/0,2 µm PTFE)	VWR, West Chester, Pennsylvania – USA
15 ml Schraubgefäß	Sarstedt AG, Nümbrecht - GER
50 ml Schraubgefäß	Sarstedt AG, Nümbrecht - GER
96 Multiply PCR-Platte	Sarstedt AG, Nümbrecht - GER
DNA-Leiter GeneRuler™ 1 kB	Fermentas Life Sciences, St. Leon-Rot - GER
DONPREP®	R-Biopharm Rhone, Glasgow - UK
Faltenfilter MN 615 ¼ (Ø 125 mm)	Macherey - Nagel GmbH & Co. KG, Düren - GER
Gewindeflasche 1,5 ml (vial) für LC/MS	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Klebefolie (optisch klar) für 96 Multiply PCR-Platte	Sarstedt AG, Nümbrecht - GER
Mikroeingang (für Gewindeflasche)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
MycoSep®226 AflaZon+	Romer Labs®, Inc. Union, MO - USA
NucleoSpin®Plant II	Macherey - Nagel GmbH & Co. KG, Düren - GER
QIAquick Gel Extraction Kit	Qiagen N.V., Hilden - GER
Schraubkappe 1,5 ml (für Gewindeflasche)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Septum 8 mm (für Schraubkappe)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Spritzen Injekt® 5 ml (Luer Solo)	Braun Melsungen AG, Melsungen - GER

3.1.3 Chemikalien

37 % HCl (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Acetonitril (LC/MS-Grade)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Acetonitril (HPLC-Grade)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Acetonitril (p.a.)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Ameisensäure (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Ammoniumformiat (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Biozym LE Agarose	Biozym Scientific GmbH, Hess, Odendorf – GER
Bromphenolblau	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
dNTP Mix (2 mM)	Fermentas Life Sciences, St. Leon-Rot - GER

3. Material und Methoden

DON-3-Glucosid (D3G) solution in Acetonitril (50 µg/ml)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen - GER
Diacetoscirpenol (DAS)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen - GER
Dichloran (96 %)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Deoxynivalenol (DON)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
DreamTaq™ Puffer (10 x)	Fermentas Life Sciences, St. Leon-Rot - GER
EDTA	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Essigsäure (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Ethanol (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Ethidiumbromid (10 mg/ml)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Fusarenon X	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
HT2-Toxin	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Isopropanol (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Methanol (HPLC-Grade)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Natriumacetat (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Natriumchlorid (p.a.)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Neosolaniol (NEO)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Nivalenol (NIV) solution in Acetonitril (100 µg/ml)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Penicillin (≥ 98 %)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
Saccharose	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Sodium Dodecyl Sulfate (SDS; ≥ 98 %)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
Stickstoff (flüssig)	Linde, Höllriegelskreuth - GER
Streptomycinsulfat (≥ 720 I.E./mg)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER
SYBR-Green (Sso Advanced™SYBR®-Green Super-mix)	BIO-RAD Laboratories, Hercules, Kalifornien – USA
T2-Toxin	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen - GER

Tris (p.a)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen - GER
Tween 80	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
VE-Wasser (HPLC-Grade)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
VE-Wasser (LC/MS-Grade)	VWR, West Chester, Pennsylvania - USA
Zearalenon (ZEA)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen – GER

3.1.4 Puffer

DNA-Ladepuffer	100 mM Tris (pH 8) 10 mM EDTA 40 % Saccharose 25 % Bromphenolblau pH 8 mit 37 % HCl einstellen
TAE – Puffer	0,4 M Tris (pH 7,8) 0,05 M Natriumacetat 0,01 M EDTA pH 7,8 mit 100 % Essigsäure einstellen
TS-Puffer	100 mM Tris (pH 8) 2 % SDS pH 8 mit 37 % HCl einstellen

3.1.5 Enzyme

Lyticase from <i>Arthrobacter luteus</i> (2387 units/mg TM)	SIGMA-ALDRICH Chemie GmbH, Taufkirchen - GER
RNAse A (lyophilized)	Macherey-Nagel GmbH & Co KG, Düren - GER
Dream Taq DNA-Polymerase (5 u/µl)	Fermentas Life Sciences, St. Leon-Rot - GER

3.1.6 Medien

PDA (Potato Dextrose Agar)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
PDB (Potato Dextrose Bouillon)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
SNA (Synthetic Nutrient Poor Agar)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER
SNB (Synthetic NutrientPoor Bouillon)	Carl Roth GmbH + Co. KG, Karlsruhe - GER

3.1.7 Organismen

Fusarium spp., Isolate:

In Tabelle 5 sind die in der PCR als Positivkontrollen genutzten *Fusarium*-Isolate dargestellt.

Tab. 5: Für die PCR als Positivkontrollen genutzte *Fusarium*-Isolate sowie deren Herkunft.
DSMZ = Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen

<i>Fusarium</i>-Art	Isolatbezeichnung	Herkunft
<i>F. graminearum</i>	DSM-1095	DSMZ
<i>F. culmorum</i>	DSM-1094	DSMZ
<i>F. poae</i>	DSM-62376	DSMZ
<i>F. avenaceum</i>	DSM-21724	DSMZ
<i>F. venenatum</i>	DSM-21739	DSMZ
<i>F. oxysporum</i>	DSM-2018	DSMZ
<i>F. langsethiae</i>	<i>F. langsethiae</i> 8051	Aarhus University, Faculty of Agricultural Sciences, Department of Integrated Pest Management, Denmark
<i>F. equiseti</i>	DSM-21725	DSMZ
<i>F. sporotrichioides</i>	DSM-62425	DSMZ
<i>F. tricinctum</i>	DSM-21783	DSMZ
<i>F. verticillioides</i>	DSM-62452	DSMZ
<i>F. proliferatum</i>	DSM-62276	DSMZ
<i>F. subglutinans</i>	<i>F. subglutinans</i> He 7	Institut für Phytopathologie, Agrar- und Ernährungswissenschaftliche Fakultät, CAU Kiel

Winterweizen (*Triticum aestivum* L.), Sorten:

„Ritmo“	Limagrain GmbH Advanta Vertrieb, Edemissen - GER
„Inspiration“	BayWa AG, München – GER
„Dekan“	KWS Lochow GmbH, Lochow – GER

Mais (*Zea mays*), Sorten:

„Lorado“	Limagrain GmbH Advanta Vertrieb, Edemissen - GER
„LG 30222“	Limagrain GmbH Advanta Vertrieb, Edemissen - GER
„P 8000“	Pioneer Hi-Bred Northern Europe Sales Division GmbH, Buxtehude - GER
„Torres“	KWS Lochow GmbH, Lochow – GER

3.1.8 Fungizide

Agent [®] + Bravo [®] (125 g/l Propiconazol + 450 g/l Fenpropidin; 500g/l Chlorthalonil)	Syngenta Agro, Basel - CH
Aviator Xpro [®] + Fandango [®] (75g/l Bixafen + 150 g/l Prothioconazol; 100 g/l Prothioconazol + 100 g/l Fluxastrobin)	Bayer CropScience, Monheim – GER
Capalo [®] (75 g/l Metrafenone + 62,5 g/l Epoxiconazol +200 g/l Fenpropimorph)	BASF SE, Limburgerhof- GER
Champion [®] + Diamant [®] (233 g/l Boscalid + 67 g/l Epoxiconazol; 114 g/l F 500 [®] + 214 g/l Fenpropimorph)	BASF SE, Limburgerhof- GER
Osiris [®] (37,5 g/l Epoxiconazol + 27,5 g/l Metconazol)	BASF SE, Limburgerhof- GER
Pronto Plus [®] + Bravo [®] (133 g/l Tebuconazol + 250 g/l Spiroxamine; 500g/l Chlorthalonil)	Bayer CropScience, Monheim - GER
Prosaro [®] (125 g/l Tebuconazol + 125 g/l Prothioconazol)	Bayer CropScience, Monheim - GER
Roval [®] (750 g/kg Iprodion)	BASF SE, Limburgerhof - GER

3.2 Feldversuche Winterweizen und Silomais

Bei den im Winterweizen und Silomais durchgeführten Feldversuchen wurden Kornproben der Weizenernten 2008 bis 2012 sowie Silomaishäckselgut der Jahre 2011 und 2012 von verschiedenen Standorten in Schleswig-Holstein auf das qualitative und quantitative Auftreten von *Fusarium* spp. sowie deren Mykotoxinbildung unter besonderer Berücksichtigung von Witterung und Anbausystemfaktoren untersucht.

Die Feldversuche wurden in Zusammenarbeit mit der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein, Abteilungen Pflanzenschutz (Winterweizen) und Pflanzenbau (Silomais), durchgeführt.

3.2.1 Lage der Versuchsstandorte

Winterweizen

Die Winterweizenversuche der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012 wurden überregional im Rahmen des IPS-Winterweizen-Monitorings Schleswig-Holstein an jeweils acht Standorten durchgeführt. Lokalisiert sind die Standorte in den beiden Hauptanbaugebieten für Winterweizen, dem östlichen Hügelland (Birkenmoor, Futterkamp, Kastorf, Kluvensiek, Loit) und der Marsch (Westküste: Barlt, Elskop, Sönke-Nissen-Koog). In diesen beiden

Naturräumen nimmt der Winterweizen innerhalb der Fruchtfolge die dominierende Stellung ein. In Abbildung 12 sind der Winterweizenanteil in der Fruchtfolge im Jahre 2010 auf Gemeindeebene und die räumliche Verteilung der Versuchsstandorte in Schleswig-Holstein aufgezeigt.

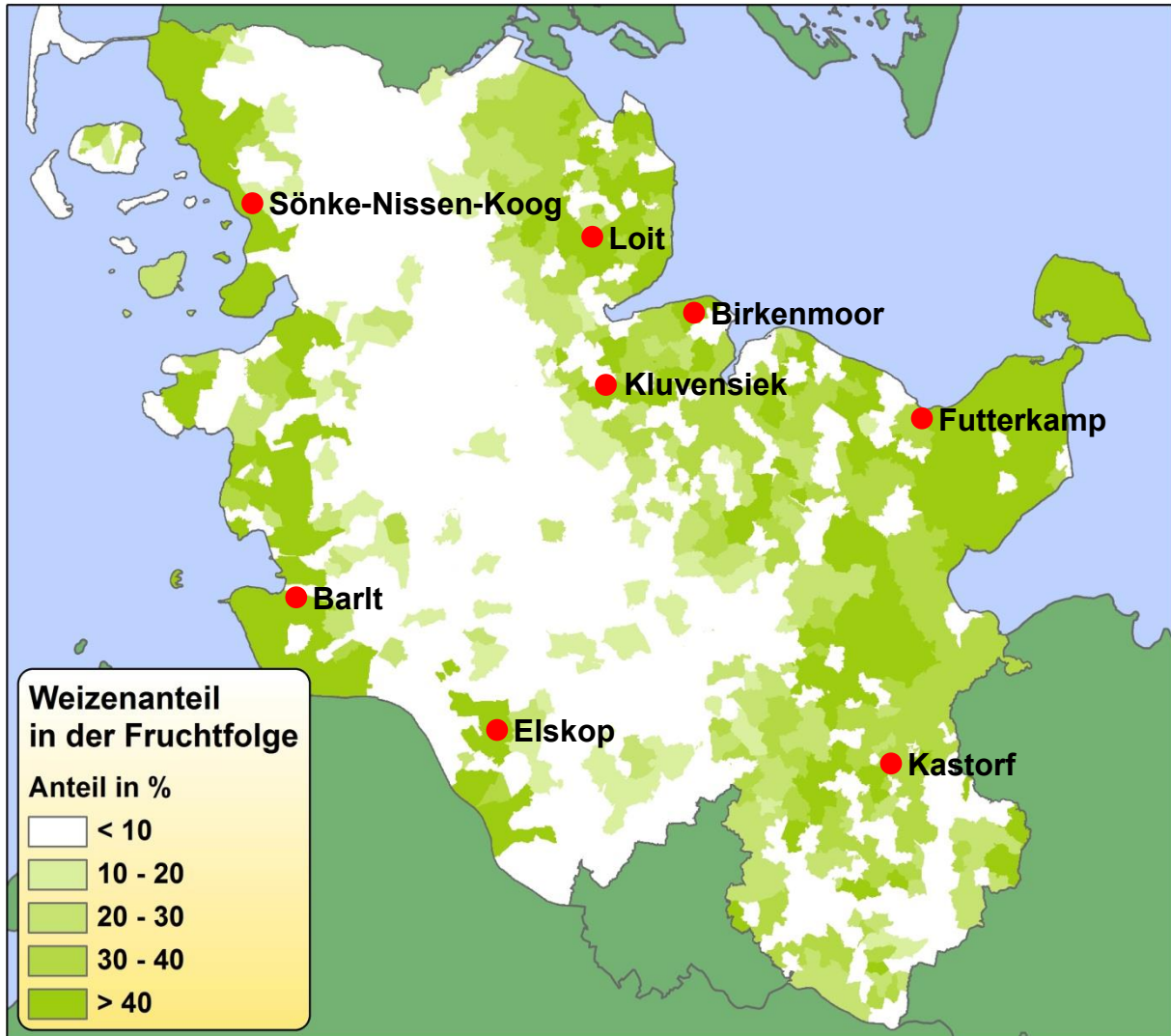


Abb. 12: Winterweizenanteil in der Fruchtfolge (%) im Jahre 2010 und geographische Lage der Versuchsstandorte in Schleswig-Holstein für das das IPS-Winterweizen-Monitoring 2007/2008 bis 2011/2012. Graphische Darstellung mittels GIS (Daten nach Statistikamt Nord, 2010)

Charakteristisch für alle Versuchsflächen sind die potentiell ertragreichen Böden, die mit Ausnahme von Kluvensiek (42) Ackerzahlen von mehr als 55 aufweisen. Im östlichen Hügelland dominieren Parabraunerden (Bodenart: sandiger Lehm) mit Ackerzahlen zwischen 42 und 60. Die an der Nordseeküste gelegenen Monitoring-Standorte Barlt und Sönke-Nissen-Koog sowie Elskop, mit See- bzw. Flussmarsch als Bodentyp (Bodenart: toniger Lehm), sind im Vergleich zu den Standorten im östlichen Schleswig-Holstein durch höhere Ackerzahlen von 65 bis 92 gekennzeichnet, womit die potentiell ertragreichsten

„Weizenflächen“ auf den Marschböden zu finden sind. Der als Geest bezeichnete zentrale, sich von Nord nach Süd erstreckende Teil Schleswig-Holsteins, ist durch eine geringere Bodengüte geprägt, wodurch der Winterweizenanbau in diesem Teil Schleswig-Holsteins eine untergeordnete Rolle spielt. Die wesentlichen Kenndaten der Bodenverhältnisse der acht Versuchsstandorte sind Tabelle 6 zu entnehmen.

Tab. 6: Geographische Lage, Bodentypen, -arten und Ackerzahlen der IPS-Winterweizen-Monitoringstandorte in Schleswig-Holstein. tL = toniger Lehm; sL = sandiger Lehm

Standort	Landkreis	Bodentyp	Bodenart	Ackerzahl
Barlt	Dithmarschen	Seemarsch	tL	75
Birkenmoor	Rendsburg/Eckernförde	Parabraunerde	sL	56
Elskop	Steinburg	Flussmarsch	tL	65
Futterkamp	Plön	Parabraunerde	sL	60
Kastorf	Herzogtum Lauenburg	Parabraunerde	sL	56
Klvensiek	Rendsburg/Eckernförde	Parabraunerde	sL	42
Loit	Schleswig/Flensburg	Parabraunerde	sL	56
Sönke-Nissen-Koog	Nordfriesland	Seemarsch	tL	92

Silomais

Das Mais-Monitoring der Jahre 2011 und 2012 mit der Nutzungsrichtung Silomais umfasste in 2011 insgesamt zehn, im Versuchsjahr 2012, bedingt durch das Ausscheiden des Standortes Dreisdorf, neun Standorte. Zielsetzung bei der Festlegung der einzelnen Versuchsstandorte war es, Naturräume auszuwählen, in denen der Anbau von Silomais von herausragender Bedeutung in Schleswig-Holstein ist. Gerade auf der, durch eine geringere Bodengüte geprägten Geest, wo der Silomaisanteil in der Fruchtfolge sehr hoch ist und der Winterweizenanbau eine untergeordnete Rolle spielt, sind sieben der zehn Versuchsstandorte lokalisiert (Dreisdorf, Hemdingen, Krumstedt, Osterrönfeld, Schuby, Wallsbüll, Wotersen). Mit Futterkamp und Tolk befinden sich zwei Standorte im östlichen Hügelland, die Marsch ist lediglich mit dem Standort Cecilienkoog vertreten. Abbildung 13 zeigt die Verteilung der einzelnen Versuchsstandorte für das Mais-Monitoring 2011 und 2012 sowie den prozentualen Maisanteil in der Fruchtfolge auf Gemeindeebene 2010 in Schleswig-Holstein.

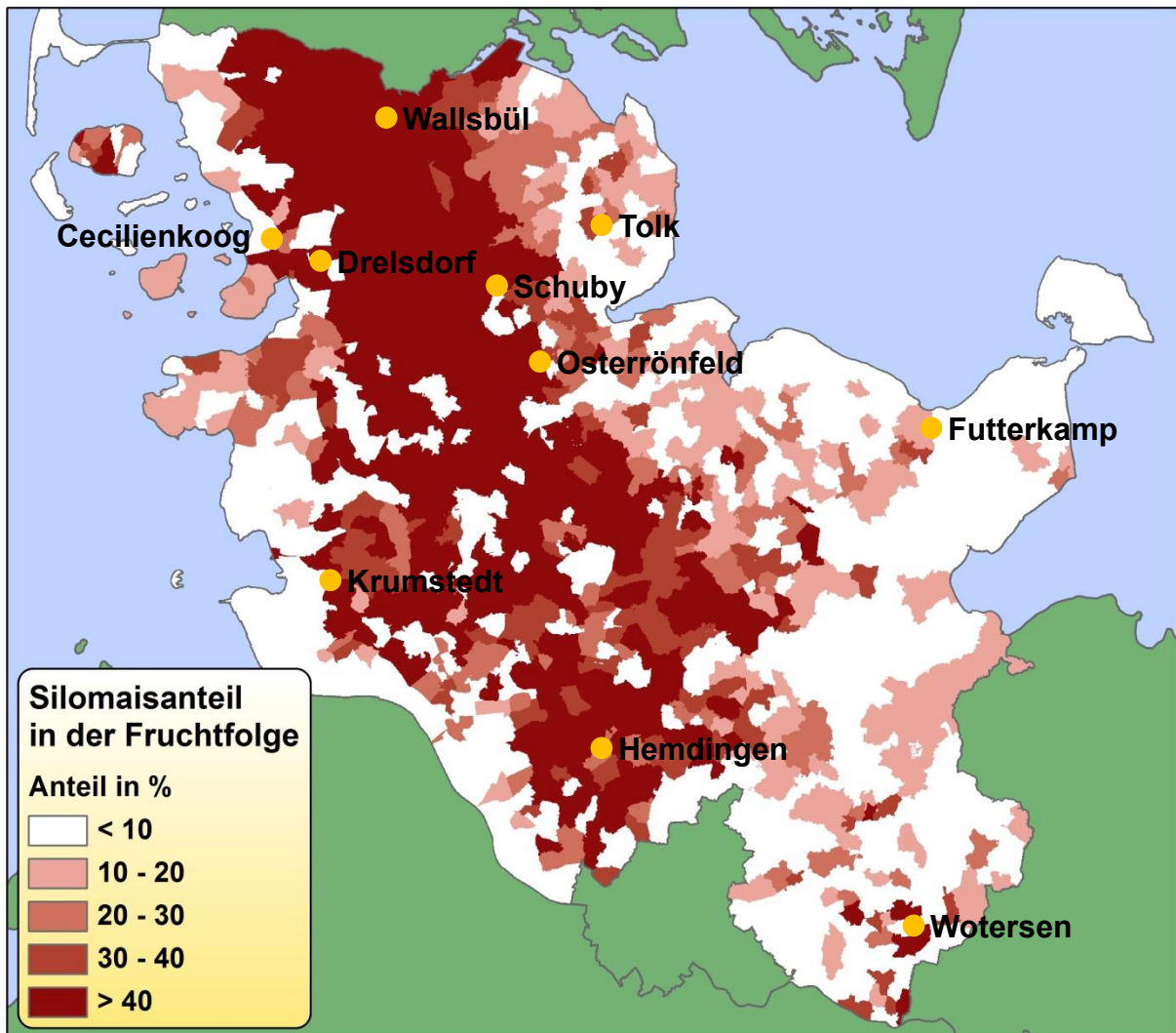


Abb. 13: Silomaisanteil in der Fruchtfolge (%) im Jahre 2010 und geographische Lage der Versuchsstandorte in Schleswig-Holstein für das Mais-Monitoring 2011 und 2012. Graphische Darstellung mittels GIS (Daten nach Statistikamt Nord, 2010)

Vergleichend zu den Standorten des IPS-Winterweizen-Monitorings variieren die Bodentypen und Bodenarten der Maisstandorte stärker. Der Marschstandort Cecilienkoog mit dem Bodentyp Seemarsch (Bodenart: toniger Lehm) sowie die im östlichen Hügelland gelegenen Standorte Futterkamp und Tolk mit dem Bodentyp Parabraunerde (Bodenart: sandiger Lehm) weisen mit Ackerzahlen von 85 und 60 bzw. 45 die potentiell ertragreichsten Ackerflächen im Rahmen des Mais-Monitorings auf. An den restlichen, auf der Vorgeest bzw. hohen Geest liegenden sieben Standorten sind die Böden durch die Bodentypen Braunerde (Bodenart: lehmiger bzw. humos-lehmiger Sand) bzw. Podsol (Bodenart: lehmiger bzw. anmooriger Sand) geprägt, wobei die Ackerzahlen zu den drei zuvor genannten Standorten lediglich zwischen 24 und 35 liegen. Die geografische Lage, Bodentypen, -arten und Ackerzahlen sind in Tabelle 7 dargestellt.

Tab. 7: Geographische Lage, Bodentypen, -arten und Ackerzahlen der Standorte des Mais-Monitorings in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. tL = toniger Lehm, IS = lehmiger Sand, sL = sandiger Lehm, hl'S = humos-lehmiger Sand, hS = humoser Sand, anS = anmooriger Sand

Standort	Landkreis	Bodentyp	Bodenart	Ackerzahl
Cecilienkoog	Nordfriesland	Seemarsch	tL	85
Dreisdorf	Nordfriesland	Braunerde	IS	32
Futterkamp	Plön	Parabraunerde	sL	60
Hemdingen	Pinneberg	Braunerde	hl'S	35
Krumstedt	Dithmarschen	Braunerde	IS	35
Osterrönfeld	Rendsburg/Eckernförde	Podsol	hS	30
Schuby	Schleswig/Flensburg	Podsol	hS	24
Tolk	Schleswig/Flensburg	Parabraunerde	sL	45
Wallsbüll	Schleswig/Flensburg	Podsol	anS	28
Wotersen	Herzogtum Lauenburg	Braunerde	hl'S	35

3.2.2 Anbauparameter und Maßnahmen der Bestandesführung

Nachfolgend wird ein Überblick zu den wichtigsten acker- und pflanzenbaulichen Parametern der Winterweizen- und Maisstandorte gegeben.

3.2.2.1 Fruchtfolge und Vorfrüchte

Winterweizen

Die Versuchsstandorte weisen eine drei- bis viergliedrige Fruchtfolge auf. Die Fruchtfolgen der Standorte Futterkamp, Klvensiek und Loit stellen die klassische dreigliedrige Fruchtfolge für Schleswig-Holstein bestehend aus Winterraps, Winterweizen und Wintergerste dar. Die ebenfalls dreigliedrige Fruchtfolge des Standortes Kastorf besitzt nur zwei Fruchtfolgeglieder, wobei dem Winterraps zwei Anbaujahre mit Winterweizen folgen. Die viergliedrigen Fruchtfolgen der Standorte Birkenmoor, Elskop und Sönke-Nissen-Koog enthalten ebenfalls die klassischen Fruchtfolgeglieder Winterraps, Winterweizen und Wintergerste, jedoch folgen im Gegensatz zum Standort Kastorf an den beiden Westküstenstandorten ebenfalls zwei Jahre Winterweizen aufeinander. In Birkenmoor ist dagegen noch Winterroggen als Fruchtfolgeglied enthalten. Mit Ausnahme des Standortes Barlt, an dem die Zuckerrübe als Fruchtfolgeglied Bestandteil der Fruchtfolge ist, wird ausschließlich Winterraps als Blattfrucht angebaut. Als Vorfrüchte kamen Weizen und Winterraps zu jeweils 50 % vor. Eine detaillierte Darstellung ist Tabelle 8 zu entnehmen.

Tab. 8: Fruchtfolgen und Vorfrüchte an den acht Winterweizenstandorten in Schleswig-Holstein 2007/2008 bis 2011/2012. SW = Sommerweizen; WG = Wintergerste; WRa = Winterraps; WRo = Winterroggen; WW = Winterweizen; ZR = Zuckerrübe

Standort	Fruchtfolge	2007/ 2008	2008/ 2009	2009/ 2010	2010/ 2011	2011/ 2012
Barlt	ZR / WW / WW / WW	WW	WW	WW	WW	WW
Birkenmoor	WRa / WW / WRo / WG	WRa	WRa	WRa	WRa	WRa
Elskop	WRa / WW / WW / WG	WW	WW	WW	WW	WW
Futterkamp	WRa / WW / WG	WRa	WRa	WRa	WRa	WRa
Kastorf	WRa / WW / WW	WRa	WW	WW	WW	WW
KlUVensiek	WRa / WW / WG	WRa	WRa	WRa	WRa	WRa
Loit	WRa / WW / WG	WRa	WRa	WRa	WRa	WRa
Sönke-Nissen-Koog	WRa / WW / WW / WG	SW	SW	WW	WW	WW

Silomais

Die Fruchtfolgen der Mais-Monitoringstandorte reichen von zwei- über mehrgliedrige Rotationen bis hin zum Anbau von Mais in Selbstfolge (Tab. 9).

Tab. 9: Fruchtfolgen und Vorfrüchte an den zehn Mais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. WRa = Winterraps; WRo = Winterroggen; WW = Winterweizen

Standort	Fruchtfolge	2011	2012
Cecilienkoog	Mais in Selbstfolge	Mais	Mais
Dreisdorf	Mais in Selbstfolge	Mais	-
Futterkamp	WRa / WW / Mais / WW / WG	WW	WW
Hemdingen	Mais in Selbstfolge	Mais	Mais
Krumstedt	WRo / Mais	WRo	Mais
Osterrönfeld	WRo / Mais	WRo	Mais
Schuby	Kartoffel / WRo / Mais	WRo	WRo
Tolk	WRa / WW / Mais / WW / WG	WW	WW
Wallsbüll	WRo / Mais / WW	WRo	WRo
Wotersen	Mais in Selbstfolge	Mais	Mais

An den Standorten, an denen Mais in einer Fruchtfolge angebaut wurde, dienten entweder Winterroggen (Geest: Krumstedt, Osterrönfeld, Schuby, Wallsbüll) oder Winterweizen (östliches Hügelland: Futterkamp, Tolk) als Vorfrucht. In Krumstedt und Osterrönfeld wurde in 2012 Mais nach Mais angebaut, da im Herbst des Vorjahres aufgrund widriger Witterungsverhältnisse kein Winterroggen gedreht werden konnte. An den Standorten Cecilienkoog, Dreisdorf, Hemdingen und Wotersen wurde der Mais in Selbstfolge angebaut.

3.2.2.2 BodenbearbeitungWinterweizen

Ausgenommen der Standorte Klvensiek und Loit, auf denen der Grubber in allen Versuchsjahren zur pfluglosen Bodenbearbeitung genutzt wurde, erfolgte an den übrigen Versuchsstandorten eine wendende Bodenbearbeitung (Ausnahme: Kastorf 2007/2008) mit dem Pflug. Pfluglose Verfahren fanden an den beiden zuvor genannten Standorten ausschließlich nach der Vorfrucht Winterraps Anwendung. Eine Übersicht zu den ausgeführten Primärbodenbearbeitungsverfahren (Pflug vs. pfluglos) zur Herbstbestellung des Winterweizens der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012 ist in Tabelle 10 dargestellt.

Tab. 10: Bodenbearbeitungsverfahren (Pflug vs. pfluglos) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012

Standort	2007/ 2008	2008/ 2009	2009/ 2010	2010/ 2011	2011/ 2012
Barlt	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug
Birkenmoor	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug
Elskop	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug
Futterkamp	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug
Kastorf	pfluglos	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug
Klvensiek	pfluglos	pfluglos	pfluglos	pfluglos	pfluglos
Loit	pfluglos	pfluglos	pfluglos	pfluglos	pfluglos
Sönke-Nissen-Koog	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug	Pflug

Silomais

Die Saatbettbereitung zur Maisaussaat erfolgte im überwiegenden Anteil der Versuche als wendende Bodenbearbeitung mit dem Pflug. Lediglich an den Standorten Cecilienkoog und Dreisdorf wurde eine konservierende Bodenbearbeitung mit dem Grubber nach der Vorfrucht Mais durchgeführt (Tab. 11).

Tab. 11: Bodenbearbeitungsverfahren (Pflug vs. pfluglos) an den zehn Mais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Standort	2011	2012
Cecilienkoog	pfluglos	pfluglos
Dreisdorf	pfluglos	-
Futterkamp	Pflug	Pflug
Hemdingen	Pflug	Pflug
Krumstedt	Pflug	Pflug
Osterrönfeld	Pflug	Pflug
Schuby	Pflug	Pflug
Tolk	Pflug	Pflug
Wallsbüll	Pflug	Pflug
Wotersen	Pflug	Pflug

3.2.2.3 Sortenwahl

Winterweizen

An den acht Versuchsstandorten wurden in allen Versuchsjahren einheitlich die als stark anfällig gegenüber *Fusarium* spp. einzustufende Winterweizensorte Ritmo (BSA-Note 7) angebaut. Im Versuchsjahr 2011/2012 wurden zusätzlich die Sorten Inspiration (BSA-Note 6) und Dekan (BSA-Note 4) ausgedrillt, welche nach der beschreibenden Sortenliste des Bundessortenamtes eine mittlere bis starke bzw. geringe bis mittlere Anfälligkeit gegenüber Ährenfusarien aufweisen (Anonym, 2010).

Silomais

Im Mais-Monitoring der Jahre 2011 und 2012 wurden die Sorten Lorado, LG 30222, P 8000 und Torres an allen Standorten angebaut. Nach der beschreibenden Sortenliste weist die Sorte Lorado mit der BSA-Note 7 die stärkste Anfälligkeit der zuvor genannten Sorten gegenüber der durch Fusarien verursachten Kolben- und Stängelfäule auf, während die anderen Sorten lediglich mit einer geringen bis mittleren (LG 30222 = BSA-Note 4) bzw. geringen Anfälligkeit (P 8000 und Torres = BSA-Note 3) bewertet wurden (Anonym, 2010).

3.2.2.4 Saattermin und Saatstärke

Winterweizen

Bei der Betrachtung der jahres- und standortspezifischen Aussaattermine wird deutlich, dass in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2009/2010 die Weizenaussaat vornehmlich als Früh- (bis einschließlich 20. September) bzw. Normalsaat (21. September bis 04. Oktober) erfolgte. Im Versuchsjahr 2010/2011 dagegen traten abweichend zu einer

Normalsaat deutliche Verzögerungen im Saattermin ein. Ursache war die überregional regenreiche Witterung im September, die eine fristgerechte Aussaat verhinderte. In diesem Jahr konnte man für schleswig-holsteinische Verhältnisse von einer Spätsaat (ab 05. Oktober) sprechen. Trotz niederschlagsreicher Witterung im August und Anfang September konnte in 2011 an nahezu allen Standorten die Weizenbestellung als Normalsaat durchgeführt werden (Tab. 12).

Tab. 12: Saattermine (linker Index: f/n/s) und Saattstärken (rechter Index: Körner/m²) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012. f = Frühsaat (bis einschließlich 20. September); n = Normalsaat (21. September bis 04. Oktober); s = Spätsaat (ab 05. Oktober)

Standort	2007/ 2008		2008/ 2009		2009/ 2010		2010/ 2011		2011/ 2012	
Barlt	n	350	f	350	n	330	s	350	n	350
Birkenmoor	n	270	f	270	n	230	s	270	s	300
Elskop	n	340	n	300	n	230	s	260	s	310
Futterkamp	n	260	n	260	n	260	s	300	n	300
Kastorf	f	230	f	270	f	230	s	230	n	270
Klvensiek	f	230	f	170	f	220	s	280	n	270
Loit	f	280	f	250	f	250	n	250	n	250
Sönke-Nissen-Koog	n	280	f	400	f	400	n	425	n	425

Aus den potentiell ertragreichen Lagen der Marschstandorte ergaben sich vergleichend zu den Standorten des östlichen Hügellandes höhere Aussaatstärken, die am Standort Sönke-Nissen-Koog mit maximal 425 Körnern/m² den Spitzenwert einnahm. An den Marschstandorten wurde in nahezu allen Versuchsjahren eine Saatstärke von über 300 bzw. 400 Körnern/m² gewählt, während an den Standorten im östlichen Hügelland eine Aussaatstärke von 300 Körnern/m² nicht überschritten wurde (Tab. 12).

Silomais

Die Einzelkornablage beim Mais erfolgte standortübergreifend in den Versuchsjahren 2011 und 2012 mit einer Saatstärke von 9 Körnern/m². Die Saattermine zwischen den einzelnen Standorten unterschieden sich dabei in beiden Versuchsjahren nur geringfügig und lagen in einem Bereich von acht bzw. neun Tagen. In 2011 wurde der Mais zwischen dem 13. und 21. April ausgedrillt, in 2012 zwischen dem 16. und 25. April.

3.2.2.5 Stickstoff-Düngung

Winterweizen

An allen Versuchsstandorten wurden mineralische N-Dünger in Form von KAS, ASS, HASTO, SSA, NPK und ALZON eingesetzt, organische Dünger in Form von Schweinegülle kamen lediglich am Standort Elskop zur Anwendung. Jahresspezifisch unterschied sich das Gesamt-N-Düngungsniveau zwischen den einzelnen Standorten nur sehr geringfügig und lag jahresübergreifend zwischen 200 und 240 kg/ha Gesamt-N (Tab. 13).

Tab. 13: Stickstoffdüngung (kg Gesamt-N/ha) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoringstandorten in den Versuchsjahren 2007/2008 bis 2011/2012

Standort	2007/ 2008	2008/ 2009	2009/ 2010	2010/ 2011	2011/ 2012
Barlt	220	220	230	230	210
Birkenmoor	220	220	230	230	220
Elskop	237	226	219	240	220
Futterkamp	210	220	230	230	220
Kastorf	210	240	220	220	220
Kluvensiek	200	205	220	220	210
Loit	200	200	220	220	220
Sönke-Nissen-Koog	200	220	230	230	220

Die Ausbringung erfolgte stadienspezifisch in drei Gaben (1. Gabe: Vegetationsbeginn, 2. Gabe: Schoßbeginn, 3. Gabe: Ährenschieben). Lediglich in Birkenmoor wurde in 2012 die N-Düngung als einmalige Applikation zu Vegetationsbeginn mit stabilisiertem N-Dünger (ALZON) durchgeführt.

Silomais

Die N-Düngung wurde mit organischen Düngern in Form von Gärresten oder Rindergülle bzw. mineralischen Düngern (ALZON, ENTEC, HASTO und Triplephosphat) durchgeführt. Eine mineralische Unterfußdüngung erfolgte an allen Standorten und beiden Jahren mit 2 dt/ha Stickstoffphosphat (NP-Dünger; 20/20). In Tabelle 14 ist die applizierte Gesamt-N-Menge der jeweiligen Standorte, welche aus der Unterfußdüngung sowie organischen bzw. mineralischen Düngung errechnet wurde, dargestellt.

Tab. 14: Stickstoffdüngung (kg Gesamt-N/ha) an den zehn Mais-Monitoringstandorten in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2011 und 2012

Standort	2011	2012
Cecilienkoog	190	190
Dreisdorf	200	-
Futterkamp	170	165
Hemdingen	180	165
Krumstedt	200	180
Osterrönfeld	200	195
Schuby	180	180
Tolk	200	200
Wallsbüll	210	220
Wotersen	225	225

Die Ausbringung der organischen Dünger erfolgte ca. eine Woche vor, die der mineralischen Dünger bis zu drei Wochen nach der Maisausaat. Die mineralische Unterfußdüngung wurde zur Saat durchgeführt.

3.2.2.6 Pflanzenschutz

Winterweizen

Die Anwendung von Herbizid- und Insektizidmaßnahmen sowie der Einsatz von Wachstumsregulatoren erfolgten im Winterweizen betriebsüblich in Bezug auf Applikationsintensität und –termin. Der Einsatz von Fungiziden wird in Kapitel 3.2.3 dargestellt.

Silomais

Im Silomais kamen lediglich Herbizidmaßnahmen zur Anwendung, welche betriebsüblich hinsichtlich Intensität und Terminierung durchgeführt wurden. Eine Applikation von Insektiziden, Fungiziden und Wachstumsregulatoren erfolgte nicht.

3.2.3 Versuchsanlage, Versuchsdurchführung und Fungizidapplikation

Winterweizen

Die Versuche des IPS-Winterweizen-Monitorings Schleswig-Holstein wurden mit drei Fungizidvarianten, eine IPS-Variante, eine Gesundvariante und eine fungizidunbehandelte Kontrolle, mit jeweils vierfacher Wiederholung als randomisierte Blockanlage je Standort angelegt und in Praxisschläge integriert. Eine Ausnahme bildeten dabei die Standorte Barlt, Birkenmoor und Sönke-Nissen-Koog. Hier erfolgte die Anlage der Versuche im Rahmen der

Versuchsflächen der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein. Die Kontroll- und IPS-Varianten wurden an allen Standorten in zweifacher Ausführung als Ernte- und Probenahmeparzelle etabliert, die Gesundvariante nur als Ernteparzelle. Die Größe der Einzelparzelle betrug 15 m². Die sich somit ergebende Versuchsanlage findet in Abbildung 14 Darstellung.

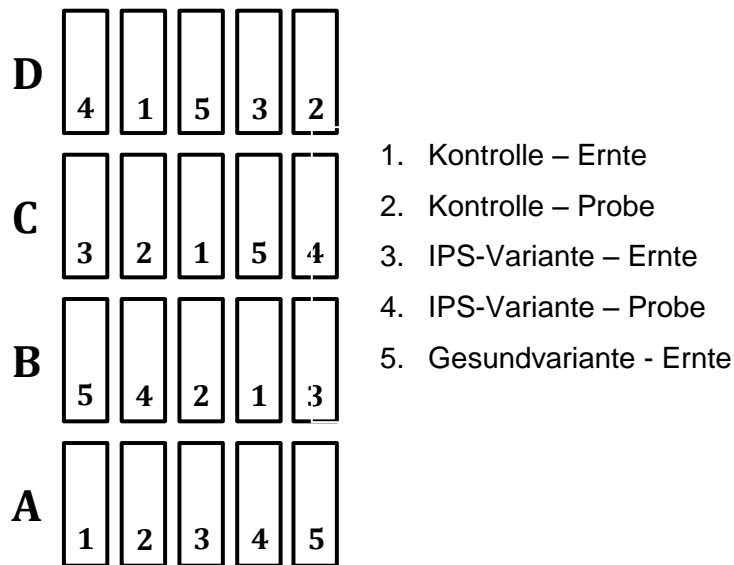


Abb. 14: Variantenplan für die Feldversuche im IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2007/2008 bis 2011/2012

Die drei Varianten unterschieden sich lediglich hinsichtlich der Fungizidapplikation. Herbizid- und Insektizidapplikationen sowie Düngungsmaßnahmen waren zwischen den einzelnen Varianten eines Standortes identisch.

Die Kriterien für eine Fungizidapplikation der einzelnen Varianten gliederten sich wie folgt:

- fungizidunbehandelte Kontrolle = ungestörte, standort- und witterungsabhängige Erregerentwicklung im Pflanzenbestand (maximaler Krankheitsdruck);
- IPS-Variante = Fungizidapplikation nach pathogenspezifischer Schwellenüberschreitung bzw. Infektionsereignis für *Septoria tritici* nach IPS-Modell Weizen Schleswig-Holstein;
- Gesundvariante = stadienorientierte, 4-fache Fungizidapplikation, durch welche das Auftreten und die Verbreitung der Pathogene weitgehend vermieden und somit ein hoher Gesundheitszustand der Pflanzen erreicht wurde.

Für die molekularbiologischen Untersuchungen zur qualitativen und quantitativen Bestimmung der *Fusarium*-Arten mittels PCR und qPCR sowie Mykotoxinanalytik wurden Kornproben der Ernteparzellen der fungizidfreien Kontrolle und Gesundvariante aller Wiederholungen untersucht. Die IPS-Variante wurde nicht genutzt, da hier keine einheitliche,

*fusarium*spezifische Applikation zur Vollblüte (EC 65) erfolgte, wie es bei der Gesundvariante der Fall war. Für die auf dem Entwicklungsstadium des Weizens basierenden Fungizidapplikationen in der Gesundvariante kamen die in Tabelle 15 aufgeführten Fungizide zur Anwendung.

Tab. 15: Fungizidplan der Gesundvariante im IPS-Winterweizen-Monitoring der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012

Behandlung	Entwicklungsstadium	Präparat + Aufwandmenge 2007/2008 - 2009/ 2010	Präparat + Aufwandmenge 2010/2011 + 2011/2012
1. Behandlung	EC 29-30	1,0 l/ha Pronto Plus + 1,0 l/ha Bravo	0,5 l/ha Agent + 1,0 l/ha Bravo
2. Behandlung	EC 31-32	1,3 l/ha Capalo	1,5 l/ha Capalo
3. Behandlung	EC 37-39	0,75 l/ha Champion + 0,75 l/ha Diamant	0,5 l/ha Aviator Xpro + 0,5 l/ha Fandango
4. Behandlung	EC 65	1,0 l/ha Prosaro	2,5 l/ha Osiris

Mit den Präparaten Prosaro und Osiris und den darin enthaltenen Wirkstoffen Tebuconazol und Prothioconazol bzw. Metconazol kamen *fusarium*wirksame Triazole zur Vollblüte zur Anwendung.

Silomais

Die Silomaisversuche mit den Sorten Lorado, LG 30222, P 8000 und Torres wurden als fungizidunbehandelte Kontrolle mit jeweils vier Wiederholungen als randomisierte Blockanlage an den verschiedenen Standorten angelegt. Diese 16 Parzellen mit einer Größe von je 30 m² waren standortübergreifend mit Ausnahme des Standortes Schuby in Praxisschläge integriert. Jede Parzelle bestand aus jeweils 4 Reihen, von denen nur die inneren zwei für die Beerntung genutzt wurden. Die in den Versuchen durchgeführten Herbizid- und Düngungsmaßnahmen waren zwischen den einzelnen Sorten eines Standortes identisch und erfolgten betriebsüblich.

3.2.4 Erfassung meteorologischer Daten

Für die Aufzeichnung meteorologischer Daten wurden die an den IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten befindlichen agrarmeteorologischen Messstationen von „Thies Klima“ genutzt, mit der aktuelle Witterungsdaten zur Erfassung des Mikro- und Makroklimas kontinuierlich gemessen wurden. Da mit Ausnahme des Standortes Futterkamp an den Mais-Monitoring-Standorten keine Wetterstationen installiert waren, wurden die Witterungsparameter Niederschlag und Temperatur der Stationen der nahe gelegenen IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorte genutzt (Sönke-Nissen-Koog = Cecilienkoog, Drelsdorf, Wallsbüll; Elskop = Hemdingen; Barlt = Krumstedt; Klvensiek = Osterröfeld; Loit = Schuby,

Tolk; Kastorf = Wotersen). Die durch die Messstationen aufgezeichneten Witterungsparameter sind Tabelle 16 zu entnehmen.

Tab. 16: Gemessene Witterungsparameter der agrarmeteorologischen Messstationen

Witterungsparameter	Messhöhe	Einheit
Blattnässe/Blattbenetzung	im Pflanzenbestand	%
Lufttemperatur (Bodennähe)	30 cm	°C
Lufttemperatur	200 cm	°C
Niederschlag	entfällt	mm

Die Parameter wurden im einminütigen Takt gemessen und standen nach Verrechnung als Stunden- und Tagesmittelwerte zur Verfügung.

3.2.5 Probenahme und Probenvorbereitung

Die Beerntung der Ernteparzellen des Winterweizens erfolgte mit einem Parzellenmähdrescher im Kerndruschverfahren zur Eliminierung von Randeffekten. Je Parzelle bzw. Wiederholung wurde eine Kornprobe von 1 kg entnommen. Alle Proben wurden auf eine Kornfeuchte von 14 % standardisiert.

Der Silomais wurde mit einem selbstfahrenden Parzellenhäcksler beerntet. Im Zuge dieser Kernbeerntung wurde vollautomatisch eine Probe von je 2 kg aus dem Häckselgutstrom der Maschine entnommen. Die Trocknung der Silomaisproben erfolgte durch eine Wärmetrocknung bei 55 °C.

Für die molekularbiologischen Untersuchungen sowie Mykotoxinanalytik wurden die Weizenkorn- sowie Silomaisproben mit einer Rotor-Schnellmühle zunächst auf 1,0 mm und in einem zweiten Schritt auf 0,2 mm vermahlen.

Für die Bestimmung der absoluten Trockenmasse des Silomaises wurde das Erntegut 12 Stunden bei 105 °C bis zur Gewichtskonstanz getrocknet. Dieser Schritt war notwendig, um die ermittelten Mykotoxingehalte auf 100 % Trockenmasse zu korrigieren, da nach der Wärmetrocknung bei 55 °C eine Trockenmasse von 93 bis 95 % erreicht wurde.

3.3 Molekularbiologische Untersuchungen

3.3.1 DNA-Extraktion

Die Isolierung genomischer DNA aus Weizenkörnern sowie Silomais erfolgte mit dem NucleoSpin®Plant II-Kit, wobei die pflanzliche und pilzliche DNA aus 100 (Silomais) bzw. 150 mg (Winterweizen) Probenmaterial (0,2 mm) gewonnen wurde. Erweitert wurde das Extraktionsprotokoll durch die Zugabe des Enzyms Lyticase nach dem

RNAse A-Verdau, wodurch ein verbesserter Aufschluss der pilzlichen Zellwand erreicht werden konnte.

Die DNA-Extraktion erfolgte nach dem nachfolgend dargestellten modifizierten Protokoll:

1. Einwaage von 100 bzw. 150 mg Ausgangsmaterial (gemahlen auf 0,2 mm) in ein 2 ml Reaktionsgefäß
2. Zugabe von 900 µl Lyse-Puffer PL 1; vortexen
3. Zugabe von 20 µl RNAse A; vortexen
4. Inkubation bei 65 °C in einem Wasserbad für 30 min
5. Zugabe von 10 µl Lyticase (20 units/µl); vortexen
6. Inkubation bei 37 °C für 40 min (Thermoblock)
7. Zentrifugation bei 11000 rpm für 1 min
8. Überführung des Lysats in NucleoSpin®Filter (violetter Ring; in einem 2 ml Reaktionsgefäß) und für 2 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Filter verwerfen
9. Zugabe von 1000 µl Puffer PC; vortexen
10. Überführung des Lysats in NucleoSpin®Plant II Column (grüner Ring; in einem neuem 2 ml Reaktionsgefäß; maximal 700 µl) und für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
11. Schritt 10 für den Rest des Lysats wiederholen
12. Zugabe von 400 µl Puffer PW 1 in NucleoSpin®Plant II Column und für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
13. Zugabe von 700 µl Puffer PW 2 in NucleoSpin®Plant II Column und für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
14. Zugabe von 200 µl Puffer PW 2 in NucleoSpin®Plant II Column und für 2 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
15. NucleoSpin®Plant II Column in ein neues 1,5 ml Reaktionsgefäß platzieren
16. 50 µl Puffer PE (70 °C) auf die Membran pipettieren und 5 min bei 70 °C inkubieren (Thermoblock) und anschließend 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren
17. Schritt 16 wiederholen
18. NucleoSpin®Plant II Column verwerfen und eluierte DNA kühl lagern (-20 °C)

3.3.2 Bestimmung der DNA-Konzentration

Für den molekularbiologischen Nachweis verschiedener *Fusarium*-Arten in den Winterweizen- und Silomaisernteproben mittels PCR wurden zunächst die DNA-Konzentrationen der einzelnen Proben bestimmt und auf eine einheitliche Konzentration eingestellt. Hierzu wurden dreimal 2 µl der Proben-DNA spektrophotometrisch mit einem NanoDrop gemessen und anschließend nach Mittelung der drei Messwerte die DNA-Lösung

mittels autoklaviertem VE-Wassers (HPLC-Grade) auf eine Konzentration von 30 ng/µl verdünnt.

3.3.3 PCR

Die Identifikation der *Fusarium*-Arten erfolgte über eine qualitative PCR mit artspezifischen Primern, wobei jede Probe auf die Arten *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. langsethiae*, *F. oxysporum*, *F. poae*, *F. proliferatum*, *F. sporotrichioides*, *F. subglutinans*, *F. trincinctum*, *F. venenatum* und *F. verticillioides* untersucht wurde.

Mittels qPCR wurde eine quantitative Bestimmung der pilzlichen Biomasse der zuvor genannten Arten, insofern diese in den Proben mittels qualitativer PCR nachgewiesen werden konnten, durchgeführt.

3.3.3.1 Qualitative PCR

Zum Nachweis der verschiedenen an Mais und Weizen parasitierenden *Fusarium*-Arten wurden die in Tabelle 17 aufgeführten artspezifischen Primer für die qualitative PCR verwendet.

Die PCR-Reaktionen wurden spezifisch für jede *Fusarium*-Art mit einem Gesamtvolumen von 25,5 µl je Probe durchgeführt, wobei der Reaktionsansatz für alle Ansätze 19,75 µl autoklaviertes VE-Wasser (HPLC – Grade), 2,5 µl DreamTaq Puffer, 1 µl dNTPs (2 nM), je 0,5 µl vom Forward- und Reverse-Primer (10 pmol/µl), 0,25 µl taq-Polymerase (5 u/µl) sowie jeweils 1 µl Proben-DNA (30 ng/µl) enthielt.

Als Positivkontrollen, mit welchen der Erfolg der PCR-Reaktionen kontrolliert wurde, wurden die in Tabelle 5 (Kap. 3.1.7) aufgeführten *Fusarium*-Kontrollisolate der verschiedenen unter Kapitel 3.3.3 genannten Arten genutzt. Die Anzucht der Isolate erfolgte für zwei Wochen im autoklaviertem Flüssigmedium PDB (26,5 g/l VE-Wasser), an welche sich die DNA-Extraktion (Kap. 3.3.1) aus dem gewachsenen Mycel anschloss. Die DNA-Konzentration wurde auf 10 ng/µl eingestellt (Kap. 3.3.2).

Durchgeführt wurde die PCR mit einem PCR-Thermo-Cycler in 96er Multiply PCR-Platten. In Abhängigkeit vom jeweiligen Primerpaar wurden insgesamt drei verschiedene PCR-Protokolle verwendet.

Das Thermocycler-Programm für die *Fusarium*-Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. venenatum*, *F. oxysporum*, *F. equiseti*, *F. verticillioides* und *F. proliferatum* bestand aus einer Initialdenaturierung von 5 min bei 95 °C, 10 Zyklen mit 95 °C für 30 sec, 64 °C für 30 sec und 72 °C für 40 sec, 25 Zyklen mit 95 °C für 30 sec, 60 °C für 30 sec und 72 °C für 40 sec gefolgt von einer finalen Elongation für 5 min. Im Anschluss wurde der Reaktionsansatz auf 12 °C herunter gekühlt.

Für die Arten *F. langsethiae* und *F. sporotrichioides* wurde ebenfalls ein Touch-down PCR-Protokoll verwendet, wobei für die ersten 10 Zyklen eine Annealing-Temperatur von 66 °C für 30 sec und für die folgenden 25 Zyklen von 62 °C für 30 sec genutzt wurden. Im Übrigen entsprach das Protokoll für diese beiden Arten dem zuvor verwendeten PCR-Protokoll.

Das Thermocycler-Programm für *F. tricinctum* und *F. subglutinans* war wie folgt: 95 °C für 5 min, 35 Zyklen mit 95 °C für 30 sec, 65 °C für 30 sec und 72 °C für 40 sec und einem abschließenden Extensionsschritt mit 72 °C für 5 min.

Tab. 17: Artspezifische Primer zur Identifikation verschiedener *Fusarium*-Arten in Weizen- und Silomaisproben

Fusarium-Art	Primer	Sequenz (5' → 3')	Produkt [bp]	Quelle^a
<i>F. graminearum</i>	Fg16-F Fg16-R	CTCCGGATATGTTGCGTCAA GGTAGGTATCCGACATGGCAA	450	A
<i>F. culmorum</i>	Fc01-F Fc01-R	ATGGTGAACCTCGTCGTGGC CCCTTCTTACGCCAATCTCG	570	A
<i>F. poae</i>	Fp82-F Fp82-R	CAAGCAAACAGGCTCTTCACC TGTTCCACCTCAGTGACAGGTT	220	B
<i>F. avenaceum</i>	JIA-F JIA-R	GCTAATTCTTAACCTACTACTAGGGGCC CTGTAATAGGTTATTTACATGGGCG	220	C
<i>F. venenatum</i>	VEN-B-F VEN-B-R	GGCGGATAAAGGATAGTGGTAGAAG GGCGGATAAGCAAATAAGATGCTT	276	D
<i>F. oxysporum</i>	CLOX-F CLOX-R	CAGCAAAGCATCAGACCACTATAACTC CTTGTCAGTAACTGGACGTTGGTACT	534	E
<i>F. langsethiae</i>	LanspoR1 FlangF3	TACAAGAAGACGTGGCGATAT CAAAGTTCAGGGCGAAAACCT	310	F
<i>F. equiseti</i>	FEF1 FER1	CATACCTATACGTTGCCTCG TTACCAGTAACGAGGTGTATG	400	G
<i>F. sporotrichioides</i>	LanspoR1 FsporF1	TACAAGAAGACGTGGCGATAT CGCACAACGCAAACCTCATC	332	F
<i>F. tricinctum</i>	F. tri igs15 F. tri igs 6	CGGCCACAGACCTCGCACGA TAACTATCGTGTGCCGGGGTT	750	H
<i>F. verticillioides</i>	VERT-1-F VERT-2-R	GTCAGAATCCATGCCAGAACG CACCCGCAGCAATCCATCAG	800	I
<i>F. proliferatum</i>	PRO-1-F PRO-2-R	CTTTCCGCCAAGTTTCTTC TGTCAGTAACTCGACGTTGTTG	585	J
<i>F. subglutinans</i>	SUB1 SUB 2	CTGTGCTAACCTCTTTATCCA CAGTATGGACGTTGGTATTATATCTAA	631	J

^a A - Nicholson et al., 1998; B - Parry and Nicholson, 1996; C - Turner et al., 1998; D - Yoder and Christianson, 1998; E - Mulé et al., 2004a; F - Wilson et al., 2004; G - Mishra et al., 2003; H - Kulik, 2008; I - Patino et al., 2004; J - Mulé et al., 2004b

Nach der PCR wurde ein 1,5 % Agarosegel hergestellt (1,5 g Agarose auf 100 ml TAE-Puffer und 5 µl Ethidiumbromid), der PCR-Lösung 3 µl DNA-Ladepuffer hinzugegeben und 12 µl des Reaktionsansatzes auf das Gel aufgetragen und das PCR-Produkt bei 120 V

elektrophoretisch aufgetrennt. Die Elektrophorese erfolgte in mit TAE-Puffer gefüllten Gelkammern. Zur Einordnung der Fragmente nach ihrer Größe wurden 5 µl eines 1kb-DNA-Markers (DNA-Leiter, 0,5 µg/µl) verwendet. Nach Beendigung der elektrophoretischen Auftrennung wurde das Gel auf einem UV-Leuchttisch ausgelegt, fotografiert und mit Hilfe der Software Quantity One 4.1.1 ausgewertet.

3.3.3.2 qPCR

Die Bestimmung der Befallsstärke der einzelnen nachgewiesenen *Fusarium*-Arten in den Weizenkorn- und Silomaisproben erfolgte anhand der DNA-Menge mittels qPCR mit den in Tabelle 18 aufgeführten Primern.

Tab. 18: Artspezifische Primer zur Identifikation und Quantifizierung verschiedener *Fusarium*-Arten in Weizen- und Silomaisproben

<i>Fusarium</i> -Art	Primer	Sequenz (5' → 3')	Quelle ^a
<i>F. graminearum</i>	FgramB379 fwd	CCATTCCTGGGCGCT	A
	FgramB411 rev	CCTATTGACAGGTGGTTAGTGACTGG	
<i>F. culmorum</i>	FculC561 fwd	CACCGTCATTGGTATGTTGTCACT	A
	FculC614 rev	CGGGAGCGTCTGATAGTCG	
<i>F. poae</i>	FpoaeA51 fwd	ACCGAATCTCAACTCCGCTTT	A
	FpoaeA98 rev	GTCTGTCAAGCATGTTAGCACAAGT	
<i>F. avenaceum</i>	Fave574 fwd	TATGTTGTCACTGTCTCACACCACC	A
	Fave627 rev	AGAGGGATGTTAGCATGATGAAG	
<i>F. langsethiae</i>	FlangA29 fwd	CAAGTCGACCACTGTGAGTACCTCT	A
	FlangA95 rev	TGTCAAAGCATGTCAGTAAAGATGAC	
<i>F. equiseti</i>	FequiB569 fwd	CACCGTCATTGGTATGTTGTCATC	A
	FequiB598 rev	TGTTAGCATGAGAAGGTCATGAGTG	
<i>F. sportrichioides</i>	FspoA18 fwd	GCAAGTCGACCACTGTGAGTACA	A
	FspoA85 rev	CTGTCAAAGCATGTCAGTAAAAATGAT	
<i>F. tricinctum</i>	Ftri573 fwd	TTGGTATGTTGTCACTGTCTCACACTAT	A
	Ftri630 rev	TGACAGAGATGTTAGCATGATGCA	
<i>F. verticillioides</i>	Fver356 fwd	CGTTTCTGCCCTCTCCCA	A
	Fver412 rev	TGCTTGACACGTGACGATGA	
<i>F. proliferatum</i>	Fpro220 fwd	CTTCGATCGCGCGTCCT	A
	Fpro270 rev	CACGTTTCGAATCGCAAGTG	
<i>F. subglutinans</i>	Fsub565 fwd	TCATTGGTATGTTGTCGCTCATG	A
	Fsub622A rev	GTGATATGTTAGTACGAATAAAGGGAGAAC	
<i>F. venenatum</i>	VEN-B-F	GGCGGATAAAGGATAGTGGTAGAAG	B
	VEN-B-R	GGCGGATAAGCAAATAAGATGCTT	
<i>F. oxysporum</i>	CLOX-F	CAGCAAAGCATCAGACCACTATAACTC	C
	CLOX-R	CTTGTCAGTAACTGGACGTTGGTACT	
Pflanze (Mais, Weizen)	Hor1f	TCTCTGGGTTTGAGGGTGAC	A
	Hor2r	GGCCCTTGACCAGTCAAGGT	

^a A - Nicolaisen et al., 2009; B - Yoder and Christianson, 1998; C - Mulé et al., 2004a

Die qPCR wurde mit einem Gesamtvolumen von 20 µl je Reaktionsansatz durchgeführt, der sich aus 10 µl SYBR-Green, 6 µl autoklaviertem VE-Wasser (HPLC-Grade), je 1 µl vom Forward- und Reverse-Primer (10 pmol/µl) und 2 µl Proben-DNA (30 ng/µl)

zusammensetzte. Je Probe wurde ein Triplet angelegt und 96er MultiPLY PCR-Platten mit Klebefolie verwendet.

Das qPCR-Protokoll für die in Tabelle 18 dargestellten Primerpaare war wie folgt: 50 °C für 2 min, 95 °C für 10 min, 40 Zyklen mit 95 °C für 15 sec und 64 °C für 1 min. Im Anschluss erfolgte eine Schmelzkurvenanalyse bei der die Temperatur von 65 auf 95 °C innerhalb von 60 Zyklen (5 sec je Zyklus) erhöht wurde.

Mittels quantitativer PCR erfolgte eine relative Quantifizierung, mit der das Verhältnis der pilzlichen DNA der einzelnen *Fusarium*-Arten zur pflanzlichen DNA ermittelt wurde. Dieser anteilige, artspezifische *Fusarium*-DNA-Gehalt an der Pflanzen-DNA ist ein Maß für die Befallsstärke bzw. Befallsintensität der einzelnen Arten.

Der Berechnung lag die nachfolgende Formel zu Grunde:

$$\text{relativer Quotient} = \frac{E_{(\text{Pflanze})}^{Z_{\text{Pflanze}}}}{E_{(\text{Pilz})}^{Z_{\text{Pilz}}}}$$

E = Effizienz
Z = Zykluszahl

Z gibt die Zykluszahl an, bei der das Fluoreszenzsignal erstmalig signifikant über die Hintergrundfluoreszenz ansteigt (= Ct-Wert (cycle threshold bzw. Schwellenwert-Zyklus)). Durch E wird die Effizienz des eingesetzten Primerpaars beschrieben, was gleichbedeutend mit der Anzahl der gebildeten Kopien pro Amplifikationszyklus ist. Für die Bestimmung der Primer-Effizienzen wurde aus der genomischen DNA der Positivkontrollen der einzelnen *Fusarium*-Arten sowie Weizen- und Mais-DNA Verdünnungsreihen (0; 0,05; 0,5; 5; 50 ng) hergestellt und die qPCR mit dem zuvor genannten Temperaturprofil durchgeführt. Nach Abschluss der PCR-Reaktionen wurden von der Software (Optical System Software Version 3.1) die Effizienzen der einzelnen Primerpaare berechnet.

Der errechnete Quotient wurde anschließend mit dem Faktor 1000 multipliziert und der anteilige, artspezifische *Fusarium*-DNA-Gehalt an der Pflanzen-DNA, ausgedrückt als Befallsstärke bzw. Befallsintensität, als Promillewert angegeben.

3.4 Mykotoxinanalytik

3.4.1 Mykotoxinextraktion

3.4.1.1 Extraktion von A- und B- Trichothecenen sowie ZEA

10 g einer auf 0,2 mm gemahlen Weizenkorn- bzw. Silomaisprobe wurden mit 45 bzw. 70 ml Extraktionsmittel (VE-Wasser : Acetonitril (p.a.); 25 : 75 [v/v]) 60 min. in einem Erlenmeyerkolben bei Raumtemperatur (~ 20 °C) auf einem Schüttler extrahiert. Nach der Filtration durch einen Faltenfilter (Ø 125 mm) wurden 20 ml des Extraktes in ein mit 1 g NaCl gefülltes 50 ml Schraubgefäß überführt und gevortext. Nach der sich einstellenden

Phasentrennung wurden 8 ml der oberen Phase in ein Glasröhrchen überführt. Die Aufreinigung der A- und B-Trichothecene sowie ZEA aus diesem Extrakt erfolgte mit der MycoSep[®]226 AflaZon+ Multifunctional column, wobei das gesamte, im Glasröhrchen befindliche Extrakt binnen 30 sec. durch die Aufreinigungssäule hindurch gedrückt wurde. Nach der anschließenden Filtrierung zur Entfernung feiner Schwebstoffe mittels syringe-Filters (0,2 µm) wurden 4 ml des auf gereinigten Extraktes in ein 15 ml Schraubröhrchen überführt und mittels Vakuumzentrifuge bei 60 °C auf ≤ 0,2 ml eingedampft und anschließend quantitativ überführt. Hierzu wurde das im 15 ml Schraubröhrchen enthaltenen Extrakt in ein 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt und das Schraubröhrchen dreimal mit 100 µl Acetonitril gespült (100 µl hinzugeben, vortexen, zentrifugieren und in 1,5 ml Reaktionsgefäß überführen) und anschließend vollständig eingedampft. Im Anschluss wurde die Probe mit 100 µl Acetonitril (HPLC - Grade) aufgenommen, gevortext, für 15 min. ins Ultraschallbad zur Lösung des Pellets gegeben, zentrifugiert und in eine Gewindeflasche (vial) mit Mikroinsert überführt. 10 µl dieser Probe wurden dann mittels LC/MS analysiert.

3.4.1.2 Extraktion von D3G

Für die Extraktion des D3G wurden 6 g Probenmaterial in ein 50 ml Schraubröhrchen eingewogen und mit 20 ml VE-Wasser 60 min. extrahiert. Nach der Zentrifugation bei 4000 rpm für 5 min. wurde das Extrakt durch einen Faltenfilter(Ø 125 mm) gefiltert. Anschließend wurden 7 ml des Filtrats auf die DONPREP[®]-Säule gegeben und mit einer Flussrate von 2 ml pro Minute durch die Säule laufen gelassen. Eine langsame, stetige Flussrate war hierbei wichtig, um das D3G an die Antikörper des Säulenmaterials zu binden. Das Waschen der Säule erfolgte mit 10 ml VE-Wasser und einer Flussrate von 5 ml pro Minute. Zum Entfernen der Restflüssigkeit wurde Luft durch die Säule gedrückt. Nachfolgend wurde das D3G aus der Säule mit einer Flussrate von einem Tropfen pro Sekunde mittels 3 ml Methanol (HPLC-Grade) eluiert und in einem 15 ml Schraubröhrchen aufgefangen. Um sicherzustellen, dass das Toxin vollständig eluiert wurde, erfolgte eine Rückspülung, um die Zeit zu erhöhen, in der das Lösungsmittel mit dem Antikörper in Kontakt ist. Das Eluat wurde danach auf ≤ 0,2 ml eingeeengt, mit Methanol (HPLC-Grade) quantitativ überführt und anschließend bis zur vollständigen Trockene evaporiert. Im Anschluss wurde die Probe mit 80 µl 50 % Methanol (Methanol (HPLC-Grade): VE-Wasser (HPLC-Grade); 50 : 50 [v/v]) rekonstituiert, gevortext, für 15 min. in ein Ultraschallbad verbracht, zentrifugiert, ins vial überführt und 10 µl in das LC/MS-System injiziert.

3.4.2 Parameter der Flüssigkeitschromatographie mit Massenspektrometrie-Kopplung (LC/MS)

Die qualitative und quantitative Bestimmung der A- und B-Trichothecene, ZEA sowie D3G

in den extrahierten Weizen- und Silomaisproben erfolgte mittels LC/MS (Tab. 19).

Tab. 19: Mittels LC/MS in Weizenkorn- und Silomaisproben nachweisbare, durch Fusarien gebildete bzw. „maskierte“ Mykotoxine

Mykotoxingruppe	Mykotoxin
Trichothecene	Typ A: T2-Toxin, HT2-Toxin, Diacetoscirpenol (DAS), Neosolaniol (NEO)
	Typ B: Deoxynivalenol (DON), Nivalenol (NIV), Fusarenon X (Fus X)
Zearalenone	Zearalenon (ZEA)
„maskierte“ Mykotoxine	DON-3-Glucosid (D3G)

Aufgetrennt wurden die einzelnen Mykotoxine mit einer „reversed phase“ C18-Säule (150 x 3,0 mm; Partikelgröße 5 µm; stationäre Phase), in welche ein Volumen von 10 µl je Probe injiziert wurde. Als Laufmittel (mobile Phase) wurde ein Gemisch aus VE-Wasser (LC/MS-Grade) + 0,1% Ameisensäure + 2 mM Ammoniumformiat (Eluent A) und Acetonitril (LC/MS-Grade; Eluent B) verwendet. Die Auftrennung der Mykotoxine in der Probe erfolgte mit dem in Abbildung 15 dargestellten 16-minütigen Laufmittelgradienten bei einer Flussrate von 0,2 ml/min.

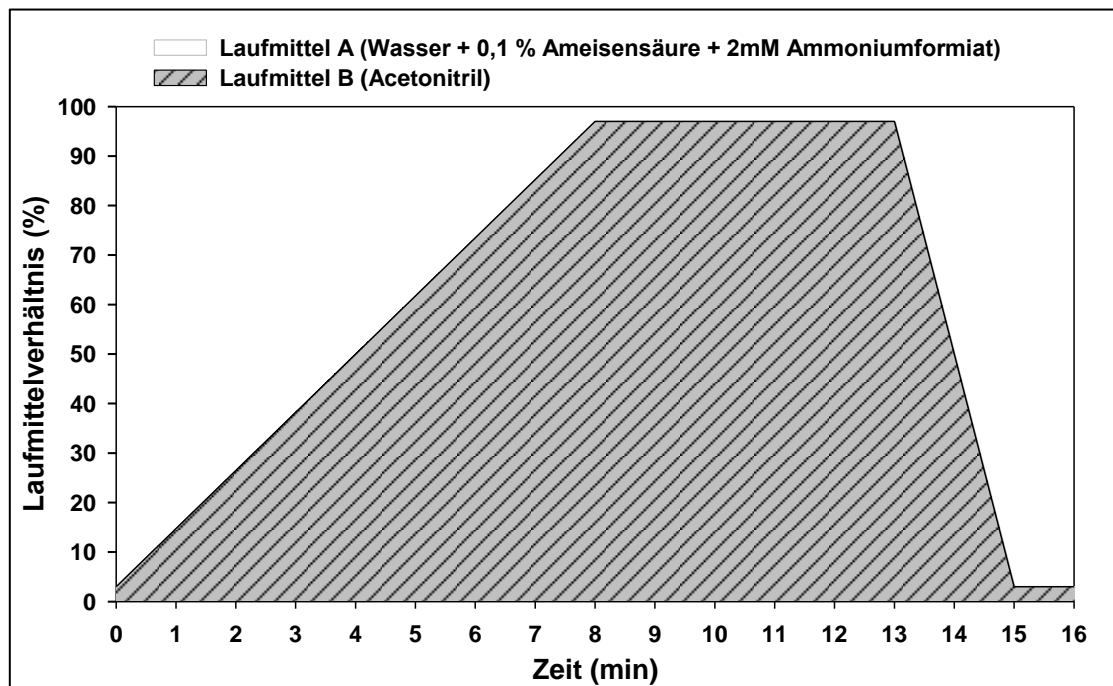


Abb. 15: Verlauf des Laufmittelgradienten über die Zeit für die Mykotoxinanalyse mittels LC/MS

Der diskontinuierliche Gradient begann mit einer Konzentration von 97 % Laufmittel A und 3 % Laufmittel B. Binnen 8 min wurde der Anteil des Eluenten B auf ein Niveau von 97 %

erhöht und für 5 min gehalten (13 min). Innerhalb von 2 min wurde die mobile Phase B wieder auf 3 % reduziert und bis zum Ende des Laufes gehalten.

Die Ionenerzeugung erfolgte mittels Elektrospray-Ionisation (ESI), wobei die ESI mit einer Ionenfalle gekoppelt war. Die Messung erfolgte im MS/MS-Modus. Als Trocknungsgas zum Verdampfen des Lösungsmittels wurde N₂ bei einer Temperatur von 350 °C verwendet, als Dämpfungsgas wurde Helium genutzt (Flussrate 0,8 ml/min).

Die Retentionszeiten der aufgetrennten Mykotoxine sowie alle wichtigen Parameter für die LC/MS-Messung (Addukte sowie aus der Ionisierung entstandene Adduktmassen, Fragmentgrößen, Nadel- und Kapillarspannung, Füllung der Ionenfalle, Anstoßenergie für die Fragmentierung) finden in Tabelle 20 Darstellung.

Tab. 20: Mittels LC/MS messbare Mykotoxine (NIV, DON, NEO, Fus X, DAS, HT2, T2, ZEA und D3G) sowie mykotoxinspezifische Parameter für die LC/MS-Messung. Unterstrichende Fragmente wurden für die Quantifizierung genutzt. Neg.-lon = Negativ-Ion, neg. = negativ; pos. = positiv

Mykotoxin	Retention (min)	Ionisierung	Addukt	Adduktmasse / Ionenmasse (da)	Fragmente (da)	Nadelspannung (V)	Kapillarspannung (V)	RF-Füllung (%)	Fragmentierungs- spannung (V)
NIV	7,5	neg.	HCOO ⁻	357	<u>281</u> , 311	- 4500	60	90	0,80
D3G	7,8	neg.	HCOO ⁻	503	<u>427</u> , 457	- 4100	82	90	1,60
DON	7,9	neg.	HCOO ⁻	341	<u>265</u> , 295	- 4500	45	90	0,70
NEO	8,2	pos.	Na ⁺	405	<u>345</u> , 405	+ 5000	85	85	0,80
Fus X	8,3	neg.	HCOO ⁻	399	<u>353</u> , 263	- 5000	32	100	0,50
DAS	9,6	pos.	NH ₄ ⁺	384	<u>307</u> , 349	+ 5000	48	90	0,45
HT2	9,6	pos.	Na ⁺	447	<u>345</u> , 285	+ 5000	85	85	0,55
T2	10,6	pos.	Na ⁺	489	<u>387</u> , 327	+ 5000	90	95	0,75
ZEA	11,6	neg.	Neg.-lon	317	<u>273</u> , 299	- 5000	95	110	0,70

Anhand der spezifischen Retentionszeiten sowie Fragmentmassen wurden die einzelnen Mykotoxine identifiziert. Die Quantifizierung der Mykotoxinmenge in den Proben erfolgte

anhand von Peakflächen und einer spezifischen Fragmentmasse (in Tab. 20 unterstrichen), wobei die Peaks mittels externer Standards bekannter Konzentration quantitativ bestimmt wurde. Die Standardreihe eines jeden zu untersuchenden Mykotoxins bestand aus fünf Verdünnungen, welche so gewählt wurden, dass alle zu messenden Proben innerhalb des Bereichs zwischen niedrigstem und höchstem Standard lagen. Unter Berücksichtigung aller während der Aufarbeitung aufgetretenen Verdünnungsfaktoren sowie der mykotoxinspezifischen molaren Masse wurde der absolute Gehalt an Mykotoxinen in einer definierten Probenmenge (Weizen: $\mu\text{g}/\text{kg}$ bei 14 % Kornfeuchte; Silomais: $\mu\text{g}/\text{kg}$ TM) berechnet.

Die Quantifizierungsgrenzen der einzelnen Mykotoxine waren wie folgt: DON 5 pmol, D3G 2 pmol, NIV 5 pmol, ZEA 1 pmol, T2 3 pmol, HT2 3 pmol, Fus X 10 pmol, DAS 10 pmol, NEO 10 pmol.

3.5 Isolierung und Identifikation von *Fusarium*-Feldisolaten sowie *in vivo* Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener, isolierter *Fusarium*-Arten

3.5.1 Isolierung von *Fusarium* spp. von pflanzlichem Gewebe

Aus der unbehandelten Kontrolle der verschiedenen Weizen- und Silomaisstandorte Schleswig-Holsteins des Jahres 2011 wurden einzelne Weizenkörner sowie Teile von Ähren (EC 85) bzw. verschiedene Maispflanzenteile (Körner, Teilstücke von Kolben, Knoten und Lieschblättern) 5 min in 2 % Natriumhypochlorid oberflächensterilisiert und anschließend dreimal mit autoklaviertem, sterilem VE-Wasser abgespült und unter der Impfbank auf sterile Papiertücher ausgelegt und getrocknet. Anschließend wurden die einzelnen Pflanzenteile bzw. Körner auf PDA-Platten ausgelegt. Dem autoklavierten PDA-Medium (39 g/l VE-Wasser) wurde vor dem Gießen der Platten im handwarmen, flüssigen Zustand je 100 ppm Penicillin und Streptomycin bzw. die Fungizide Roval[®] (200 $\mu\text{l}/\text{l}$ von 4 mg/100 μl Stammlösung) sowie Dichloran (1 ml/l) hinzugegeben, um einer Verunreinigung durch Bakterien und Schwärze- bzw. Schwächepilzen vorzubeugen. Die Inkubation erfolgte für drei bis fünf Tage bei Raumtemperatur (~ 20 °C). Mycelspitzen der wachsenden Pilze wurden nachfolgend mit einer sterilen Impföse auf neue, mit Penicillin und Streptomycin versetzte PDA-Platten überimpft. Dies wurde so häufig wiederholt, bis reine, kontaminationsfreie *Fusarium*-Isolate entstanden waren. Im letzten Schritt wurden diese Reinkulturen jeweils auf eine PDA- und eine SNA-Platte überimpft. Das auf der PDA-Platte gewachsene Mycel diente der DNA-Extraktion und der daran anschließenden Identifikation der isolierten *Fusarium*-Arten mittels PCR und Sequenzabgleich. Die unter UV-Licht gewachsenen Sporen der SNA-Platte wurden zur Kryo-Konservierung genutzt.

3.5.2 Identifikation isolierter *Fusarium*-Arten

3.5.2.1 DNA-Extraktion

Die DNA-Extraktion aus dem auf der PDA-Platte gewachsenen Mycel erfolgte nach Karthikeyan (2010), wobei das Protokoll leicht verändert wurde:

1. Befüllung eines 1,5 ml Reaktionsgefäßes mit sterilem Quarzsand (eine Spatelspitze) und 500 µl TS-Puffer
2. Zugabe des Pilzmycels (von PDA); unter Impfbank
3. Zweiminütige Zerkleinerung des Mycels mittels Schwingmühle
4. Inkubation für 15 sec bei 800 Watt (Mikrowellenherd)
5. Inkubation bei 60 °C für 30 min
6. Zugabe von 300 µl Natriumacetat (p.a.; pH 5,2); 30 min auf Eis stellen (nicht vortexen) und anschließend 10 min bei 4 °C und 11000 rpm zentrifugieren
7. Überführung des Überstandes in ein neues 1,5 ml Reaktionsgefäß und Zugabe von 1 Volumen Isopropanol (p.a.) und 20 min bei 4 °C und 11000 rpm zentrifugieren
8. Überstand verwerfen und dem Pellet 120 µl 70 % Ethanol (p.a.) hinzugeben und 5 min bei 4 °C und 11000 rpm zentrifugieren
9. Überstand verwerfen und Pellet trocknen lassen
10. Pellet mit 80 µl autoklaviertem VE-Wasser (HPLC-Grade) lösen und DNA kühl lagern (-20 °C)

3.5.2.2 PCR, Gel-Elution und Sequenzabgleich

Die Bestimmung der *Fusarium*-Art erfolgte durch einen Sequenzabgleich der ELF1 α -Sequenz der isolierten Fusarien sowie der in der *Fusarium*-ID-Datenbank abgelegten, artspezifischen Sequenz.

Hierzu wurde zunächst eine PCR mit einem auf dem ELF1 α -Gen basierenden Primer-Paar (Knott, unveröffentlicht, 2011) durchgeführt:

Forward-Primer (5' → 3') ELF1 α -V: GACTCTGGCAAGTCGACC

Reverse-Primer (5' → 3') ELF1 α -H: CCAATGACGGTGACATAGTAG

Fragmentgröße: 520 bp

Das PCR-Protokoll bestand aus einer Initialdenaturierung von 5 min bei 95 °C, 40 Zyklen mit 95 °C für 30 sec, 58 °C für 30 sec und 72 °C für 40 sec mit einer anschließenden finalen Elongation für 7 min. Der Reaktionsansatz wurde anschließend auf 12 °C herunter gekühlt. Nach der Auftrennung in einem 1 % Agarosegel wurden die unter UV-Licht sichtbaren Banden aus dem Gel ausgeschnitten und die darin enthaltenen Amplifikate durch Verwendung des QIAquick Gel Extraction Kits aus dem Gel eluiert.

Folgendes Protokoll wurde angewendet:

1. Befüllung eines 1,5 ml Reaktionsgefäßes mit 300 µl Puffer QG
2. Zugabe des ausgeschnittenen Gels (ca. 100 mg)
3. Schmelzen des Gels bei 50 °C in einem Wasserbad (grün-gelbe Färbung)
4. Zugabe von 100 µl Isopropanol (p.a.); mischen
5. Überführung des Lysats in QIAquick spin column und für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
6. Zugabe von 500 µl Puffer QG in QIAquick spin column und für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
7. Zugabe von 750 µl Puffer PE in QIAquick spin column, 5 min inkubieren und anschließend für 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren; Durchfluss verwerfen
8. QIAquick spin column in ein neues 1,5 ml Reaktionsgefäß platzieren
9. 50 µl autoklaviertem VE-Wasser (HPLC-Grade) auf die Membran pipettieren, 1 min inkubieren und anschließend 1 min bei 11000 rpm zentrifugieren
10. Mittels Vakuumzentrifuge bei 37 °C bis zur vollständigen Trockene eindampfen

Die eluierte DNA wurde im Anschluss an MWG-Biotech AG versandt und dort sequenziert. Durch den Abgleich der spezifischen Isolat-Sequenzen mit den in der *Fusarium*-ID-Datenbank (fusariumdb.org) abgelegten, artspezifischen Sequenzen erfolgte die Artenbestimmung der einzelnen *Fusarium*-Isolate.

3.5.3 *In vivo* Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener *Fusarium*-Arten im Winterweizen

Neben der Untersuchung von Weizen- und Maisproben aus Freilandversuchen wurden ebenfalls im Gewächshaus angezogene und mit verschiedenen *Fusarium*-Arten inokulierte Weizenpflanzen analysiert. Ziel der *in vivo* Versuche war die Bestimmung des Mykotoxinmusters verschiedener von Mais und Weizen isolierter *Fusarium*-Arten. Des Weiteren sollte der Frage nachgegangen werden, in wie weit von Mais isolierte Fusarien in der Lage sind, Winterweizen zu infizieren und das Erntegut (Körner) mit ihren spezifischen Mykotoxinen zu kontaminieren. Die *Fusarium*-Isolate stammten, wie unter Kapitel 3.5.1 beschrieben, von Standorten des Mais- und Winterweizen-Monitorings Schleswig-Holsteins des Jahres 2011.

3.5.3.1 Verwendete *Fusarium*-Isolate

Für die Inokulation des Weizens wurden insgesamt 13 *Fusarium*-Isolate bzw. sechs verschiedene Arten verwendet (Tab. 21).

Tab. 21: Für die Inokulation von Weizenpflanzen genutzte *Fusarium*-Isolate sowie dessen Herkunft

<i>Fusarium</i>-Art	Isolatbezeichnung	Herkunft (Standort)	Kulturart, Gewebe
<i>F. avenaceum</i>	<i>F. av</i> VI 4	Kluvensiek	Weizen, Korn
<i>F. avenaceum</i>	<i>F. av</i> To 8	Tolk	Mais, Korn
<i>F. culmorum</i>	<i>F. culm</i> II 4	Birkenmoor	Weizen, Ähre (EC 85)
<i>F. culmorum</i>	<i>F. culm</i> VIII 18	Sönke-Nissen-Koog	Weizen, Korn
<i>F. culmorum</i>	<i>F. culm</i> Fu 13	Futterkamp	Mais, Knoten
<i>F. graminearum</i>	<i>F. gram</i> III 1	Elskop	Weizen, Ähre (EC 85)
<i>F. graminearum</i>	<i>F. gram</i> III 7	Elskop	Weizen, Ähre (EC 85)
<i>F. graminearum</i>	<i>F. gram</i> Ck 8	Tolk	Mais, Knoten
<i>F. graminearum</i>	<i>F. gram</i> To 5	Tolk	Mais, Lieschblatt
<i>F. poae</i>	<i>F. poae</i> II 1 Fp	Birkenmoor	Weizen, Ähre (EC 85)
<i>F. poae</i>	<i>F. poae</i> To 11	Tolk	Mais, Lieschblatt
<i>F. sporotrichioides</i>	<i>F. sporo</i> I 1 Fp	Barlt	Weizen, Ähre (EC 85)
<i>F. tricinctum</i>	<i>F. tri</i> I 1	Barlt	Weizen, Ähre (EC 85)

Die Inokulation des Weizens erfolgte nicht als Mischinokulation, sondern mit jedem Isolat separat.

3.5.3.2 Anzucht der Weizenpflanzen

In einem Becherglas wurden Körner der Winterweizensorte Ritmo mit destilliertem, autoklaviertem Wasser für acht Minuten bei 50 °C auf einem beheizbaren Magnetprüfer oberflächensterilisiert und anschließend unter einer Impfbank in mit nassem, autoklaviertem Sand befüllte Petrischalen verteilt (ca. 100 Körner pro Schale) und mit einem sterilen Spatel angedrückt. Nach Abdeckung der Schalen mit autoklavierter Alufolie wurden die Körner bei 4 °C für 42 Tage vernalisiert. Nach der Vernalisation wurden die jungen Weizenkeimlinge in Plastiktöpfe (9 x 9 x 9 cm) mit Einheitserde getopft (1 Pflanze/Topf) und wuchsen anschließend in einer Klimakammer unter standardisierten Bedingungen für ca. 16 Wochen (Temperatur: 20 °C, Luftfeuchtigkeit: 60 %, Photoperiode: 14 Stunden, Photonendichte: 270 bis 280 $\mu\text{mol}/\text{m}^2\text{s}$), wobei je Pflanze nur drei Triebe erhalten wurden. Kurz vor der Inokulation wurden die Ähren des Haupttriebes mit einem kleinen Drahtring markiert, damit zum Entwicklungsstadium der Totreife nur diejenigen Körner zu ernten, dessen Ähren zum Zeitpunkt der Inokulation in der Vollblüte waren.

3.5.3.3 Herstellung der Sporensuspension, Inokulation und Probenaufbereitung

Für die Herstellung der Sporensuspension für die Ähren- bzw. Blüteninokulation des Weizens wurden die Konidien der einzelnen Isolate aus dem Flüssigmedium SNB gewonnen. Hierzu wurden zunächst je 100 µl der kryokonservierten Sporensuspension der *Fusarium*-Isolate auf je zwei PDA-Platten gegeben und mit einem sterilen Drigalski-spatel ausplattiert. Nach einem Wachstum von sieben Tagen wurden unter der Sterilbank mit einer Impf-Nadel jeweils zwei 0,5 cm² große Stücke aus dem Nährmedium geschnitten und in 500 ml autoklaviertes SNB-Medium (39 g/l VE-Wasser) überführt. Die Inkubation erfolgte bei UV-Licht (12 Stunden pro Tag) für drei Wochen auf einem Schüttler bei Raumtemperatur (~ 20 °C). Am Tag der Inokulation wurden die Sporensuspensionen auf 1 x 10⁵ Sporen/ml eingestellt. Hierfür wurde zunächst das Mycel durch Filterung durch doppelagiges Verbandsmull abgetrennt und die Konidienanzahl der Rohsuspension mit Hilfe einer Fuchs-Rosenthal-Kammer ausgezählt. Durch Verdünnen der Sporensuspension mit VE-Wasser wurden die benötigten Konzentrationen eingestellt. Zur Verbesserung der Sporenanhaftung, wurde der Suspension Tween 80 (0,1 % (v/v)) zugesetzt.

Die Inokulation der Weizenpflanzen zur Vollblüte (EC 65) erfolgte als Sprühinokulation, wobei die Isolate einzeln mit einem Handsprüher ausgebracht wurden. Je 15 Ähren wurden 30 ml Sporensuspension ausgebracht. Die Ähren der Negativkontrolle wurden mit VE-Wasser behandelt. Unmittelbar nach der Inokulation wurden die Pflanzen in eine geschlossene Kammer mit separaten, abgetrennten Abteilungen verbracht (ein Isolat pro Abteil). Die Inkubation erfolgte für 48 Stunden bei einer Temperatur von 20 °C und einer relativen Luftfeuchte von 100 %, die durch einen periodischen Sprühnebel (feinvernebeltes VE-Wasser) sichergestellt wurde. Während und nach der Inkubation betrug die Photoperiode 14 Stunden, die Photonenflussdichte bzw. Bestrahlungsdichte 270 bis 280 µmol/m²s. Zur Vermeidung einer Fremdfektion verblieben die Pflanzen bis zur Totreife in ihren separaten Kammern.

Zur Totreife wurden die Ähren der Pflanzen geerntet, gefriergetrocknet und die Körner anschließend ausgedroschen und durch eine Sieb-/Windreinigung von Spelzen und sonstigen Pflanzenresten gereinigt. Für die Mykotoxinextraktion der A- und B-Trichothecene sowie ZEA (Kap. 3.4.1.1) wurden die Körner zunächst auf 1,0 mm und in einem zweiten Schritt auf 0,2 mm vermahlen. Neben der Toxinextraktion wurde eine DNA-Extraktion (Kap. 3.3.1) sowie artspezifische PCR (Kap. 3.3.3.1) zur Überprüfung des Inokulationserfolges durchgeführt.

3.6 Statistische Auswertung und graphische Datenaufbereitung

Die graphische Aufbereitung der Daten erfolgte mit den Software-Programmen Microsoft Excel 2010 und SigmaPlot 10.0. Des Weiteren wurde aus den exakten Standortdaten mit

Hilfe des Geographischen Informationssystems (GIS) statt der punktuellen Darstellungsform ein flächenhaftes Bild von Schleswig-Holstein dargestellt, um die Parameter Niederschlag, *Fusarium*-DNA-Menge, DON- und ZEA-Belastung bestimmten Regionen zuzuordnen und darüber hinaus Zusammenhänge zwischen den einzelnen Befallsparametern nachvollziehbar zu machen.

Mit Microsoft Excel 2010 und R erfolgte die statistische Auswertung der Ergebnisse. Microsoft Excel 2010 diente der Berechnung von Regressionen, des Bestimmtheitsmaßes oder beschreibender Parameter wie Mittelwert und Standardabweichung. Mit R wurden multiple Kontrasttests (Signifikanztests) nach Hasler und Hothorn (2008) durchgeführt, wobei mit gleichen Buchstaben gekennzeichnete Mittelwerte sich nicht signifikant voneinander unterscheiden ($p > 0,05$). Die Ergebnisse stellen grundsätzlich die Mittelwerte aus vier Wiederholungen dar.

4. Ergebnisse

In diesem Kapitel werden die Ergebnisse der Feldversuche dargestellt. Zunächst wird auf die Witterung der fünf Versuchsjahre an den Monitoring-Standorten eingegangen. Anschließend wird das Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine in der Weizen- und Maiskultur Schleswig-Holsteins 2008 bis 2012 beschrieben sowie die Bedeutung der dominierenden Einflussgröße Witterung auf die Stärke der Epidemie analysiert. Es werden des Weiteren Möglichkeiten aufgezeigt, mit denen das Befallsgeschehen in der Weizen- und Maiskultur beeinflusst werden kann (Nutzung von Anbausystemfaktoren, Sortenwahl, Einsatz von Fungiziden). Zudem folgt eine Analyse und Interpretation der *in-vivo* Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener *Fusarium*-Arten im Winterweizen, welche von Weizen und Mais isoliert wurden.

4.1 Witterung

4.1.1 Witterung der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012

Das überregionale Witterungsgeschehen in Schleswig-Holstein der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2011/2012 ist den Abbildungen 16 und 17 zu entnehmen. Abgebildet sind das langjährige Mittel (1971 bis 2000) der Temperatur und Niederschläge in Schleswig-Holstein vergleichend zu den einzelnen Versuchsjahren. Die Darstellung beider Witterungsparameter erfolgte in Form von Temperaturmittelwerten und Niederschlagssummen der einzelnen Monate. Es wurden sowohl für die Einzeljahre als auch für das langjährige Mittel die Witterungsdaten aller verfügbaren, über das Land verteilten Wetterstationen des Deutschen Wetterdienstes (DWD) genutzt, um ein möglichst repräsentatives Bild Schleswig-Holsteins abbilden zu können. Diese Darstellung ermöglicht es, die standortspezifischen Witterungsbedingungen an den Versuchsstandorten der einzelnen Versuchsjahre, sowohl für die Weizenkultur (2008 bis 2012) als auch für die Maiskultur (2011 und 2012), überregional und großräumig einzuordnen. Besonders zu betrachten ist hierbei der Zeitraum der Blüte, da Pilze der Gattung *Fusarium* beide Kulturarten primär zur Zeit der Blüte infizieren (Sutton, 1982; Bartels und Rodemann, 2003; Bushnel et al., 2003; Munkvold, 2003; Rodemann und Bartels, 2004; Hurlle et al., 2005; Görtz, 2009), wobei für eine erfolgreiche Infektion der Niederschlag, jedoch für die Pathogenese auch die Temperatur von entscheidender Bedeutung sind. Daher kommt den Monaten Juni und August eine besondere Bedeutung zu, da im ersteren sich die Blüte des Winterweizens vollzieht, während diese für den Mais im August abläuft. Das Witterungsgeschehen dieses empfindlichen Entwicklungsstadiums beider Kulturarten wird daher im Besonderen abgebildet. Diese speziellen Darstellungen sind den jeweiligen separaten, nachfolgenden Kapiteln der Versuchsjahre zu entnehmen.

Die Temperaturmittelwerte der Versuchsjahre 2007/2008 und 2008/2009 lagen mit 9,7 und 9,4 °C deutlich über dem langjährigen Mittel von 8,6 °C, wohingegen die Versuchsjahre

2009/2010 und 2010/2011 mit 8,3 und 8,5 °C nur geringfügig vom langjährigen Mittelwert abwichen (Abb. 20 und 21). Im Vergleich zum Mittelwert der langjährigen Niederschlagssummen (784,7 mm) wurde in den Versuchsjahren 2007/2008 und 2011/2012 ein nahezu identisches Niveau erreicht, während 2008/2009 die Gesamtreagenmenge 10 % unter dem Durchschnitt lag. Die Niederschlagssummen der Versuchsjahre 2009/2010 und 2010/2011 lagen mit 896,4 und 904,1 mm deutlich, um bis zu 15 % über dem langjährigen Mittel.

Im Versuchsjahr 2007/2008 entsprachen die Temperaturen lediglich in Teilen dem langjährigen Mittel (Abb. 16, oben). Die Wintermonate Dezember, Januar, Februar und März lagen ebenso wie die Monate Mai, Juni und Juli zum Teil deutlich über dem Mittelwert (Januar, Februar > 3 °C). Leicht erhöhte Niederschlagssummen waren in den Wintermonaten feststellbar, während die Monate Mai und Juni mit 13,2 und 42,7 mm von einem deutlichen Niederschlagsdefizit (Mai: -37,3 mm; Juni: -29,6 mm) gekennzeichnet waren, was zu einer überregional auftretenden Trockenperiode im Monat Mai führte. In den Sommermonaten Juli und August lagen die registrierten Niederschlagsmengen oberhalb des langjährigen Mittelwertes. Gerade im August konnten überregional mit 149,7 mm Regen mehr als doppelt so hohe Niederschlagsmengen dokumentiert werden, wodurch es landesweit zu einer verzögerten Winterweizenernte kam.

Der Abbildung 16 (Mitte) zu entnehmende Temperaturverlauf des langjährigen Mittelwertes im Versuchsjahr 2008/2009 verlief in weiten Teilen nahe dem langjährigen Mittel. Die Frühjahrs- und Sommermonate März bis August wiesen überdurchschnittliche Temperaturen auf, wobei im April die mittlere Monatstemperatur mit 10,8 °C deutlich oberhalb des langjährigen Mittels lag (+ 3,8 °C). Lediglich im Juni sank die mittlere Durchschnittstemperatur um nahezu 1 °C unter den langjährigen Mittelwert. Nach einem von ergiebigen Niederschlägen geprägtem Oktober 2008 schloss sich über die Wintermonate hinweg eine Periode mit zum Teil erheblich geringerem Niederschlagsvolumen an. Nach leicht überdurchschnittlichen Niederschlagsmengen im März ergaben sich im April hingegen sehr geringe, um das Dreifache reduzierte Regenmengen. Im Folgenden wurden wiederum leicht überdurchschnittliche Regenmengen erfasst.

Der Temperaturverlauf des Versuchsjahres 2009/2010 (Abb. 16, unten) war schleswig-holsteinweit betrachtet in weiten Teilen abweichend zum langjährigen Mittel. In den Monaten Dezember bis Februar waren Temperaturen durchgängig unter 0 °C zu messen. Lediglich die Temperaturen der Monate März und April verliefen nahezu identisch zum Mittelwert. Einem sehr warmen November, dessen Temperaturen um 3,2 °C über dem langjährigen Mittel lagen und der von hohen Niederschlagsmengen geprägt war (> 50 mm über dem Durchschnitt), folgte ein starker Abfall der Temperaturen mit langen Frostperioden, die bis Ende Februar anhielten.

4. Ergebnisse

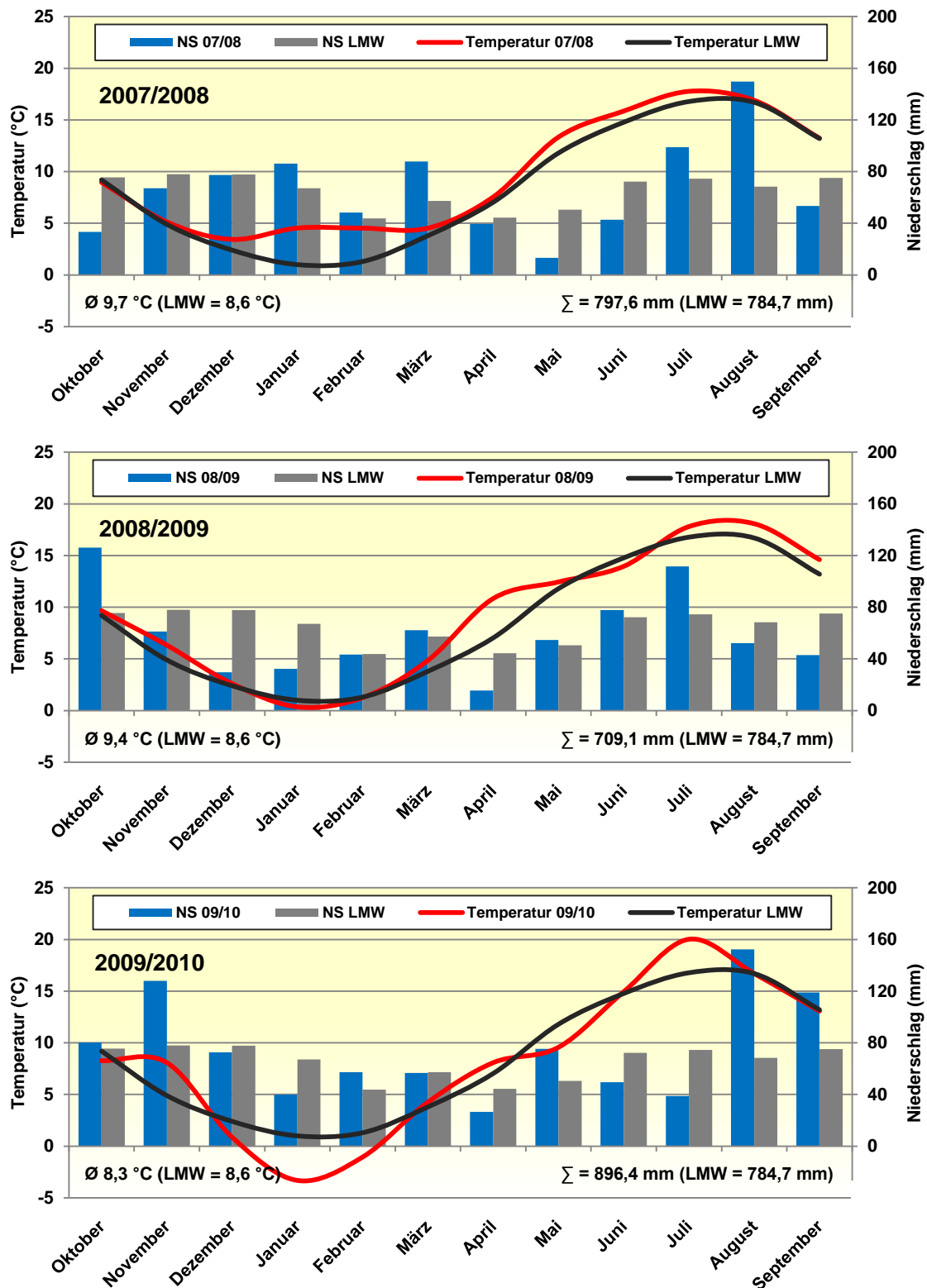


Abb. 16: Witterung der Versuchsjahre 2007/2008 bis 2009/2010 im Vergleich zum langjährigen Mittel (1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein. Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) sind als Monatsmittel bzw. -summe abgebildet; LMW = langjähriger Mittelwert

Die Temperaturen im Mai lagen etwa 2,2 °C unter dem langjährigen Mittel, womit der Mai 2010 zu den Kältesten seit 1991 gehört (DWD, 2010). Im weiteren Vegetationsverlauf waren stetig steigende Temperaturen zu registrieren, die im Juli ein um 3,2 °C über dem langjährigen Mittelwert liegendes Temperaturmaximum erreichten. Nach überdurchschnittlichen Niederschlagsmengen im Mai lagen diese im Juni und Juli deutlich unter dem des langjährigen Mittelwertes, während in den Monaten August und September 2010 stark erhöhte Niederschlagssummen registriert wurden.

Im Versuchsjahr 2010/2011 verlief die Temperatur in den Monaten Oktober bis März nahe dem langjährigen Mittelwert (Abb. 17, oben). Lediglich im Monat Dezember konnten um 6,2 °C verringerte Temperaturen, die einen Durchschnittswert von -3,8 °C erreichten, festgestellt werden. Die erhobenen Niederschlagsmengen wichen in nahezu allen Monaten vom langjährigen Mittel ab. Besonders hervorzuheben sind hierbei zum einen die Monate März und April, die mit 17,8 und 7,8 mm von einem erheblichen Niederschlagsdefizit und einer damit einhergehenden, überregional auftretenden Vorsommertrockenheit (Mai: - 39,5 mm; Juni: - 36,6 mm) geprägt waren. Neben der geringen Niederschlagsmenge konnte im April auch deutlich über dem Mittel liegende Temperaturen festgestellt werden (+ 3,7 °C), wodurch die durch die ausbleibenden Niederschläge ausgelöste Trockenheit noch verschärft wurde. Im Gegensatz hierzu lagen in den Sommermonaten Juni bis August deutlich erhöhte Niederschlagsintensitäten vor, wodurch die Beerntung von Druschfrüchten im Juli und August erheblich behindert und verzögert wurde. Im Juni lagen die gemessenen Niederschläge 21,1 mm, im Juli 43,1 mm und im August 109,5 mm oberhalb des langjährigen Mittelwertes, wobei im August Regenmengen fielen, die die des langjährigen Mittelwertes um das Dreifache überstiegen. Die Temperaturen im Mai und Juni waren im Vergleich zum langjährigen Monatsmittel um 0,9 und 1,1 °C erhöht, während im Juli identische und August unterdurchschnittliche Temperaturen (- 1,5 °C) vorlagen.

Wie aus Abbildung 17 (unten) ersichtlich, war das Versuchsjahr 2011/2012 durch einen milden Herbst und Winter geprägt. Lediglich im Februar lag die Monatsdurchschnittstemperatur mit - 0,5 °C unterhalb des langjährigen Mittels. Dem trockenen Monat November, in dem lediglich ein Siebtel der durchschnittlichen Regenmenge fiel (11,3 mm), folgten im Dezember und Januar Niederschlagsmengen, die deutlich oberhalb des langjährigen Mittelwertes lagen. Dem verhältnismäßig warmen März (+ 2,6 °C oberhalb des LMW) folgten in den Monaten April bis September Temperaturwerte, die in einem ähnlichen Bereich der Monatsmittelwerte der Jahre 1971 bis 2000 verliefen. Nach unterdurchschnittlichen Niederschlagsmengen im März, die lediglich 10,7 mm (LMW = 57,2 mm) erreichten, lagen diese im April und Mai auf einem nahezu identischen Niveau vergleichend zum langjährigen Mittel, während in den Monaten Juni und Juli 2012 erhöhte

4. Ergebnisse

Niederschlagssummen registriert wurden. Die Niederschlagsintensitäten im August und September entsprachen dem des langjährigen Mittelwertes.

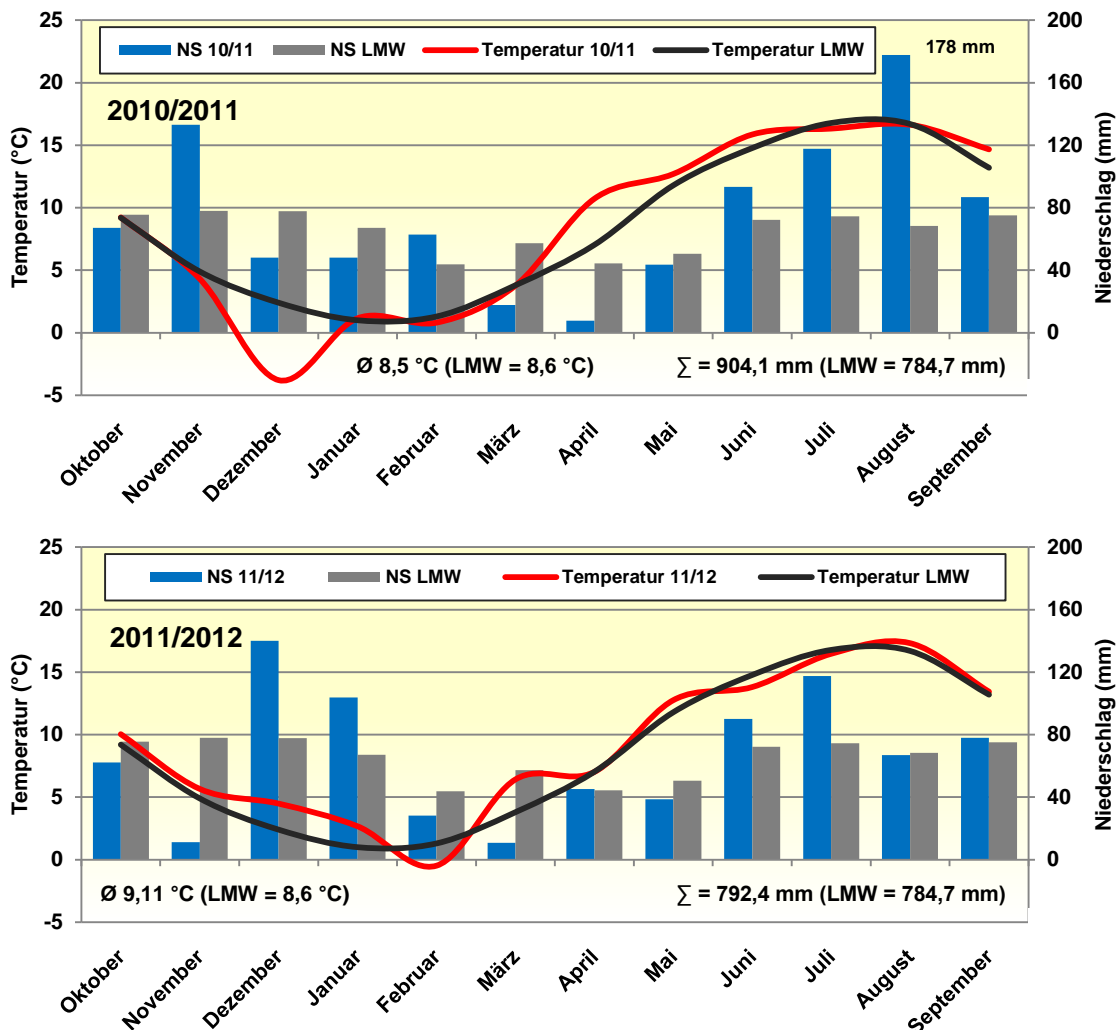


Abb. 17: Witterung der Versuchsjahre 2010/2011 und 2011/2012 im Vergleich zum langjährigen Mittel (1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein. Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) sind als Monatsmittel bzw. –summe abgebildet; LMW = langjähriger Mittelwert

In Tabelle 22 sind die Niederschlagssummen und Temperaturmittelwerte der Monate Juni und August der einzelnen Versuchsjahre, in denen die Blüte des Weizens (Juni) bzw. Silomaises (August) stattfindet, gegenüber dem langjährigen Mittel, zusammenfassend dargestellt.

Im Vergleich zum langjährigen Mittel (72,3 mm) fielen im Juni der Jahre 2008 und 2010 mit durchschnittlich 42,7 und 49,4 mm unterdurchschnittliche Regenmengen, wohingegen der im Juni 2009 erfasste Niederschlag von 77,7 mm auf einem ähnlichen Niveau lag. In 2011 und 2012 waren mit 93,4 und 90,1 mm deutlich höhere Niederschlagsmengen zu verzeichnen. Hinsichtlich der Temperatur konnten in den Versuchsjahren 2008 und 2011 mit jeweils 15,9 °C die höchsten Temperaturmittelwerte des Monats Juni festgestellt werden. 2009 und

2012 lagen die Temperaturen mit 14,0 und 13,8 °C unter und 2010 mit 14,9 °C auf dem gleichen Niveau des langjährigen Mittels von 14,8 °C. Die jeweils höchsten Monatsmitteltemperaturen und Niederschlagssummen des Monats Juni konnten im Versuchsjahr 2011 erfasst werden. Im Monat August des Jahres 2011 wurde im Vergleich zum langjährigen Mittelwert mit einer Niederschlagssumme von 177,8 mm eine dreifach höhere Niederschlagsmenge aufgezeichnet, wohingegen 2012 mit 66,8 mm eine nahezu identische Regenmenge erreicht wurde.

Tab. 22: Niederschlagssummen (mm) und Temperaturmittelwerte (°C) der Monate Juni und August der Einzeljahre 2008 bis 2012 und dem langjährigen Mittelwert (LMW; 1971 bis 2000) in Schleswig-Holstein

Witterungsparameter	2008	2009	2010	2011	2012	LMW
Niederschlagssumme Juni (mm)	42,7	77,7	49,4	93,4	90,1	72,3
Temperaturmittelwert Juni (°C)	15,9	14,0	14,9	15,9	13,8	14,8
Niederschlagssumme August (mm)	---	---	---	177,8	66,8	68,3
Temperaturmittelwert August (°C)	---	---	---	16,6	17,3	16,7

4.1.2 Witterungsverhältnisse zur Winterweizenblüte 2008 bis 2012

In den Abbildungen 18 bis 22 finden die spezifischen Witterungsdaten der Parameter Niederschlag und Temperatur vor, während und nach der Blühphase des Winterweizens für die einzelnen Versuchsstandorte in Rahmen des IPS-Winterweizen-Monitorings der Versuchsjahre 2008 bis 2012 Darstellung; ferner die zur Blüte festgestellten Niederschlagssummen und Temperaturmittelwerte der einzelnen Standorte sowie die Zeitpunkte der Fungizidapplikation zur Blüte (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012 2,5 l/ha Osiris).

Im Versuchsjahr 2008 erfolgte die Weizenblüte in den ersten beiden Juniwochen und erstreckte sich über einen Zeitraum von sieben Tagen (Abb. 18). Überregional wurden vor und während der Blüte sehr geringe Niederschlagsmengen mit steigenden Temperaturen aufgezeichnet. In dieser, als trocken zu bezeichnenden Weizenblüte, konnten im Mittel der Standorte lediglich 3,2 mm Niederschlag festgestellt werden. Die höchsten Niederschlagsmengen zur Blüte waren an den südlichen Westküsten-standorten Barlt und Elskop mit 7,0 und 7,4 mm zu verzeichnen, wobei diese zu Beginn der Blüte fielen. Die an den anderen Standorten gemessenen geringen, zwischen 0,7 und 3,3 mm liegenden Regenmengen, fielen erst zum Ende der Blüte. Erst nach der Blühphase des Winterweizens konnten standortübergreifend größere Regenmengen mit sinkenden Temperaturen von den

agrometeorologischen Messstationen erfasst werden. Die Temperaturen im Blühzeitraum erreichten einen mittleren Wert von 17,1 °C und lagen standortspezifisch zwischen 15,7 °C am Standort Loit und 18,6 °C am Standort Barlt, wobei die an den Standorten Barlt, Elskop und Kastorf gemessenen höheren mittleren Temperaturen durch einen um zwei bis drei Tage früheren Blühbeginn bedingt wurden, in dem höhere Temperaturen vorherrschten. Die aus den landesweit durch geringe Niederschläge im Monat Mai (Abb. 16) sowie ersten beiden Juniwochen verursachte Trockenheit führte zu einer verfrühten Abreife der Bestände im Sommer 2008. Die Fungizidapplikationen mit dem Präparat Prosaro erfolgten überregional zum Zeitpunkt der Vollblüte.

Die Weizenblüte des Jahres 2009 war im Vergleich zum Vorjahr durch deutlich erhöhte Niederschläge und kühlere Temperaturen geprägt, wodurch sich die Blüte über einen längeren Zeitraum von bis zu 14 Tagen hinzog (Abb. 19). Der Beginn der Blüte variierte standortspezifisch und begann an den Standorten Kastorf und Kluvensiek bereits in der ersten Juniwoche, während dies an den anderen Standorten erst in der zweiten, am Standort Barlt aufgrund der verzögerten pflanzlichen Entwicklung erst in der dritten Juniwoche der Fall war. Die überregional festgestellte mittlere Niederschlagsmenge zur Weizenblüte betrug 46,2 mm, wobei die ermittelten Niederschlagssummen zwischen 28,2 mm am Standort Barlt und 54,1 mm am Standort Kluvensiek lagen. Während an den Standorten Birkenmoor, Futterkamp, Kastorf, und Kluvensiek die ergiebigen Niederschläge zur Vollblüte fielen, waren diese in Barlt, Elskop, Loit und im Sönke-Nissen-Koog bereits zu Beginn der Blüte zu verzeichnen, wonach weitere größere Regenmengen ausblieben. Die einzelnen Tagesniederschlagssummen waren mit bis zu 42,4 mm (Barlt) im Vergleich zum Vorjahr beträchtlich. Im Vergleich zur Weizenblüte 2008 lagen die Temperaturen mit überregional durchschnittlich 12,7 °C deutlich unter dem Vorjahr (17,1 °C). Der Standort Barlt erlangte mit 14,6 °C den höchsten Wert für den Zeitraum der Weizenblüte, was durch die vergleichsweise verspätete Blüte, in der die Temperaturen standortübergreifend zunahmen, bedingt wurde. An den anderen sieben Standorten konnten ähnliche mittlere Temperaturen von 12,0 °C im Sönke-Nissen-Koog bis 12,8 °C am Standort Elskop ermittelt werden. Die Abschlussapplikation zur Blüte mit dem Fungizid Prosaro erfolgte an den Standorten Elskop, Futterkamp, Kastorf und Kluvensiek zur Vollblüte vor den jeweiligen stärksten Niederschlagsereignissen. Lediglich am Standort Elskop wurde die Applikation nach dem Starkregen zu Blühbeginn durchgeführt. An den Standorten Barlt und Sönke-Nissen-Koog wurde das Fungizid zu Beginn der Blüte ausgebracht, am Standort Birkenmoor erst zum Ende, bedingt durch die fehlende Befahrbarkeit der Versuchsfläche aufgrund des Starkniederschlages (39,7 mm) vom 11. Juni.

4. Ergebnisse

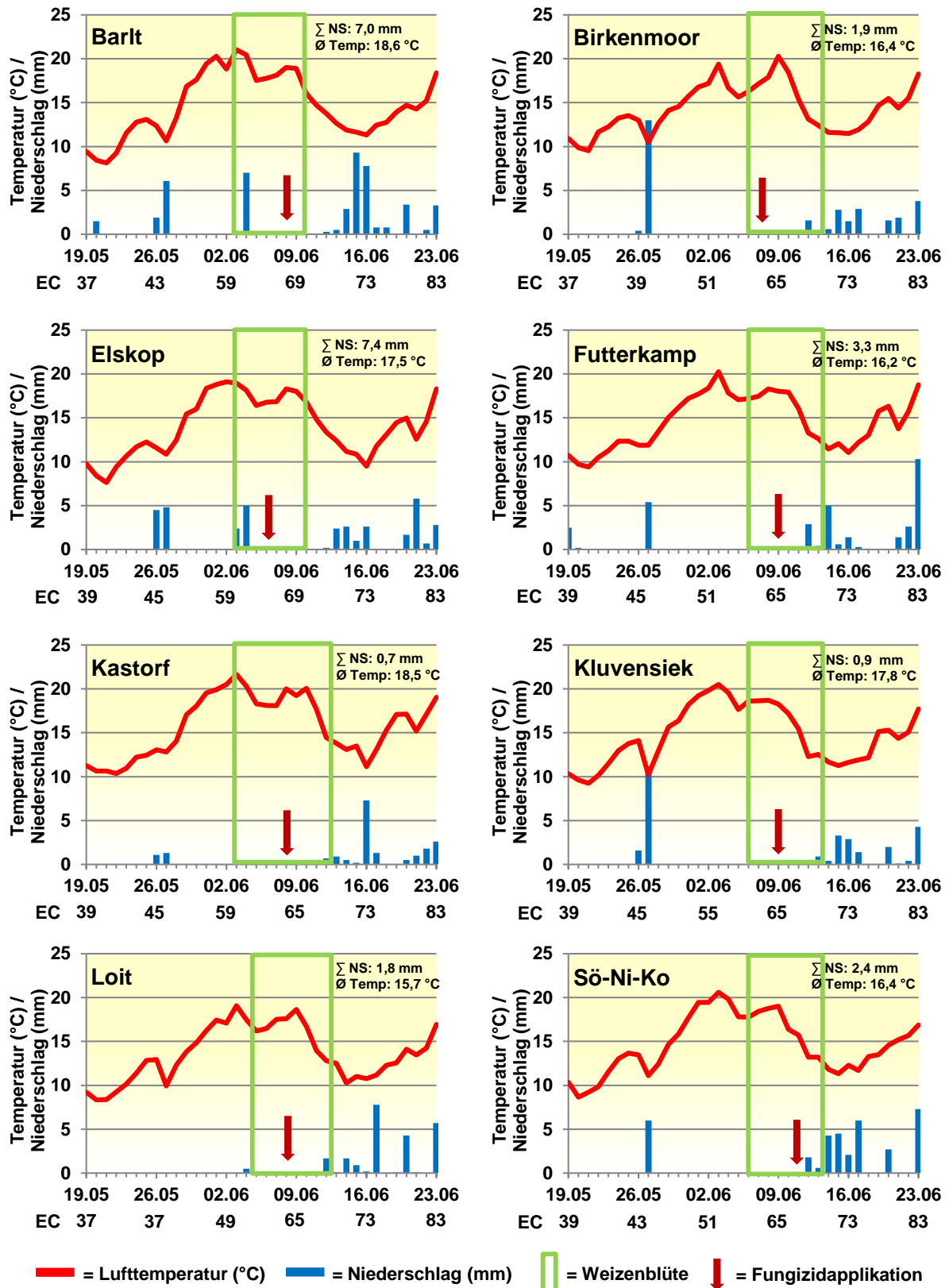


Abb. 18: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 19. Mai bis 23. Juni 2008. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog

4. Ergebnisse

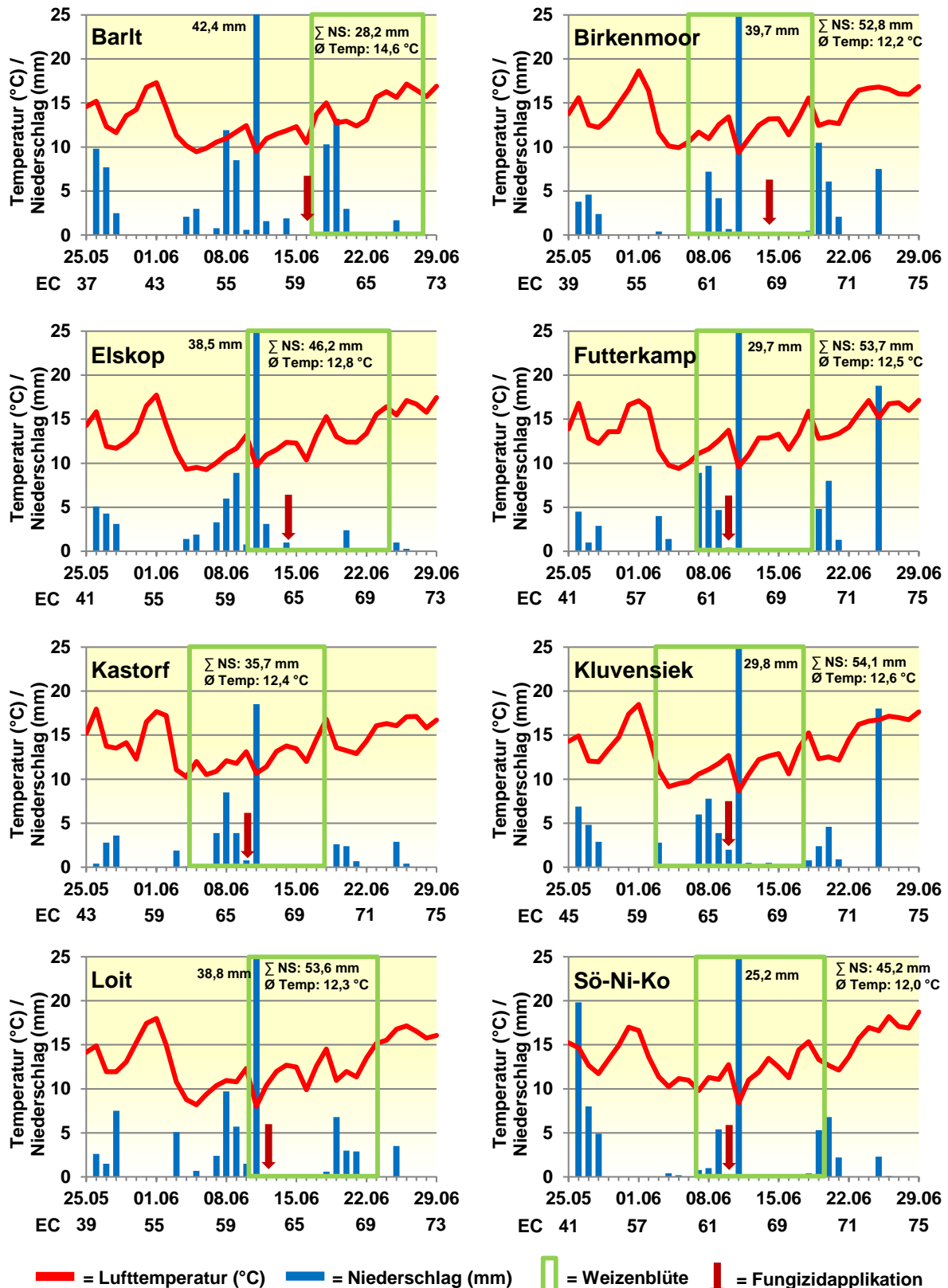


Abb. 19: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 25. Mai bis 29. Juni 2009. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog

Die in der dritten Juniwoche beginnende Winterweizenblüte des Vegetationsjahres 2010 fiel ähnlich wie 2008 in eine Periode geringer Niederschläge, wodurch eine durchschnittliche Niederschlagssumme von nur 3,9 mm erreicht wurde (Abb. 20). Standortübergreifend vollzog sich die Blüte binnen einer Woche. Lediglich an den im nördlichen Schleswig-Holstein gelegenen Standorten Kluvensiek, Loit und Sönke-Nissen-koog konnten mit 5,1; 5,8 und 9,5 mm vergleichsweise gehobene Niederschlagsmengen, die zu Beginn der Blüte aufgezeichnet wurden, erfasst werden. Die niedrigsten Regenmengen waren in Futterkamp (0,9 mm) und Kastorf (1,0 mm) festzustellen. Überregional wurde eine Durchschnittstemperatur von 14,3 °C zur Blüte erreicht.

Wie aus Abbildung 21 ersichtlich, verlief die Weizenblüte im Versuchsjahr 2011 überregional nahezu identisch zwischen dem 03. Juni und 14. Juni und dauerte neun bis elf Tage an. In diesem Zeitraum fielen standortübergreifend ergiebige Niederschläge, die im Mittel 37,9 mm betragen, wobei die gemessenen Regenmengen zwischen 23,3 und 76,1 mm lagen. Die höchsten Niederschlagsmengen zur Blüte des Winterweizens wurden an den im östlichen Hügelland liegenden Standorten Futterkamp und Kluvensiek mit 76,1 und 52,2 mm aufgezeichnet. Im Vergleich hierzu fielen an den anderen Standorten geringere Niederschlagsmengen zwischen 23,3 mm (Elskop) und 36,5 mm (Birkenmoor). An den Standorten Futterkamp, Kluvensiek, Loit und Sönke-Nissen-Koog verteilten sich die Niederschläge über den Zeitraum der Vollblüte, wohingegen diese in Barlt und Birkenmoor zu Beginn und am Standort Kastorf zum Ende der Blüte gemessen wurden. Die in Elskop erfassten Niederschläge konzentrierten sich auf den Anfang und das Ende der Blüte, zur Vollblüte fiel kein Regen. Mit 16,1 °C lagen die Durchschnittstemperaturen zur Blüte deutlich oberhalb der des ebenfalls niederschlagsreichen Versuchsjahres 2009, in dem im Vergleich lediglich 12,7 °C ermittelt wurden. Die höchsten Temperaturen wurden mit 17,3 °C am im südlichen Schleswig-Holstein gelegenen Standort Kastorf erreicht, bedingt durch die um einige Tage früher beginnende Weizenblüte zum Ende der ersten Juniwoche, in der die Temperaturen überregional ein Maximum erreichten. An den anderen Standorten variierte die mittlere Temperatur zwischen 15,6 °C (Elskop, Loit) und 16,3 °C (Futterkamp). Die Blütenapplikation mit dem Fungizid Osiris erfolgte an den Standorten Barlt, Futterkamp, Kastorf und Kluvensiek zur Vollblüte, in Barlt, Kastorf vor bzw. an den Standorten Futterkamp, Kluvensiek nach den Niederschlagsereignissen, am Standort Birkenmoor zu Beginn der Blüte zwischen den beiden erfassten Niederschlagsereignissen. Lediglich am Standort Loit wurde das Fungizid am Ende der Blüte ausgebracht. Aufgrund starker Auswinterungsschäden wurde in Elskop keine Fungizidvariante in 2011 angelegt.

4. Ergebnisse

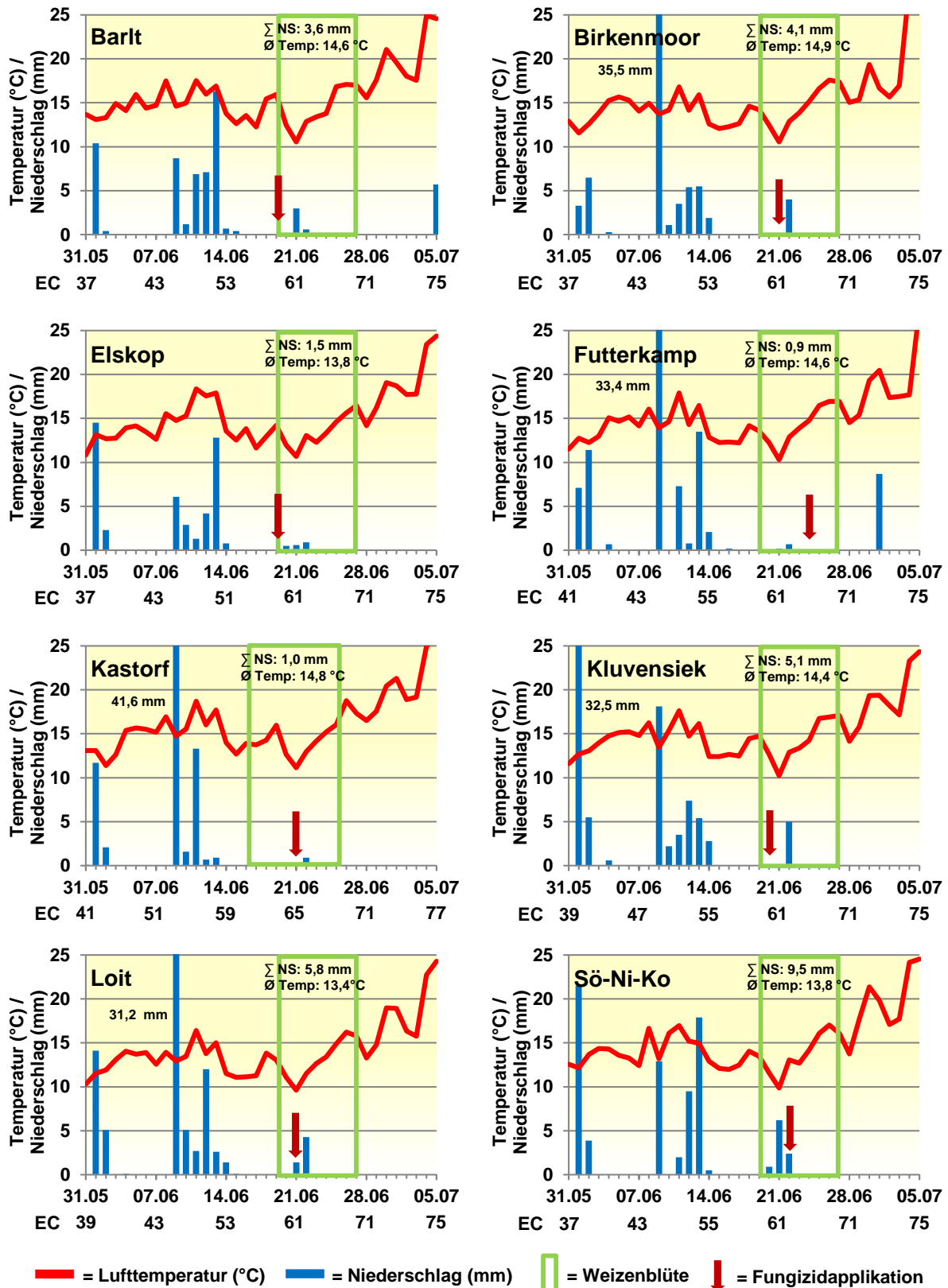


Abb. 20: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 31. Mai bis 05. Juli 2010. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (1,0 l/ha Prosaro). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog

4. Ergebnisse

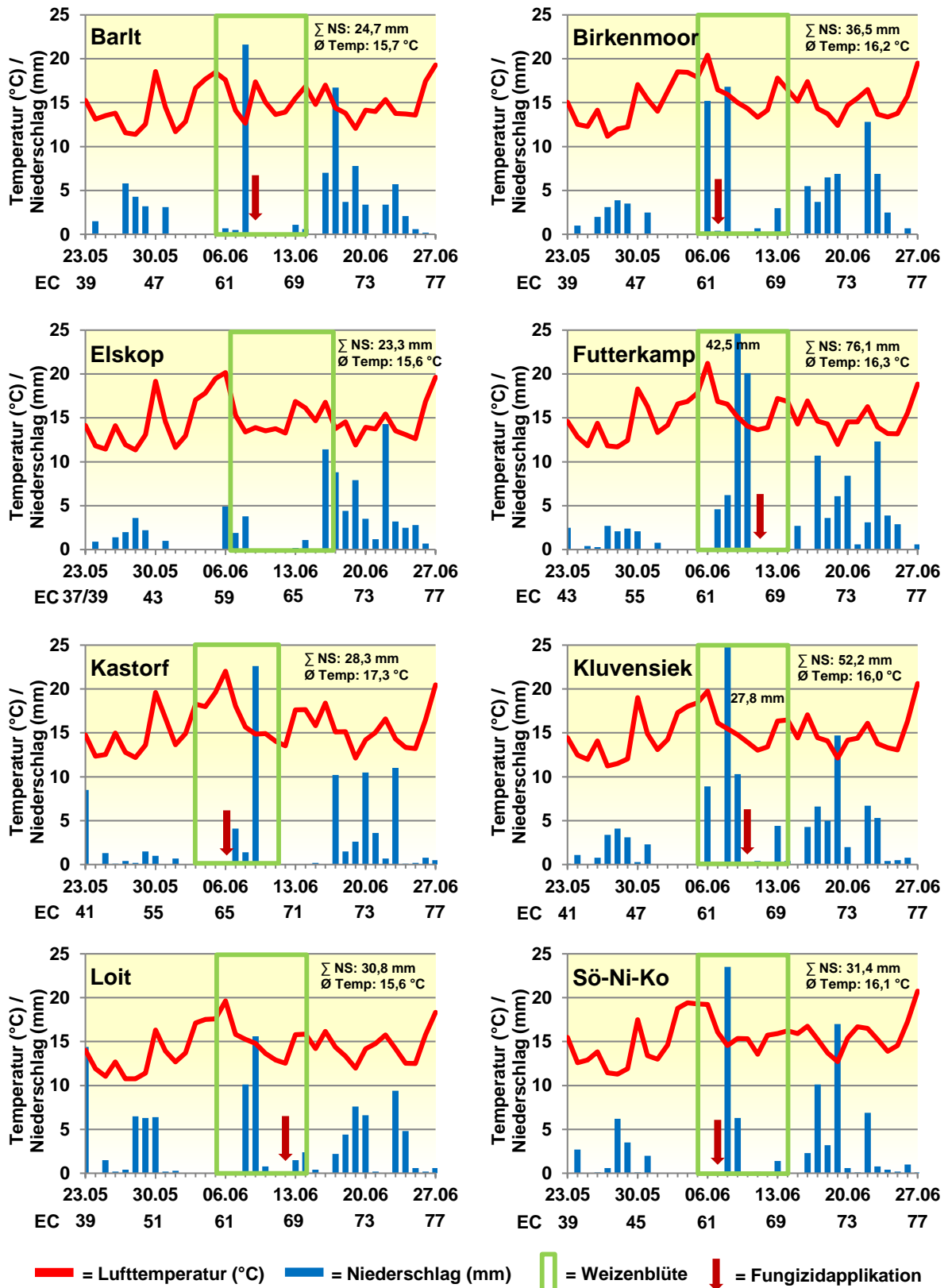


Abb. 21: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 23. Mai bis 27. Juni 2011. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (2,5 l/ha Osiris). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog

4. Ergebnisse

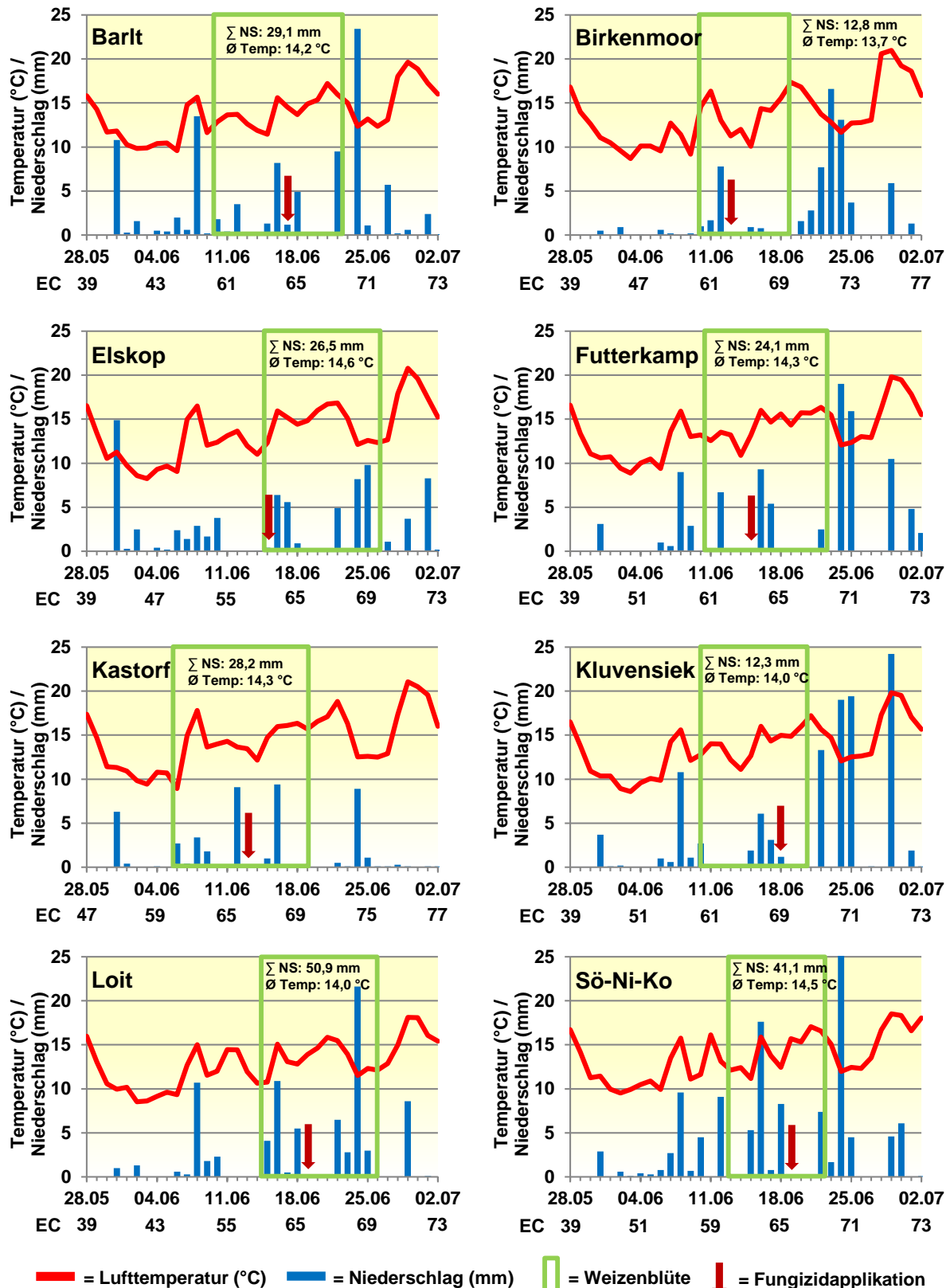


Abb. 22: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 28. Mai bis 02. Juli 2012. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Weizenblüte, rote Pfeile die Fungizidapplikationstermine (2,5 l/ha Osiris). Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-Koog

Zur Weizenblüte des Vegetationsjahres 2012 wurden überregional durchschnittlich 28,1 mm Niederschlag erfasst, wobei die gemessenen Niederschlagsmengen sich zwischen den Standorten zum Teil erheblich unterschieden (Abb. 22). Die höchsten Niederschlagssummen wurden in Loit und im Sönken-Nissen-Koog mit 50,9 und 41,1 mm aufgezeichnet. An den Standorten Barlt, Elskop, Futterkamp und Kastorf konnten zur Blüte mit 24,1 bis 29,1 mm vergleichsweise ähnliche Regenmengen gemessen werden, wohingegen an den in der Nähe von Kiel gelegenen Standorten Birkenmoor und Kluvensiek lediglich 12,8 und 12,3 mm zu erfassen waren. Hinsichtlich der Niederschlagsverteilung waren diese standortübergreifend über den Zeitraum der Blüte verteilt. Die Durchschnittstemperaturen erreichten im Blühzeitraum einen mittleren Wert von 14,2 °C, der vergleichend zum Vorjahr um 2,1 °C niedriger lag, wobei die standortspezifischen Temperaturen auf einem sehr ähnlichen Niveau zwischen 14,0 und 14,6 °C lagen. Überregional begann die Weizenblüte in der zweiten Juniwoche und erstreckte sich über einen Zeitraum von zehn Tagen. Nur im südlich gelegenen Kastorf begann die Blüte in der ersten Woche des Monats Juni, am Westküstenstandort Elskop erst in der dritten. An allen Standorten wurde das Fungizid Osiris zur Vollblüte appliziert, lediglich in Kluvensiek erfolgte dies zum Ende der Blüte.

Tabelle 23 zeigt zusammenfassend die Niederschlagssummen und Durchschnittstemperaturen während der Weizenblüte in den einzelnen Versuchsjahren 2008 bis 2012 als Mittel der jeweils acht Versuchsstandorte.

Tab. 23: Niederschlagssummen (mm) und Durchschnittstemperaturen (°C) während der Weizenblüte des Winterweizens im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Die Niederschlagssummen und Durchschnittstemperaturen der Einzeljahre sind als Mittelwert aller Standorte dargestellt

	2008	2009	2010	2011	2012
Niederschlag (mm)	3,2	46,2	3,9	37,9	28,1
Temperatur (°C)	17,1	12,7	14,3	16,1	14,2

Die Blühphasen der Jahre 2008 und 2010 verliefen überregional mit durchschnittlich 3,2 und 3,9 mm Gesamtniederschlag trocken und im Falle des Versuchsjahres 2008 mit 17,1 °C auch sehr warm. 2009 konnten durchschnittlich zwar die höchsten Niederschlagssummen erfasst werden, jedoch auch die kühlestes mittleren Temperaturen während der Weizenblüte mit 12,7 °C. Im Vegetationsjahr 2011 wurden mit 37,9 mm Niederschlag und einer Durchschnittstemperatur von 16,1 °C zur Blüte die günstigsten Bedingungen für *Fusarium*-Infektionen erfasst.

4.1.3 Witterungsverhältnisse zur Maisblüte 2011 und 2012

In den Abbildungen 23 und 24 findet das Witterungsgeschehen zur Maisblüte 2011 und 2012 Darstellung. Da mit Ausnahme des Standortes Futterkamp an den Mais-Monitoring-Standorten keine Wetterstationen installiert waren, wurden die Witterungsparameter Niederschlag und Temperatur der Stationen der den Maisstandorten nahe gelegenen IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorte genutzt (Sönke-Nissen-Koog = Cecilienkoog, Drelsdorf, Wallsbüll; Elskop = Hemdingen; Barlt = Krumstedt; Kluvensiek = Osterröfeld; Loit = Schuby, Tolk; Kastorf = Wotersen).

Zur Maisblüte 2011, die nahezu drei Wochen andauerte, fielen standortübergreifend ergiebige Niederschläge, die im Mittel 105,1 mm betrugten, wobei die gemessenen Regenmengen zwischen 90,8 und 122,7 mm lagen (Abb. 23). Die geringsten Niederschlagsmengen zur Blüte wurden in Krumstedt und Wotersen mit 93,6 und 90,8 mm erfasst, die höchsten in Osterröfeld und Tolk/Schuby mit 116,9 und 122,7 mm. Die durch die anderen Wetterstationen aufgezeichneten Niederschlagssummen lagen zwischen 102,2 und 106,4 mm. Hinsichtlich der Niederschlagsverteilung überwog überregional die Anzahl der Tage, an denen es regnete gegenüber denen, die niederschlagsfrei waren. Die Durchschnittstemperaturen zur Blühphase des Mais erreichten einen Wert von 16,7 °C. An den beiden im südlichen Schleswig-Holstein liegenden Standorten Hemdingen und Wotersen konnten die höchsten durchschnittlichen Temperaturen mit 17,1 und 17,2 °C erfasst werden. Mit 16,1 bis 16,9 °C lagen die durch die anderen agrarmeteorologischen Messstationen aufgezeichneten Temperaturen nur knapp darunter.

Die Maisblüte im Versuchsjahr 2012 war im Vergleich zum Vorjahr durch deutlich geringere Niederschlagsintensitäten geprägt (Abb. 24). Es konnte eine überregional durchschnittliche Niederschlagssumme von 24,7 mm aufgezeichnet werden, womit in 2011 eine um 80,4 mm höhere mittlere Regenmenge festgestellt wurde. In Hemdingen konnte die höchste Niederschlagsmenge zur Blüte mit 45,7 mm erfasst werden. Für die Standorte Krumstedt, Osterröfeld und Wotersen wurden mit 16,8; 18,6 und 16,0 mm die geringsten Niederschlagssummen gemessen. Die durch die anderen Wetterstationen aufgezeichneten Niederschlagssummen lagen zwischen 23,0 und 29,3 mm Gesamtniederschlag zur Blüte. Überregional waren die Niederschläge auf wenige Tage während der Blühphase verteilt. Die Temperaturen im Blühzeitraum erreichten einen mittleren Wert von 17,5 °C und lagen standortspezifisch zwischen 17,0 °C am Standort Tolk und 18,2 °C am Standort Osterröfeld.

4. Ergebnisse

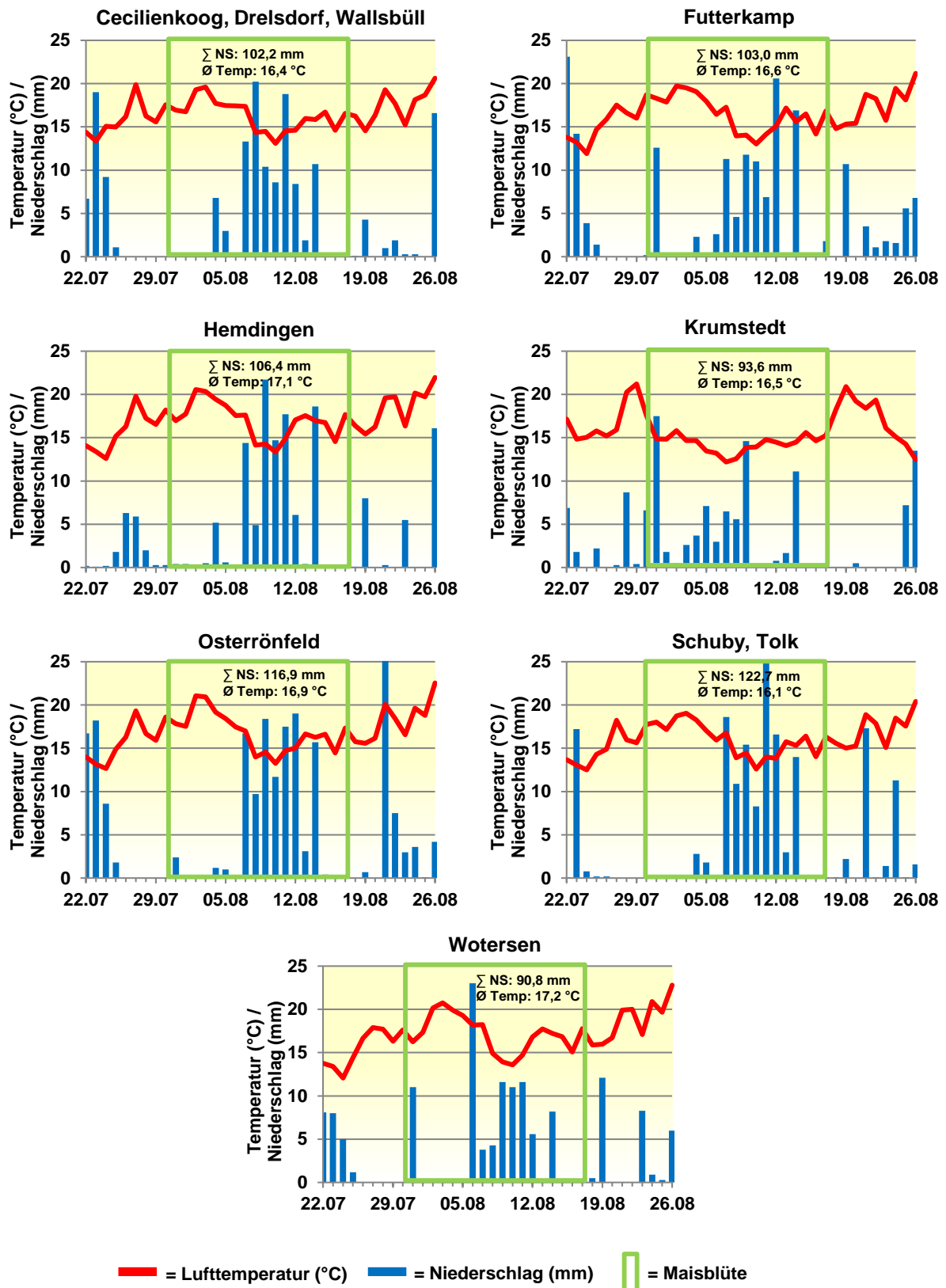


Abb. 23: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 22. Juli bis 26. August 2011. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Maisblüte

4. Ergebnisse

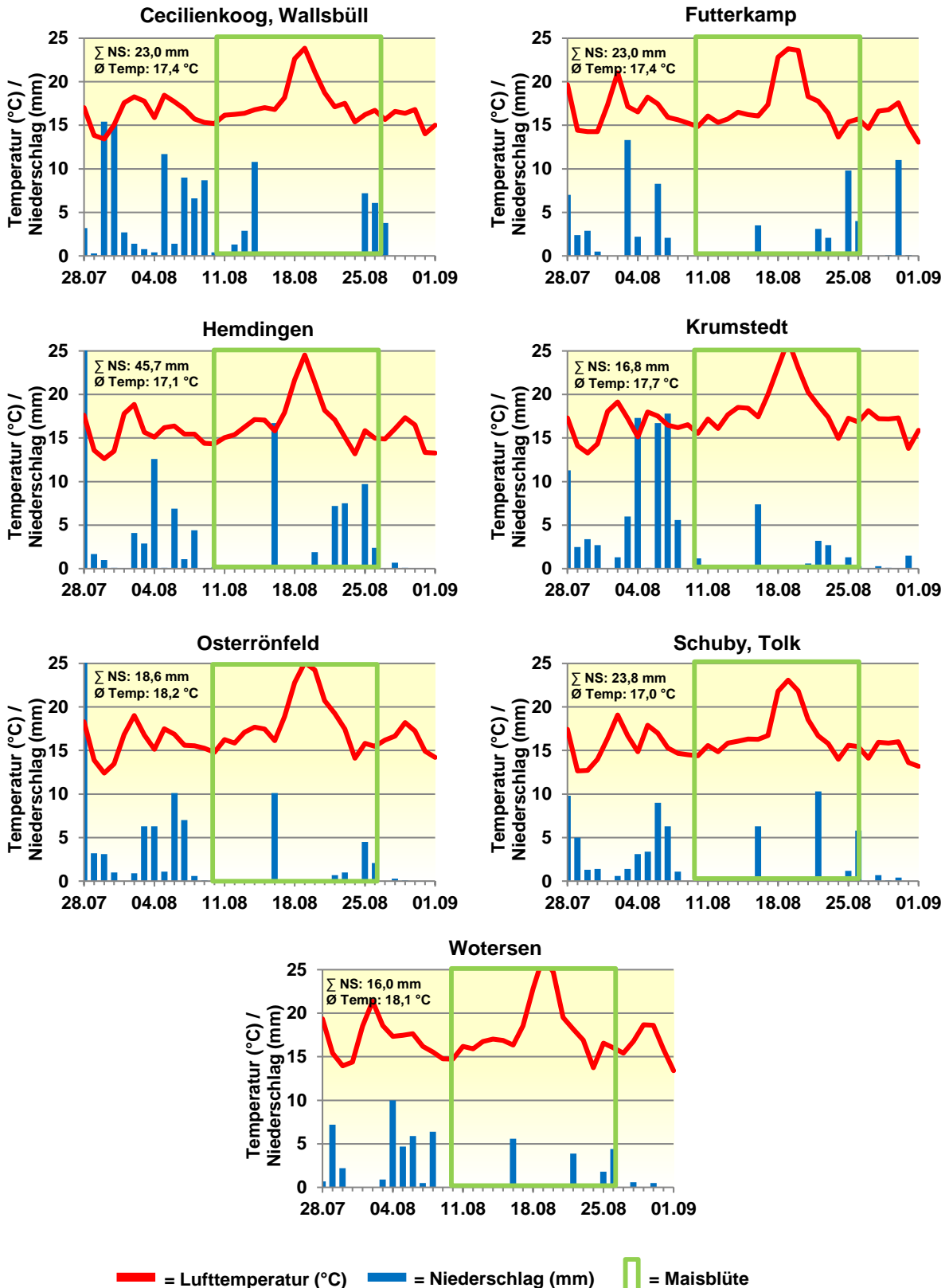


Abb. 24: Witterungsverlauf mit Temperatur (°C) und Niederschlag (mm) an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein im Vegetationsabschnitt 28. Juli bis 01. September 2012. Niederschläge sind als Tagessumme (mm), Temperaturen als Tagesmittelwert (°C) dargestellt. Grüne Rechtecke kennzeichnen den Zeitraum der Maisblüte

4.2 Ergebnisse Winterweizen

4.2.1 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Im Folgenden werden die im Rahmen des überregionalen IPS-Winterweizen-Monitorings Schleswig-Holsteins 2007/2008 bis 2011/2012 nachgewiesenen *Fusarium*-Arten sowie Mykotoxinbelastungen der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo dargestellt. Die Kornproben wurden qualitativ auf 13 verschiedene *Fusarium*-Arten untersucht. Mittels qPCR wurde eine quantitative Bestimmung der *Fusarium*-Arten, insofern diese in den Proben mittels qualitativer PCR nachgewiesen werden konnten, durchgeführt. Der qualitative und quantitative Nachweis *fusarium*spezifischer Mykotoxine erfolgte mittels LC/MS.

In Tabelle 24 findet das *Fusarium*-Artenspektrum sowie die Häufigkeit des Artenvorkommens im Winterweizen in der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo über die fünf Versuchsjahre 2008 bis 2012 Darstellung. Die Häufigkeiten des Auftretens sind als Mittel aller Standorte und Jahre abgebildet und in drei Klassen (hoch, gering - mittel, kein Auftreten) unterteilt.

Anhand der Bestimmung der Pilz-DNA mittels qualitativer und quantitativer PCR konnten im Weizenanbau Schleswig-Holsteins im Mittel aller Standorte und Jahre insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten nachgewiesen werden. In allen Versuchsjahren und an allen Standorten konnten *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens nachgewiesen werden. Die Häufigkeit des Auftretens war für die Arten *F. culmorum* und *F. tricinctum* überregional mit 95 bzw. 90 % ebenfalls sehr hoch. *F. langsethiae* zeigte mit 80 % eine hohe Häufigkeit des Auftretens in Schleswig-Holstein während *F. equiseti* mit 39 % auf einem geringeren Niveau lag und nicht in jedem Jahr nachweisbar war. Die Arten *F. sporotrichioides*, *F. oxysporum*, *F. venenatum*, *F. verticillioides*, *F. proliferatum* und *F. subglutinans* waren in keinem der fünf Versuchsjahre nachweisbar und werden im Folgenden nicht weiter betrachtet.

4. Ergebnisse

Tab. 24: *Fusarium*-Artenspektrum und Häufigkeit des Artenvorkommens im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Die Häufigkeiten sind als Mittel aller Standorte und Jahre dargestellt. Häufigkeit des Auftretens: hoch = > 50 – 100 %; gering - mittel = < 50 %; kein Auftreten = *Fusarium*-Art nicht nachgewiesen

<i>Fusarium</i> -Art	hoch	Häufigkeit des Auftretens gering - mittel	kein Auftreten
<i>F. graminearum</i>	100 %		
<i>F. culmorum</i>	95 %		
<i>F. poae</i>	100 %		
<i>F. avenaceum</i>	100 %		
<i>F. tricinctum</i>	90 %		
<i>F. langsethiae</i>	80 %		
<i>F. equiseti</i>		39 %	
<i>F. sporotrichioides</i>			0 %
<i>F. oxysporum</i>			0 %
<i>F. venenatum</i>			0 %
<i>F. verticillioides</i>			0 %
<i>F. proliferatum</i>			0 %
<i>F. subglutinans</i>			0 %

In Abbildung 25 sind die prozentualen DNA-Anteile der einzelnen *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA sowie die Befallsstärken der nachgewiesenen Arten im Winterweizen in der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo zusammenfassend für alle Versuchsjahre und Standorte dokumentiert.

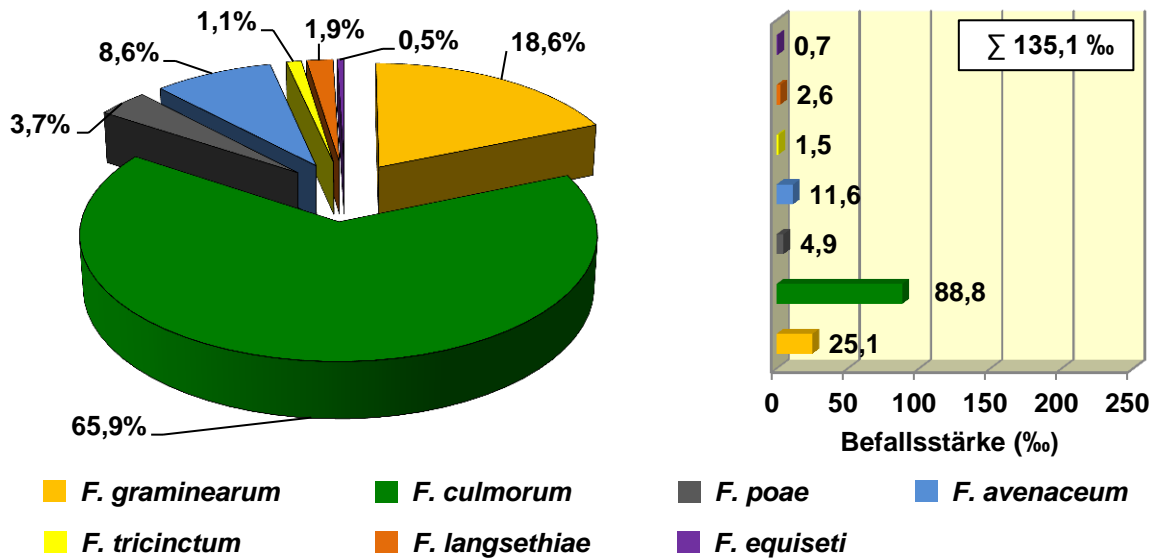


Abb. 25: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Dabei dominierten die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* mit einem Anteil von 65,9 bzw. 18,6 % deutlich das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen, wobei beide Arten insgesamt 84,5 % der Gesamt-*Fusarium*-DNA ausmachten. *F. culmorum* stellte mit einem prozentualen Anteil von 65,9 % bzw. einer Befallsstärke von 88,8 ‰ die dominierende *Fusarium*-Art im Weizenanbau Schleswig-Holsteins im Mittel der Versuchsjahre dar. Obwohl *F. avenaceum* und *F. poae* jährlich und an jedem Standort nachgewiesen werden konnten (100 % Befallshäufigkeit), waren die ermittelten Befallsintensitäten mit 11,6 und 4,9 ‰ bzw. prozentualen Anteilen an der Gesamt-*Fusarium*-DNA mit 8,6 und 3,7 % vergleichend zu *F. culmorum* und *F. graminearum* deutlich geringer. Die ebenfalls häufig detektierten Arten *F. langsethiae* und *F. tricinatum* spielten im Vergleich zur Häufigkeit ihres Auftretens (80 bzw. 90 %) mit einem DNA-Anteil von 1,9 und 1,1 % nur eine untergeordnete Rolle im Gesamt-*Fusarium*-Komplex. *F. equiseti* konnte jahresübergreifend nur sporadisch mit sehr geringen Befallsstärken detektiert werden und wies mit 0,5 % den geringsten prozentualen DNA-Anteil aller nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA auf.

Bezüglich der Einzeljahre variierte die analysierte Gesamt-*Fusarium*-DNA mitunter beträchtlich (Abb. 26). 2008 und 2010 konnte ein nur vergleichsweise schwacher *Fusarium*-Befall mit 9,5 bzw. 27,2 ‰ ermittelt werden, wohingegen 2009 und 2012 mit 186,1 bzw. 134,3 ‰ deutlich stärkere Gesamt-Befallsstärken nachweisbar waren. Im Versuchsjahr 2011 wurde der stärkste *Fusarium*-Befall mit 318,0 ‰ ermittelt werden.

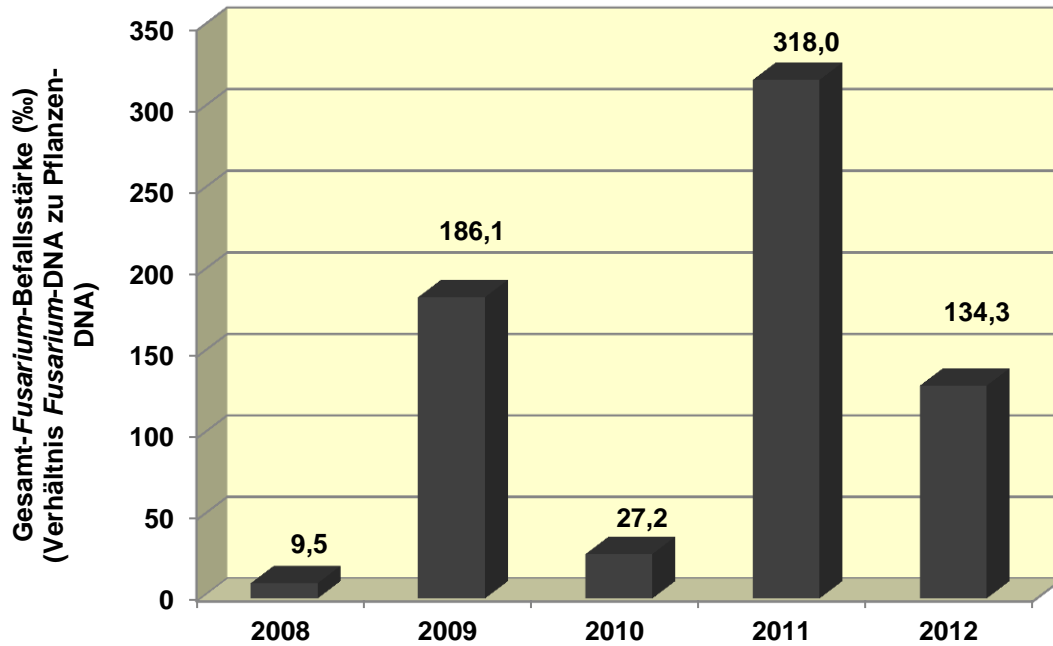


Abb. 26: Aufsummierte Gesamt-Befallsstärken aller nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

In allen fünf Versuchsjahren wurden die B-Trichothecene DON und NIV sowie das Mykotoxin ZEA in den Winterweizenerntekornproben der fungizidunbehandelten Kontrolle nachgewiesen. A-Trichothecene wie T2, HT2, DAS und NEO sowie das B-Trichothecen Fus X konnten standort- und jahresübergreifend nicht detektiert werden. DON wurde mit einem mittleren Wert von 815 µg/kg quantitativ am stärksten nachgewiesen. Die Belastungen mit ZEA und NIV lagen mit 158 bzw. 95 µg/kg deutlich, um das fünf- bzw. sechsfache, geringer vor.

Bezüglich der Mykotoxinbelastung des Ernteguts mit DON, NIV und ZEA traten vergleichend zur Gesamt-*Fusarium*-DNA ebenso jahresspezifische Unterschiede auf. Abbildung 27 dokumentiert die für die Einzeljahre 2008 bis 2012 (Mittel aller Standorte) ermittelten DON- und ZEA-Gehalte im Erntegut des Winterweizens sowie die Häufigkeit der Überschreitung der Mykotoxinhöchstmengen für unverarbeitetes Getreide. Da lediglich für DON und ZEA Grenzwerte bzw. Höchstgehalte für Getreide existent sind, wurde auf eine Darstellung von NIV verzichtet.

Die höchsten Mykotoxinwerte wurden in der Weizenkultur in 2011 analysiert, wobei im Mittel 2126 µg DON/kg und 518 µg ZEA/kg in den Kornproben nachgewiesen wurden, womit der Höchstmengenwert für DON von 1250 µg/kg an sechs von sieben Standorten, der Grenzwert für ZEA von 100 µg/kg an allen Standorten deutlich um das durchschnittlich fünffache überschritten wurde. In 2009 und 2012 konnten erhöhte bzw. mittlere Belastungen von durchschnittlich 1050 bzw. 807 µg DON/kg und 158 bzw. 108 µg ZEA/kg nachgewiesen

werden. Eine Überschreitung des Höchstmengenwertes wurde für DON in 2009 zweimal, in 2012 einmal festgestellt, während dies für ZEA in 2009 an allen und 2012 an der Hälfte der Standorte der Fall war. 2008 und 2010 stellten vergleichend befallsschwächere Jahre mit geringen DON- und ZEA-Belastungen dar. In beiden Jahren wurde der Höchstmengenwert für DON nicht erreicht, für ZEA lediglich einmal in 2010 überschritten.

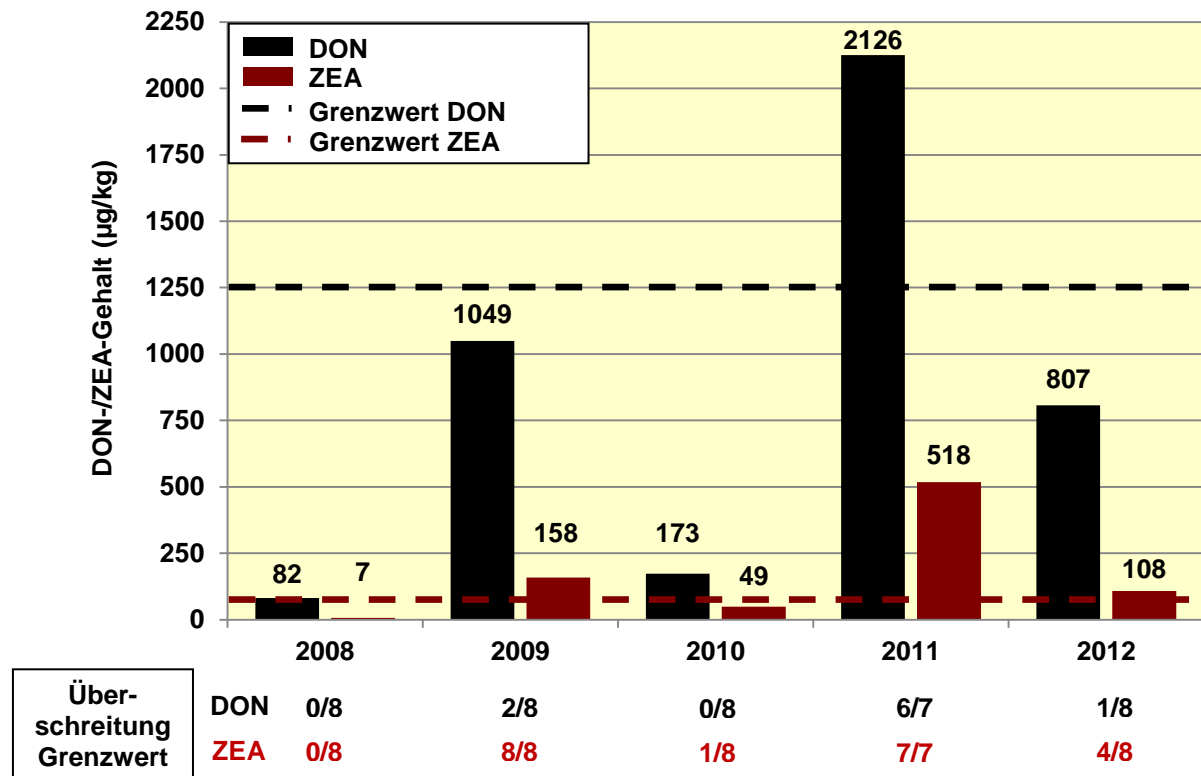


Abb. 27: DON- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie Anzahl der Grenzwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Obwohl ZEA im Vergleich zum DON insgesamt in geringeren Mengen nachgewiesen werden konnte, wurde der durch die EG-Verordnung Nr. 1126/2007 festgesetzte ZEA-Höchstgehalt von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide im Mittel der Jahre häufiger überschritten als der Höchstgehalt für DON von 1250 µg/kg. Eine Überschreitung des ZEA-Grenzwertes wurde an 51 % (20 von 39) der Standorte ermittelt, wohingegen der DON-Grenzwert an 23 % (9 von 39) der Standorte überschritten wurde.

Nachfolgend werden die im Erntegut des Winterweizens in den Einzeljahren 2008 bis 2012 qualitativ und quantitativ bestimmten *Fusarium*-Arten sowie die Mykotoxinkontamination betrachtet.

4.2.1.1 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008

In 2008 war der Befall des Winterweizens mit *Fusarium*-Arten vergleichend zum Mittel der fünf Versuchsjahre auf einem sehr geringen Niveau, was durch die Gesamtbefallsstärke von 9,5 ‰ vergleichend zur mittleren Befallsstärke von 135,1 ‰ der fünf Versuchsjahre dokumentiert wird (Abb. 28).

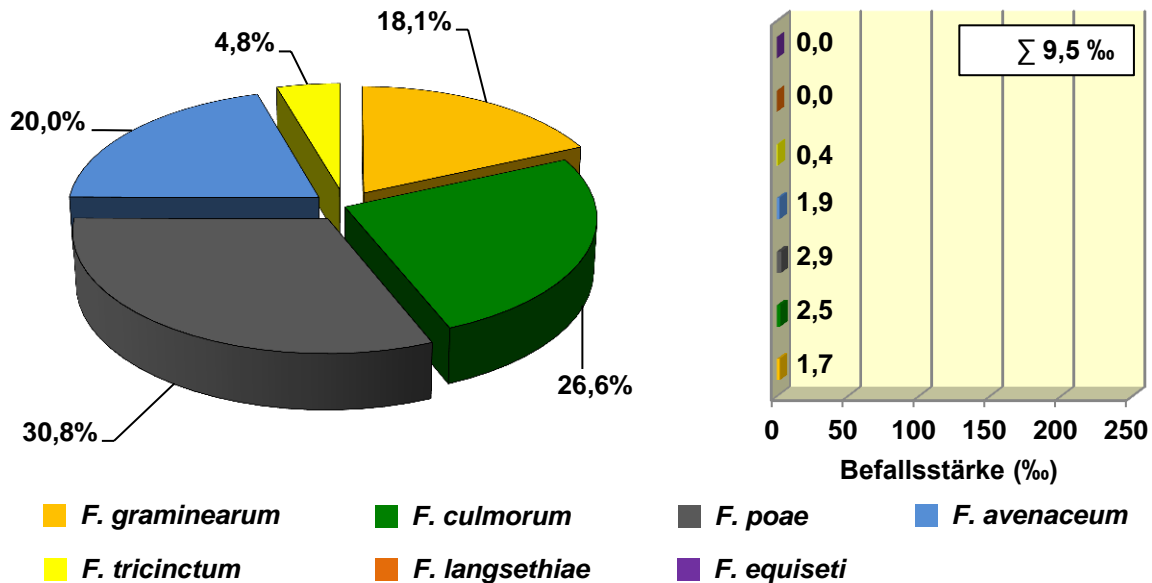


Abb. 28: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008

Insgesamt konnten 2008 mit *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. tricinctum* fünf *Fusarium*-Arten im Winterweizen nachgewiesen werden, wobei die Befallsstärken von *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae* und *F. avenaceum* mit 1,7; 2,5; 2,9 und 1,9 ‰ auf einem ähnlich geringen Niveau lagen. Ein Befall der Körner mit *F. langsethiae* und *F. equiseti* konnte nicht festgestellt werden.

Die über die fünf Versuchsjahre dominierende Art *F. culmorum* konnte an sechs von acht Standorten (ausgenommen Kastorf und Klüvensiek) analysiert werden, während *F. avenaceum*, *F. graminearum* und *F. poae* an allen Standorten nachweisbar waren (Abb. 29; Anhangtab. 1). Wie zuvor dargestellt, lagen die durchschnittlichen Befallsstärken auf einem ähnlichen Niveau. *F. tricinctum* (nicht dargestellt) trat lediglich an vier Standorten (Barlt, Elskop, Birkenmoor und Sönke-Nissen-Koog; Anhangtab. 1) mit einer maximalen Befallsstärke von 1,6 ‰ auf. In diesem insgesamt befallsschwachen Jahr erlangten die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* an den Standorten

4. Ergebnisse

Barlt und Elskop vergleichsweise gehobene Bedeutung mit Befallsintensitäten von 12,2 und 2,7 ‰ für *F. culmorum* bzw. 2,9 und 4,4 ‰ für *F. graminearum*. Für *F. poae* wurden lediglich an den Standorten Elskop und Sönke-Nissen-Koog erhöhte DNA-Mengen von 6,9 bzw. 6,6 ‰ festgestellt. Die Befallsintensität von *F. avenaceum* war standortübergreifend mit 0,9 bis 3,0 ‰ als gering einzustufen.

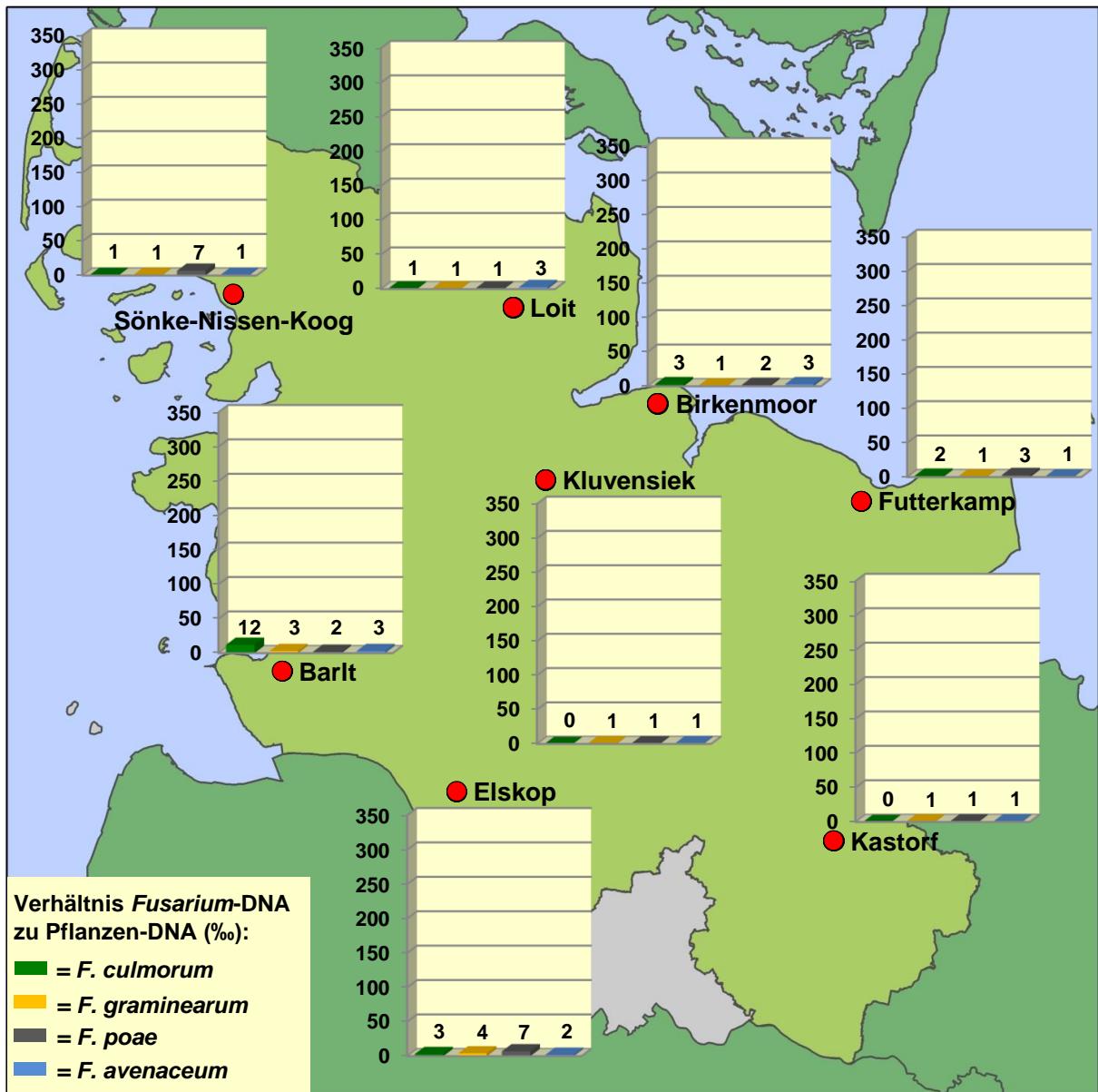


Abb. 29: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008

Hinsichtlich der Mykotoxinbelastung konnten im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrollvariante die Mykotoxine DON, NIV und ZEA nachgewiesen werden (Abb. 30). Entsprechend der niedrigen Befallsintensitäten der DON-bildenden Arten

4. Ergebnisse

F. culmorum und *F. graminearum* betrug die DON-Kontamination im Mittel der Standorte lediglich 82 µg/kg, wobei die Belastung zwischen 0 (Kastorf) und 292 µg/kg (Barlt) variierte. Vergleichsweise erhöhte DON-Kontaminationen konnten an den beiden Westküstenstandorten Barlt und Elskop mit 292 und 171 µg/kg festgestellt werden, wobei der gesetzlich festgelegte Höchstmengenwert von 1250 µg/kg wie an allen anderen Standorten deutlich unterschritten wurde.

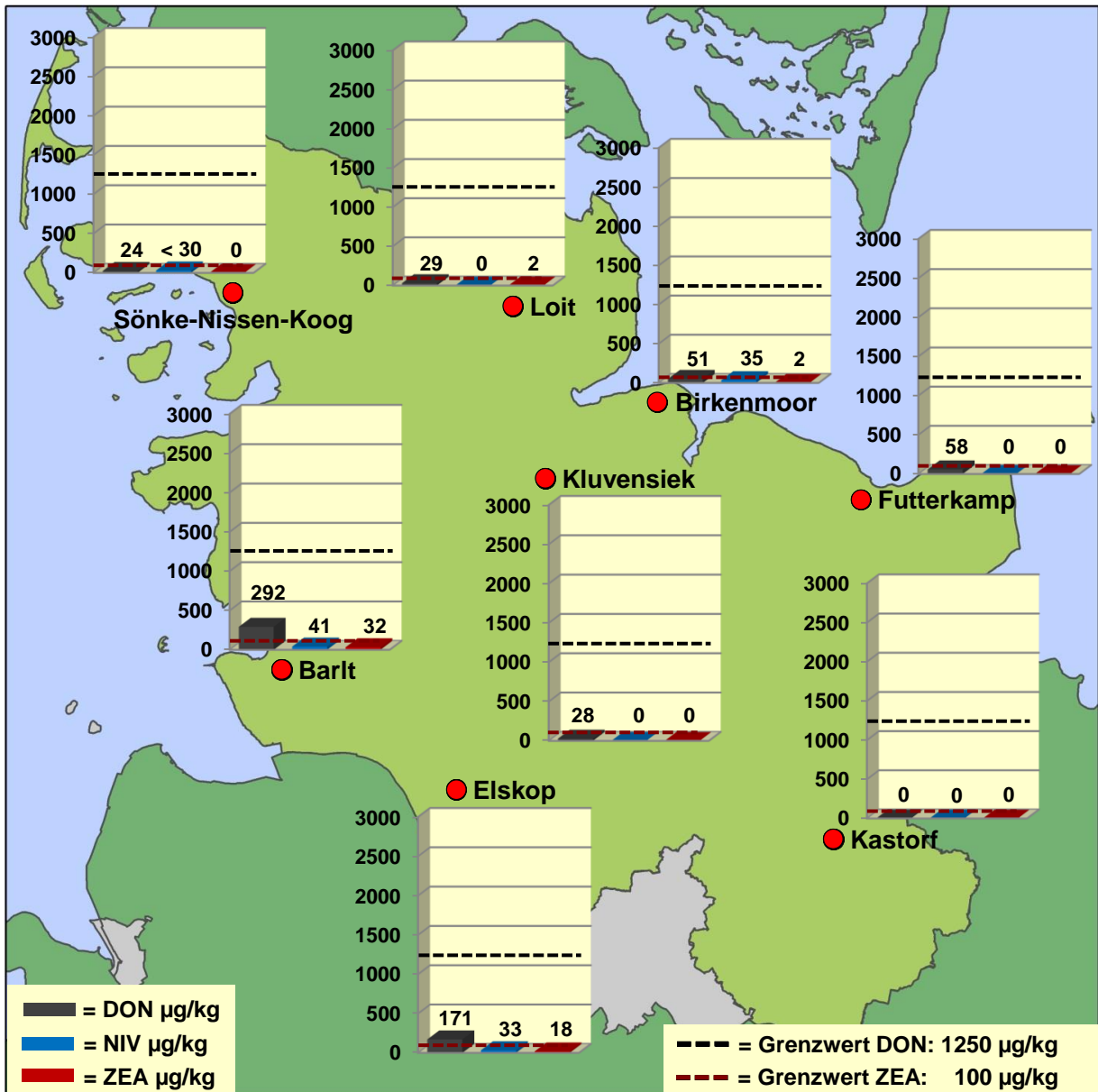


Abb. 30: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2008

Vergleichend zum DON wurden die höchsten ZEA-Belastungen, die überregional nur bei 7 µg/kg lagen, ebenfalls an den Standorten Barlt und Elskop mit 32 bzw. 18 µg/kg nachgewiesen. Lediglich in Birkenmoor und Loit konnten noch sehr geringe ZEA-Mengen

von 2 µg/kg festgestellt werden, während an den Standorten Futterkamp, Kastorf, Klüvensiek und Loit kein ZEA detektierbar war. Der gesetzliche ZEA-Grenzwert von 100 µg/kg wurde somit an keinem Standort überschritten. Das ebenfalls von den *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* gebildete NIV konnte lediglich an den vier Standorten Barlt, Birkenmoor, Elskop und Sönke-Nissen-Koog mit Maximalwerten von 41 µg/kg analysiert werden. Einzig am Standort Kastorf war keines der drei Mykotoxine nachweisbar.

4.2.1.2 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2009

Im Vergleich zum Vorjahr konnten in 2009 deutlich stärkere Befallswerte (Verhältnis *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA) des Winterweizens mit *Fusarium*-Arten von überregional insgesamt 186,1 ‰ ermittelt werden (Abb. 31).

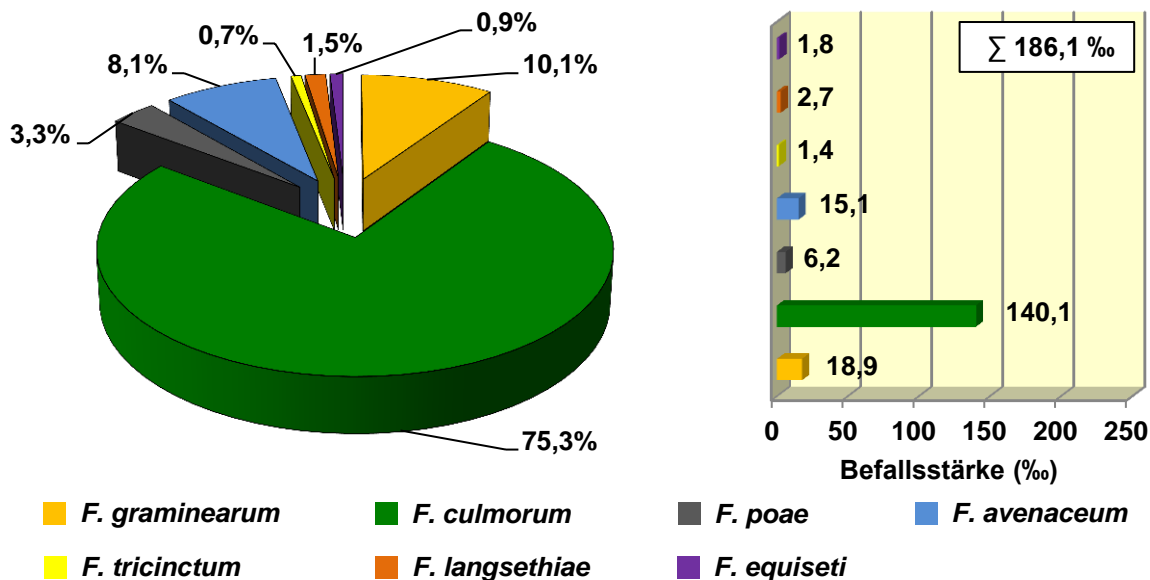


Abb. 31: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009

Es wurden mit *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten nachgewiesen, wobei jede Art mit einer Befallshäufigkeit von 100 %, also an jedem Standort, auftrat (Anhangtab. 2). *F. culmorum* stellte mit einem prozentualen DNA-Anteil von 75,3 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA bzw. einer Befallsintensität von 140,1 ‰ die dominierende *Fusarium*-Art dar, während die zweite DON- und ZEA-produzierende Art *F. graminearum* mit einer Befallsstärke von 18,9 ‰ und einem DNA-Anteil am Gesamt-*Fusarium*-Komplex von

10,1 % deutlich schwächer als *F. culmorum* auftrat. Dennoch stellte *F. graminearum* quantitativ die zweithäufigste *Fusarium*-Art aller nachgewiesenen Arten dar. Neben den beiden zuvor genannten Arten erlangten noch *F. avenaceum* und *F. poae* mit prozentualen DNA-Anteilen von 8,1 und 3,3 % größere Bedeutung. Auch wenn *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* jeweils mit einer Befallshäufigkeit von 100 % auftraten (Anhangtab. 2), war die Bedeutung dieser Arten im Gesamt-*Fusarium*-Komplex mit prozentualen DNA-Anteilen an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 0,7; 1,5 und 0,9 %, gesamt 3,1 %, verglichen mit den zuvor genannten Arten, vor allem zu *F. culmorum*, als sehr gering einzustufen.

Im Rahmen des nachgewiesenen *Fusarium*-Artenspektrums stellte *F. culmorum* die dominierende Art an jedem der acht Monitoring-Standorte in Schleswig-Holstein dar, was an den überregional meist hohen Befallsstärken zu erkennen ist (Abb. 32). Das Epidemieniveau (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA) variierte standortspezifisch mit Werten von 67,9 bis 225,0 ‰ mitunter beträchtlich. Die höchsten Befallsintensitäten von *F. culmorum* konnten an den im östlichen Hügelland gelegenen Standorten Futterkamp und Kluvensiek mit 219,0 und 225,0 ‰ dokumentiert werden. Im Verhältnis zu den zuvor genannten Standorten konnten in Birkenmoor, Elskop, Kastorf und im Sönke-Nissen-Koog um die Hälfte geringere Befallswerte von 104,7 bis 127,9 ‰ ermittelt werden. Ein vergleichsweise geringer Wert wurde mit 67,9 ‰ am Standort Barlt nachgewiesen. *F. graminearum* stellte an allen Standorten die zweitwichtigste Art mit Befallsintensitäten von 10,0 bis 26,3 ‰ dar, wobei jedoch die Befallswerte um das sechs- bis zehnfache unterhalb der Befallsstärke von *F. culmorum* lagen. Die höchsten Befallswerte von *F. graminearum* waren mit 26,0 und 26,3 ‰ an den Standorten Kluvensiek und Loit nachweisbar, die geringsten mit 10,0 ‰ am Standort Barlt. Standortübergreifend lag *F. avenaceum* mit Befallsintensitäten von 10,4 bis 19,8 ‰ auf einem ähnlichen Niveau wie *F. graminearum* und erreichte mitunter ähnliche bzw. gleiche Befallsstärken. *F. poae* stellte an allen Standorten die viertwichtigste Art dar (2,3 bis 11,9 ‰). Für *F. langsethiae* konnten Befallswerte von 1,1 bis 4,3 ‰ ermittelt werden, *F. tricinctum* und *F. equiseti* spielten mit 0,3 bis 3,0 ‰ bzw. 0,7 bis 3 ‰ ebenfalls nur eine untergeordnete Rolle im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen (Anhangtab. 2).

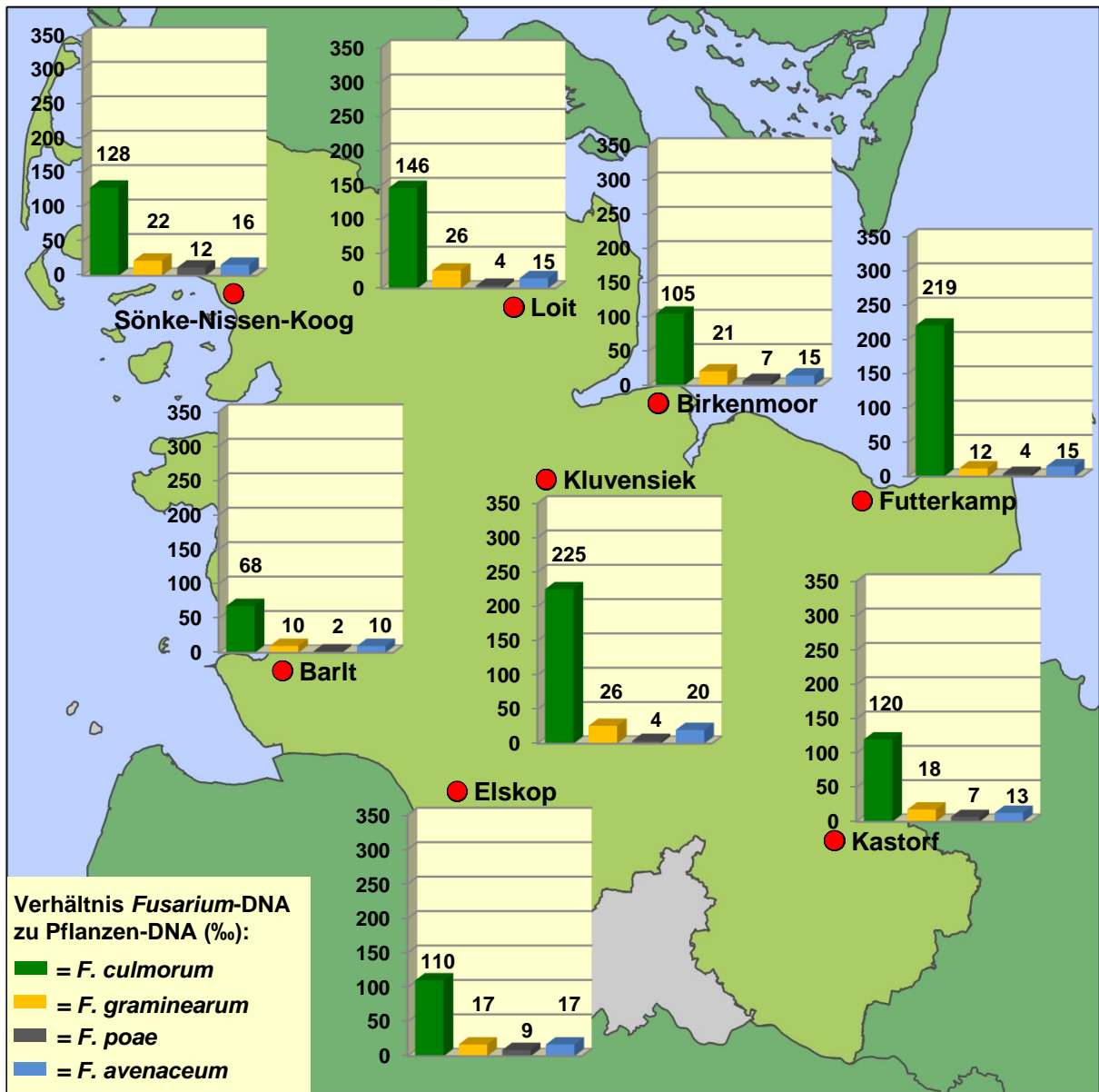


Abb. 32: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in %) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2009

In 2009 konnten entsprechend der erhöhten *Fusarium*-Befallsintensitäten ebenfalls erhöhte Mykotoxinkontaminationen mit DON, NIV und ZEA festgestellt werden (Abb. 33). Im Mittel aller Standorte konnten 1049 µg DON/kg, 158 µg ZEA/kg und 65 µg NIV/kg analysiert werden. Die höchsten DON-Belastungen wurden mit 1330 bzw. 1752 µg/kg an den Standorten Futterkamp und KlUVensiek, an denen ebenfalls die höchsten aufsummierten Befallsintensitäten der beiden DON-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* nachgewiesen wurden, detektiert. Einzig an diesen beiden Standorten wurde der Höchstmengenwert von 1250 µg/kg für unverarbeitetes Getreide in der fungizidunbehandelten Kontrolle überschritten, am Standort Kastorf mit 1051 µg/kg knapp

4. Ergebnisse

unterschritten. An den anderen fünf Standorten, einschließlich der drei Westküstenstandorte, lagen die DON-Belastungen mit 741 bis 941 $\mu\text{g}/\text{kg}$ mitunter deutlich unter denen der zuvor genannten Standorte.

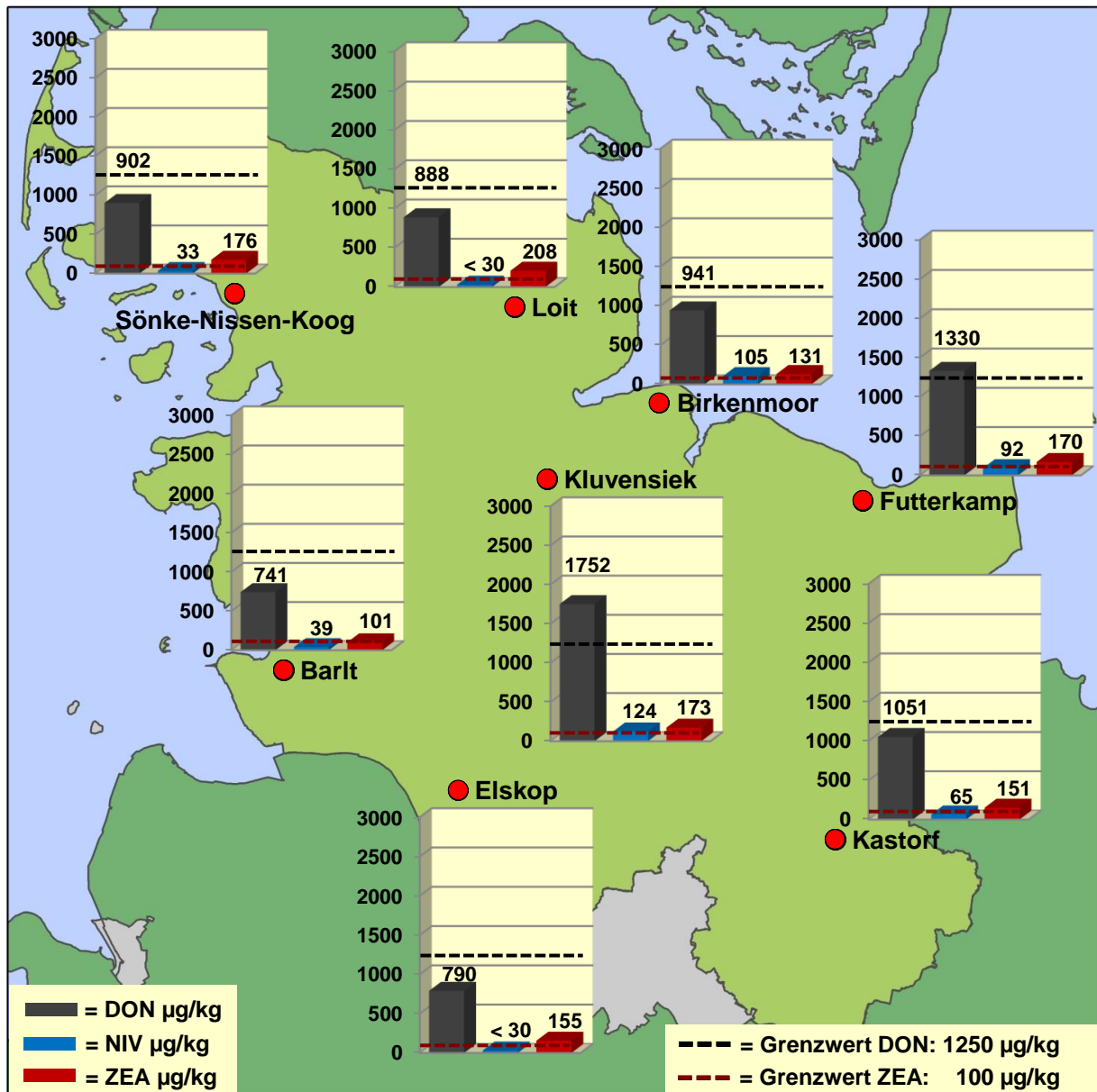


Abb. 33: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2009

Bezüglich der ZEA-Belastung war eine zum Teil erhebliche Überschreitung des Grenzwertes für unverarbeitetes Getreide von 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$ an allen Standorten mit Werten von 101 bis 208 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (Mittel: 158 $\mu\text{g}/\text{kg}$) feststellbar. Die stärkste ZEA-Kontamination war dabei am Standort Loit mit 208 $\mu\text{g}/\text{kg}$ zu finden, gefolgt von Futterkamp, Klvensiek sowie Sönke-Nissen-Koog, die mit 170 bis 176 $\mu\text{g}/\text{kg}$ ein sehr ähnliches Niveau erreichten. Mit einer ZEA-Belastung von 101 $\mu\text{g}/\text{kg}$ am Standort Barlt wurde der ZEA-Höchstmengeknapp

überschritten. Von den drei nachgewiesenen Mykotoxinen wurde NIV überregional in den geringsten Mengen mit durchschnittlich 65 µg/kg analysiert. Die höchsten NIV-Belastungen konnten in Birkenmoor, Futterkamp und Klüvensiek mit 105, 92 und 124 µg/kg festgestellt werden. An den Standorten Elskop und Loit war NIV in den Kornproben nachweisbar, lag aber unterhalb der Quantifizierungsgrenze von 30 µg/kg.

4.2.1.3 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2010

Ähnlich dem Versuchsjahr 2008 stellte 2010 im Winterweizen Schleswig-Holsteins ein vergleichsweise befallsschwaches *Fusarium*-Jahr dar, was durch die Gesamt-*Fusarium*-Befallsstärke von 27,2 ‰ im Vergleich zum Mittel der fünf Versuchsjahre (135,1 ‰) dokumentiert wird (Abb. 34).

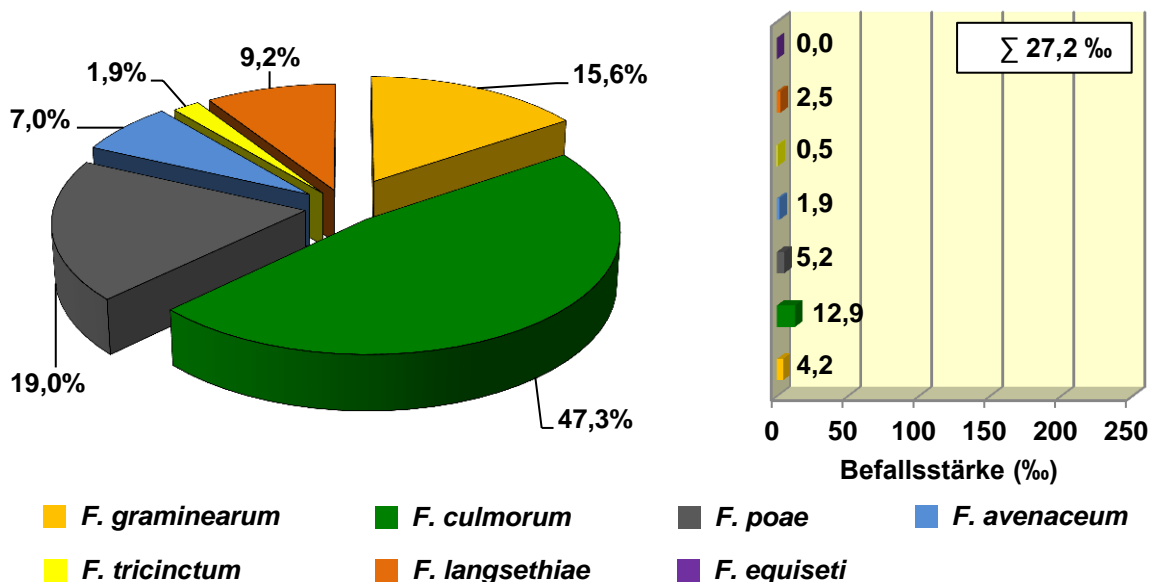


Abb. 34: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010

Das *Fusarium*-Artenspektrum setzte sich hierbei aus den sechs Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* zusammen. Jede der sechs Arten war an allen IPS-Monitoring-Standorten vorzufinden, womit alle Arten mit einer Befallshäufigkeit von 100 % auftraten (Anhangtab. 3). Anteilig an der Gesamt-*Fusarium*-DNA war *F. culmorum* mit 47,3 % am stärksten vertreten, gefolgt von *F. graminearum* und *F. poae* mit 15,6 bzw. 19,0 %. *F. avenaceum* und *F. langsethiae* konnten mit 7,0 bzw. 9,2 %, *F. tricinctum* lediglich mit einem prozentualen Anteil von

1,9 % diagnostiziert werden. Verglichen mit dem Versuchsjahr 2009 lagen die durchschnittlichen Befallsstärken, ausgedrückt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA, auf einem überwiegend geringen Niveau. Zwar dominierte *F. culmorum* das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen, blieb aber mit 12,9 ‰ deutlich unter dem Mittel der fünf Versuchsjahre bzw. dem Vorjahr zurück, was ebenfalls für *F. graminearum* (4,2 ‰) und *F. avenaceum* (1,9 ‰) gilt. *F. poae* und *F. langsethiae* erreichten mit 5,2 bzw. 2,5 ‰ eine ähnliche Befallsintensität wie 2009 bzw. dem Mittel der Jahre. *F. equiseti* konnte in den Kornproben der fungizidunbehandelten Kontrolle nicht nachgewiesen werden.

Bezüglich des standortspezifischen Befallsgeschehens erreichten die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* an den im nördlichen Schleswig-Holstein gelegenen Standorten Birkenmoor, Klüvensiek, Loit und vor allem Sönke-Nissen-Koog eine für dieses Versuchsjahr größere Bedeutung vergleichend zu den anderen vier Standorten (Abb. 35). Ausgenommen der Standorte Elskop und Kastorf stellte *F. culmorum* an allen restlichen Standorten die dominierende Art innerhalb des nachgewiesenen *Fusarium*-Artenspektrums mit Befallsintensitäten von 7,2 ‰ am Standort Barlt bis 30,9 ‰ am Standort Sönke-Nissen-Koog dar. Nach *F. culmorum* waren *F. poae* und *F. graminearum* die beiden *Fusarium*-Arten mit gehobener Relevanz im Gesamt-*Fusarium*-Komplex. Die Befallswerte für *F. graminearum* lagen in einem Bereich von 1,9 ‰ (Kastorf) bis 6,5 ‰ (Loit), während für *F. poae* Befallsintensitäten zwischen 2,0 ‰ (Loit) und 10,8 ‰ (Sönke-Nissen-Koog) ermittelt wurden. An den Standorten Elskop und Kastorf, an denen die geringsten Befallsstärken für *F. culmorum* und *F. graminearum* diagnostiziert werden konnten, stellte *F. poae* mit 5,2 bzw. 8,6 ‰ die dominierende *Fusarium*-Art dar. *F. avenaceum* konnte zwar an jedem Standort nachgewiesen werden, erreichte lediglich Befallswerte zwischen 1,2 ‰ (Elskop) und 2,7 ‰ (Loit, Sönke-Nissen-Koog). *F. langsethiae* war überregional latent vorhanden und erlangte Befallsstärken zwischen 1,2 und 7,1 ‰, wohingegen für *F. tricinctum* die geringsten Befallsintensitäten von 0,2 bis 2,0 ‰ analysiert wurden (Anhangtab. 3).

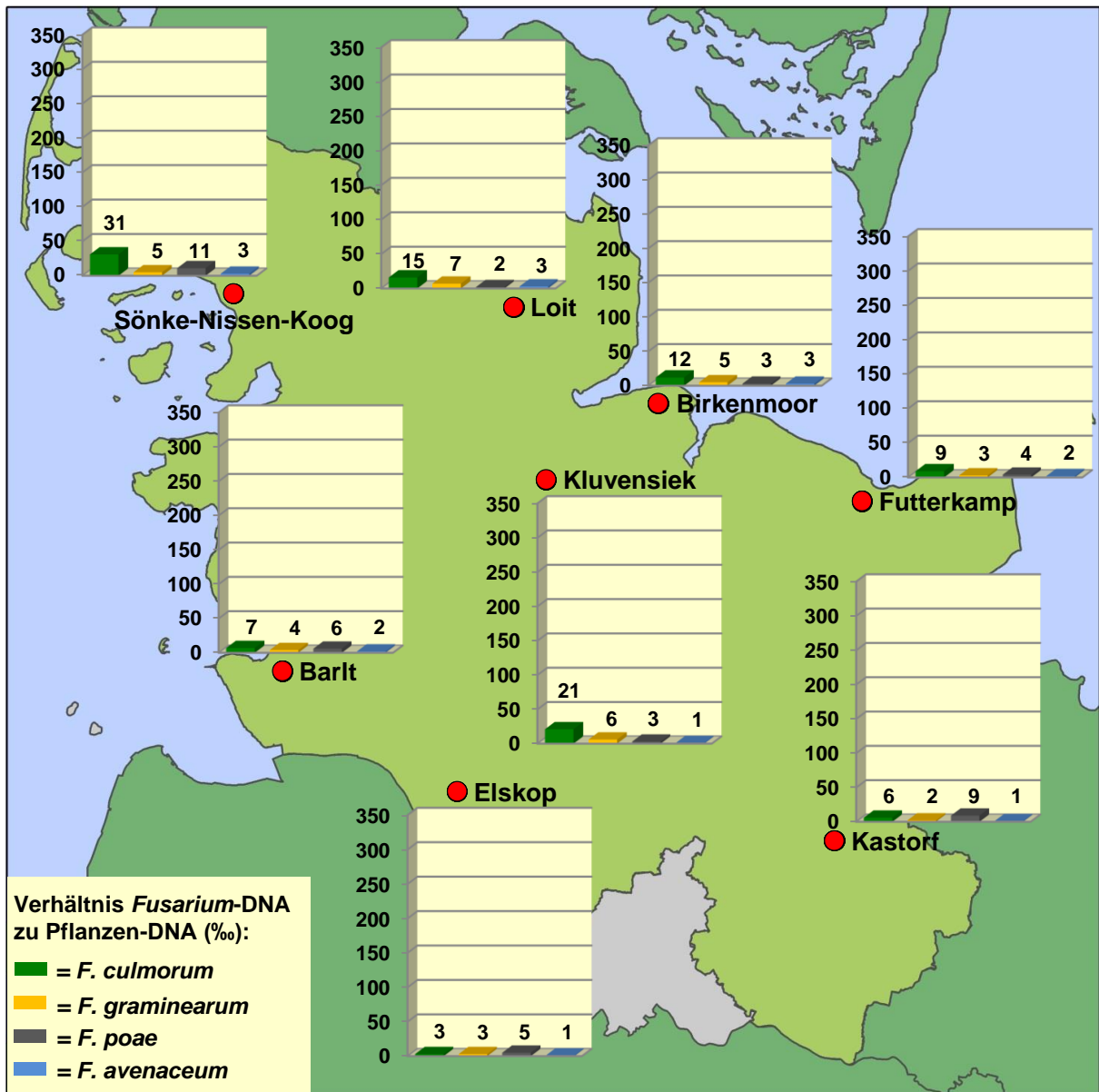


Abb. 35: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in %) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2010

Ähnlich dem Versuchsjahr 2008 konnten in 2010 vergleichend zum Mittel der Jahre 2008 bis 2012 geringe Belastungen für DON, NIV und ZEA ermittelt werden, wobei DON und ZEA an allen Standorten feststellbar waren (Abb. 36). Die DON-Belastung des Ernteguts lag durchschnittlich bei 173 µg/kg, wobei die Kontamination in einem Bereich von 56 bis 362 µg/kg variierte. Die für dieses Jahr höchsten DON-Gehalte wurden an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog mit 309 bzw. 362 µg/kg sowie Birkenmoor und Kluvensiek mit 175 bzw. 219 µg/kg diagnostiziert, an denen die vergleichsweise stärkste Befallsintensitäten mit den DON-synthetisierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* nachweisbar waren. An den anderen Standorten waren die DON-Belastungen mit 56 bis 103 µg/kg zum Teil

4. Ergebnisse

erheblich geringer. Die festgestellten DON-Kontaminationen aller Standorte lagen dabei deutlich unterhalb des gesetzlich festgelegten Höchstmengenwerts von 1250 $\mu\text{g}/\text{kg}$ für unverarbeitetes Getreide. Die ZEA-Gehalte variierten zwischen 8 und 122 $\mu\text{g}/\text{kg}$ bei einem überregionalen Durchschnitt von 49 $\mu\text{g}/\text{kg}$. Vergleichend zur DON-Belastung wurden die stärksten ZEA-Belastungen an den Standorten Kluvensiek, Loit und Sönke-Nissen-Koog mit 87 bis 122 $\mu\text{g}/\text{kg}$ erreicht, wobei nur am letzteren der gesetzliche ZEA-Grenzwert überschritten wurde. An den anderen fünf Standorten wurden geringere ZEA-Werte von 8 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (Kastorf) bis 30 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (Birkenmoor) gefunden.

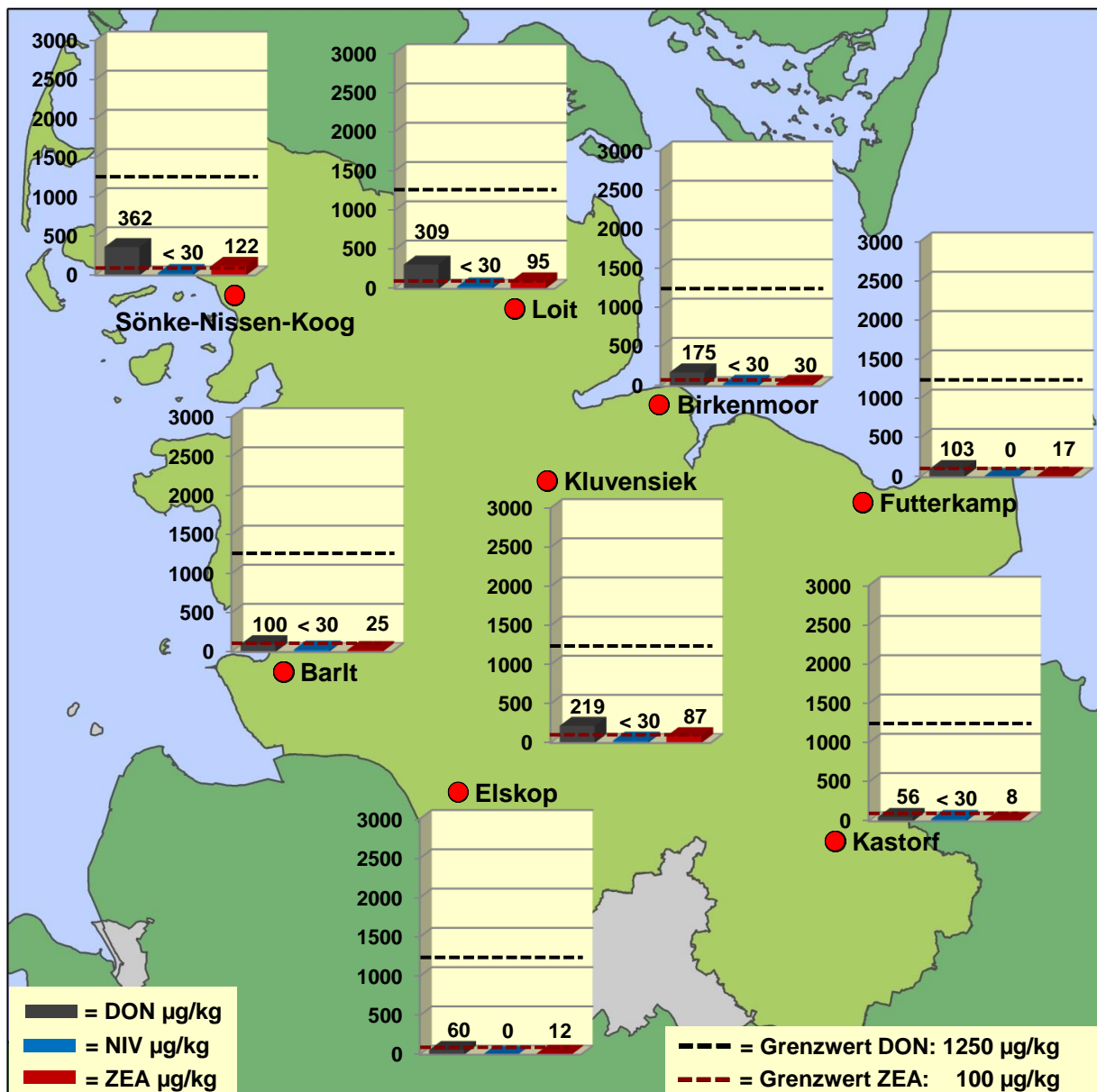


Abb. 36: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2010

Eine Kontamination mit NIV konnte an sechs von acht Standorten festgestellt werden, wobei jedoch die Gehalte aller Proben unter der Quantifizierungsgrenze von 30 µg/kg lagen. Nur in Elskop und Futterkamp konnte kein NIV gefunden werden.

4.2.1.4 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2011

In 2011 konnten im Winterweizen der fungizidunbehandelten Kontrolle an allen Standorten die *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* nachgewiesen werden, während *F. equiseti* nur an vier Standorten in den Kornproben gefunden wurde. Die Gesamtbefallsstärke der detektierten sieben *Fusarium*-Arten lag mit 318 ‰ deutlich über der mittleren Befallsstärke von 135,1 ‰ der fünf Versuchsjahre (Abb. 37).

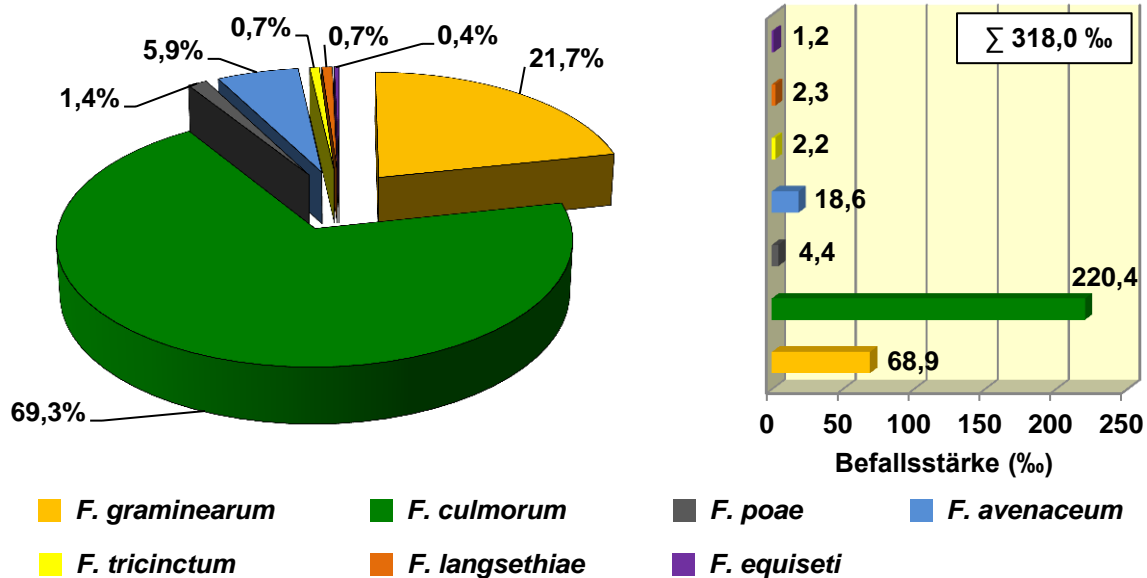


Abb. 37: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011

Der Gesamt-*Fusarium*-Komplex wurde hierbei durch die Arten *F. graminearum* und vor allem *F. culmorum* mit einem prozentualen DNA-Anteil von 21,7 und 69,3 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA, einem Gesamtanteil von 91 %, bzw. einer Befallsstärke von 68,9 sowie 220,4 ‰ klar dominiert. Ebenfalls eine größere Bedeutung im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen kam *F. avenaceum* mit einem DNA-Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 5,9 % bzw. einer Befallsintensität von 18,6 ‰ zu. Auch wenn *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* an allen und *F. equiseti* an vier Standorten nachzuweisen waren

(Anhangtab. 4), so war die Relevanz dieser vier Arten im Gesamt-*Fusarium*-Komplex mit prozentualen DNA-Anteilen von 1,4; 0,7; 0,7 und 0,4 % (gesamt 3,2 %), verglichen mit den zuvor genannten Arten *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. culmorum* als schwach einzustufen.

In diesem Versuchsjahr konnten nur sieben der acht IPS-Monitoring-Standorte für die Untersuchungen genutzt werden, da am Standort Birkenmoor aufgrund regenreicher Witterung im Erntemonat August keine Beerntung des Winterweizens erfolgen konnte, weshalb für diesen Standort keine Ergebnisse vorliegen.

F. culmorum stellte die dominierende *Fusarium*-Art an jedem der sieben IPS-Monitoring-Standorte in Schleswig-Holstein im Erntejahr 2011 mit Befallswerten von 118,7 bis 322,9 ‰ dar, gefolgt von *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. poae* (Abb. 38). Die höchsten Befallsstärken von *F. culmorum* konnten an den im östlichen Hügelland gelegenen Standorten Futterkamp und Klvensiek mit 322,9 und 277,4 ‰ sowie am Westküstenstandort Sönke-Nissen-Koog mit 265,2 ‰ erfasst werden, gefolgt von Barlt und Loit mit 223,7 und 204,6 ‰. An den Standorten Elskop und Kastorf wurden die geringsten Werte mit 130,2 bzw. 118,7 ‰ dokumentiert. *F. graminearum* stellte an allen Standorten die zweitwichtigste Art mit Befallsintensitäten von 56,1 bis 102,8 ‰ dar. Der höchste Befallswert war mit 103,0 ‰ am Standort Elskop nachweisbar, an den anderen Standorten variierte das Epidemieniveau zwischen 56,1 ‰ (Loit) und 74,3 ‰ (Barlt). Die höchsten aufsummierten Befallsstärken der DON- und ZEA-bildenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* konnten an den Standorten Futterkamp und Klvensiek mit 379,3 bzw. 347,7 ‰ ermittelt werden, die geringsten an den Standorten Elskop und Kastorf mit 234 und 176,7 ‰. Gerade an den beiden zuletzt genannten Standorten war die Differenz von *F. graminearum* gegenüber *F. culmorum* am geringsten. In Elskop wurde ein ähnliches Befallsniveau zwischen den beiden Arten erreicht, in Kastorf war *F. culmorum* gegenüber *F. graminearum* doppelt so stark vertreten. An allen Standorten lagen die Befallswerte von *F. graminearum* um das drei- (Barlt) bis nahezu sechsfache (Futterkamp) unterhalb der Befallsstärke von *F. culmorum*. Standortübergreifend stellte *F. avenaceum* die drittwichtigste *Fusarium*-Art mit Befallsintensitäten von 11,9 bis 32,0 ‰ dar. Ähnlich *F. culmorum* waren die höchsten Befallsintensitäten von *F. avenaceum* an den Standorten Futterkamp und Klvensiek mit 32,0 und 26,5 ‰ zu finden, während an den anderen fünf Standorten die nachgewiesenen DNA-Mengen mit 11,9 bis 19,0 ‰ geringer waren. Für *F. poae* konnten überregional ähnliche, bezogen auf die Gesamt-*Fusarium*-Befallsstärke, geringe Befallsstärken von 2,2 bis 6,5 ‰ ermittelt werden. *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* spielten standortspezifisch mit 0,8 bis 4,0 ‰ bzw. 1,3 bis 3,0 ‰ bzw. 1,0 bis 4,7 ‰ ebenfalls eine untergeordnete Rolle im gesamten *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen (Anhangtab. 4).

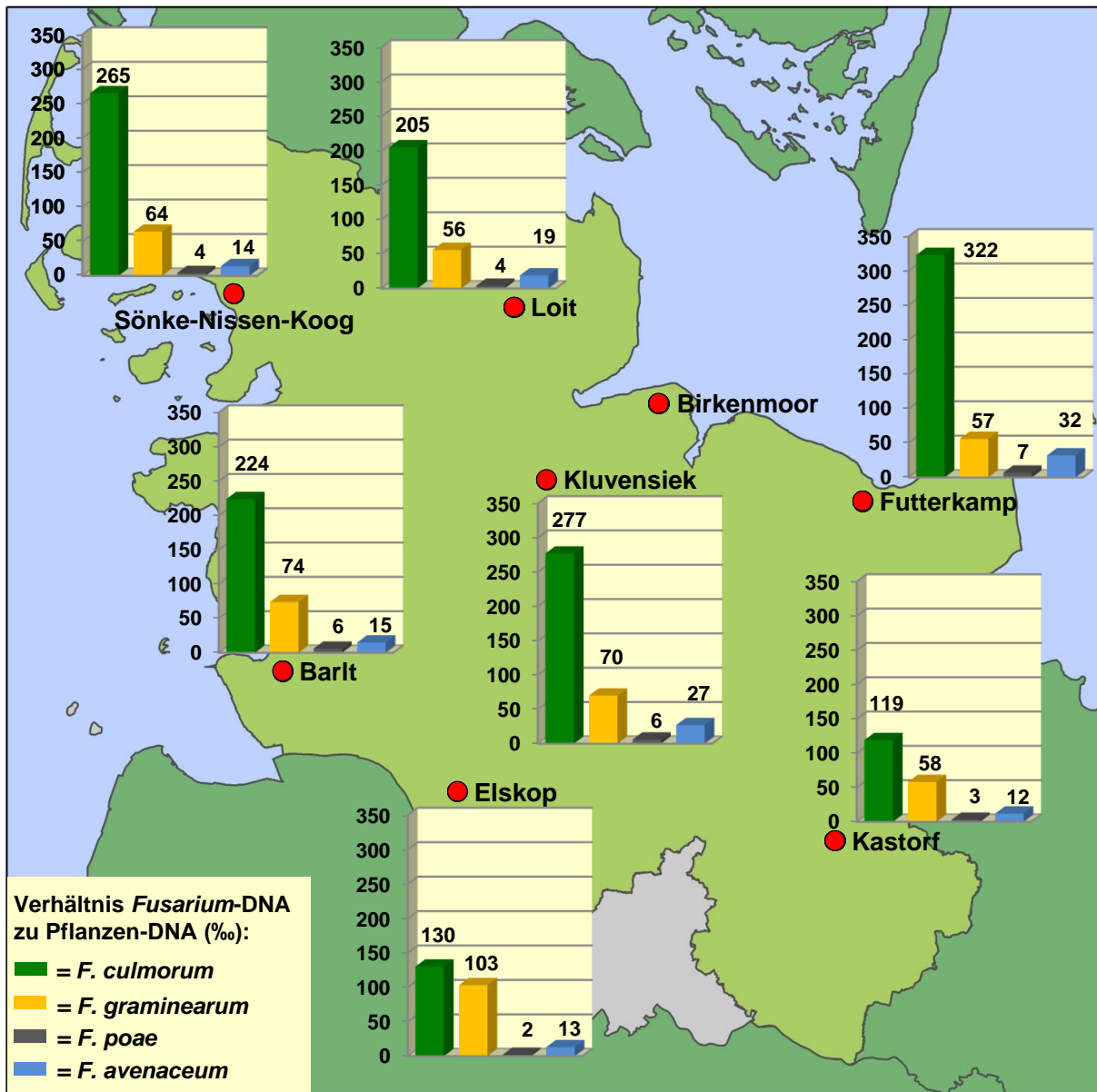


Abb. 38: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in %) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011

Die nachfolgende Abbildung 39 dokumentiert die Mykotoxingehalte im Winterweizen an den sieben IPS-Monitoring-Standorten in der fungizidunbehandelten Kontrolle 2011. Im Erntegut konnten die B-Trichothecene DON und NIV sowie das Mykotoxin ZEA nachgewiesen werden. Vergleichend zu den vorherigen Versuchsjahren wurden neben den erhöhten *Fusarium*-Befallsintensitäten, vor allem der Arten *F. culmorum* und *F. graminearum*, entsprechend hohe Mykotoxinkontaminationen vor allem mit DON und ZEA festgestellt. Im überregionalen Durchschnitt konnte eine DON-Belastung des Ernteguts von 2126 µg/kg analysiert werden, wobei die Kontamination in einem Bereich von 914 bis 3182 µg/kg variierte. Die höchsten DON-Gehalte konnten an den im östlichen Hügelland befindlichen

4. Ergebnisse

Standorten Futterkamp und Kluvensiek mit 3182 bzw. 2911 $\mu\text{g}/\text{kg}$ ermittelt werden, an denen ebenfalls die höchsten aufsummierten DNA-Mengen der beiden DON produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* gefunden wurden. An den beiden Westküstenstandorten Barlt und Sönke-Nissen-Koog sowie am Standort Loit wurden Werte von 1932 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (Barlt) bis 2390 $\mu\text{g}/\text{kg}$ (Sönke-Nissen-Koog) nachgewiesen. Die überregional geringsten DON-Belastungen waren in Elskop und Kastorf mit 1366 bzw. 914 $\mu\text{g}/\text{kg}$ zu verzeichnen. Lediglich am Standort Kastorf wurde im Erntejahr 2011 der DON-Höchstmengenwert von 1250 $\mu\text{g}/\text{kg}$ nicht überschritten, während an den anderen Standorten die Überschreitung des Grenzwertes mitunter sehr deutlich war.

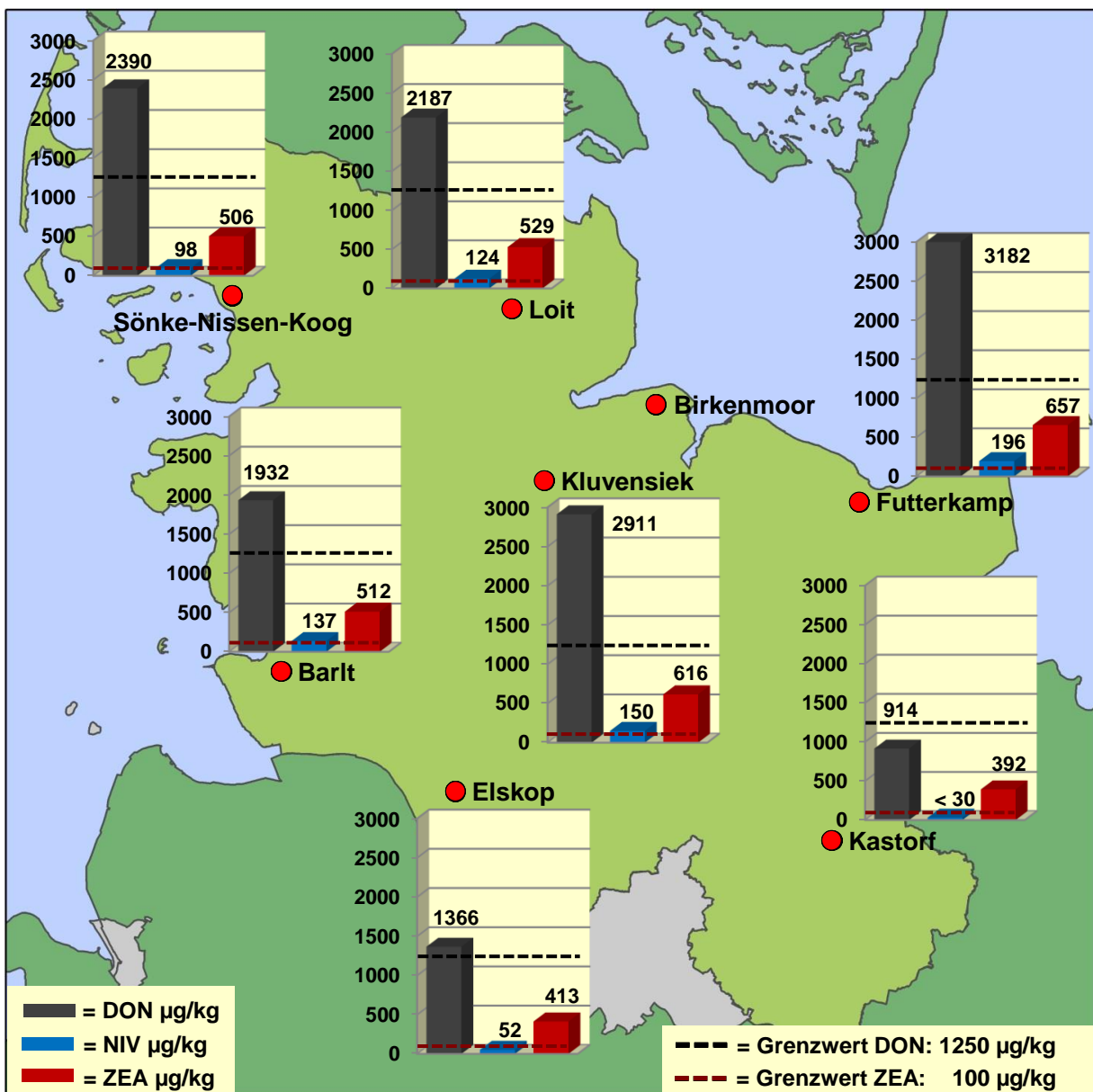


Abb. 39: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011

Hinsichtlich der ZEA-Belastung konnte an allen Standorten eine erhebliche Überschreitung des ZEA-Höchstmengewertes von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide festgestellt werden. Die mittlere Belastung erreichte einen Wert von 518 µg/kg, das heißt eine durchschnittlich fünffache Überschreitung des ZEA-Grenzwertes, wobei die einzelnen ZEA-Werte zwischen 392 und 657 µg/kg variierten. An den Standorten Futterkamp und Klüvensiek konnten, vergleichend zur Befallsintensität von *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie der DON-Kontamination, die höchsten ZEA-Gehalte mit 657 bzw. 616 µg/kg ermittelt werden, was einer sechs- bis sechseinhalbfachen Überschreitung des ZEA-Höchstmengewertes von 100 µg/kg entspricht. In Barlt, Loit und im Sönke-Nissen-Koog erreichten die ZEA-Belastungen mit 506 bis 529 µg/kg ähnliche Werte (fünffache Überschreitung des Grenzwertes). Die in diesem Versuchsjahr festgestellten niedrigsten ZEA-Kontaminationen wurden an den Standorten Elskop und Kastorf verzeichnet, an denen der ZEA-Höchstmengewert um das Vierfache mit Gehalten von 413 bzw. 392 µg/kg überschritten wurde. Das Mykotoxin NIV wurde standortübergreifend in den geringsten Mengen aller drei Mykotoxine mit durchschnittlich 112 µg/kg nachgewiesen. Die höchsten NIV-Gehalte konnten in Futterkamp und Klüvensiek mit 196 und 150 µg/kg detektiert werden. Am Standort Kastorf war NIV zwar nachweisbar, lag aber unterhalb der Quantifizierungsgrenze von 30 µg/kg.

4.2.1.5 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2012

Im Versuchsjahr 2012 wurden mit *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten im Erntegut des Winterweizens nachgewiesen. Die Gesamt-*Fusarium*-Befallsstärke erreichte einen Wert von 134,3 ‰, womit dieses Erntejahr verglichen mit den Vorjahren 2008 bis 2011 als ein mittleres Befallsjahr einzuordnen ist (Abb. 40). Während *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* an allen Standorten in den Kornproben detektiert werden konnten, trat *F. equiseti* nur an drei Standorten auf (Anhangtab. 5). Dominierend waren überregional die Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* mit prozentualen DNA-Anteilen von 50,7 bzw. 23,6 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA sowie einer Befallsstärke von 68,1 bzw. 31,7 ‰. Mit einem DNA-Anteil von 15,2 % bzw. einer durchschnittlichen Befallsstärke von 20,2 ‰ stellte *F. avenaceum* die quantitativ drittbedeutendste Art im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen dar, gefolgt von *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae*, die mit 4,5; 3,9 bzw. 2,1 % anteilig auf einem vergleichbaren Niveau lagen. *F. equiseti* spielte mit 0,3 % nur eine untergeordnete Rolle.

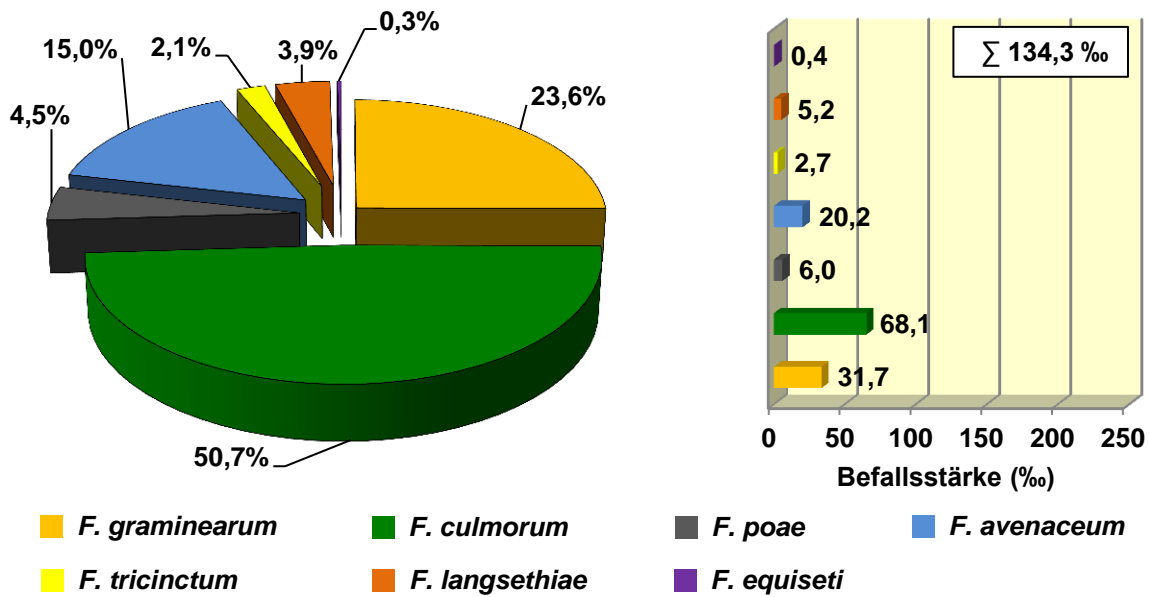


Abb. 40: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012

Das Epidemieniveau von *F. culmorum* schwankte überregional erheblich mit DNA-Mengen von 12,0 bis 211,3 ‰ (Abb. 41). An den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog wurden die höchsten Befallsstärken mit 211,3 und 137,8 ‰ erfasst, in Birkenmoor und Klüvensiek die niedrigsten mit lediglich 17,5 bzw. 12,0 ‰. An den Standorten Barlt, Futterkamp und Kastorf konnten vergleichbare Werte von 35,7; 35,8 und 32,9 ‰ ermittelt werden, in Elskop war dieser mit 61,9 ‰ doppelt so hoch. *F. culmorum* stellte aber nicht an allen Standorten die dominierende *Fusarium*-Art dar. An den in diesem Versuchsjahr vergleichend befallsschwachen Standorten Birkenmoor und Klüvensiek konnte ein höherer Befallswert für *F. avenaceum* mit 22,5 ‰ bzw. *F. graminearum* mit 18,9 ‰ bestimmt werden, am Standort Elskop erreichte *F. graminearum* mit 80,4 ‰ die stärkste Befallsintensität. *F. graminearum* stellte standortübergreifend die zweitwichtigste Art mit Befallsintensitäten zwischen 9,6 ‰ (Birkenmoor) bis 80,4 ‰ (Elskop) dar. Die aufsummierten Befallsstärken der ausschließlichen DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* betrachtend, konnten an den Standorten Elskop, Loit und Sönke-Nissen-Koog mit 142,3; 248,1 und 163,5 ‰ die höchsten DNA-Mengen diagnostiziert werden, die niedrigsten in Birkenmoor und Klüvensiek mit 27,1 bzw. 30,9 ‰. An den anderen drei Standorten Barlt, Futterkamp und Kastorf befand sich das aufsummierte Befallsniveau dieser beiden Arten mit 59,3 bis 65,5 ‰, im Vergleich zu den zuvor genannten Standorten, auf einem mittleren Niveau. Überregional stellte *F. avenaceum* mit Befallsintensitäten von 10,5 bis 37,4 ‰ (durchschnittlich 20,2 ‰) die

4. Ergebnisse

drittichtigste Art im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen dar, übertraf an den Standorten Birkenmoor und Sönke-Nissen-Koog sogar die Befallswerte von *F. graminearum*. Wie bei *F. culmorum* waren die höchsten Befallsstärken an den Standorten Loit (37,4 ‰) und Sönke-Nissen-Koog (29,1 ‰) zu finden. *F. poae* erreichte mit 4,2 ‰ (Klvensiek) bis 9,7 ‰ (Kastorf) ein standortübergreifend ähnliches Niveau zwischen den Standorten. Für *F. langsethiae* konnten Befallswerte von 3,0 bis 8,9 ‰ ermittelt werden, *F. tricinctum* und *F. equiseti* waren mit Befallsstärken von 1,4 bis 4,9 ‰ und 0,5 bis 1,9 ‰ die *Fusarium*-Arten mit der quantitativ geringsten Bedeutung im Gesamt-*Fusarium*-Komplex (Anhangtab. 5).

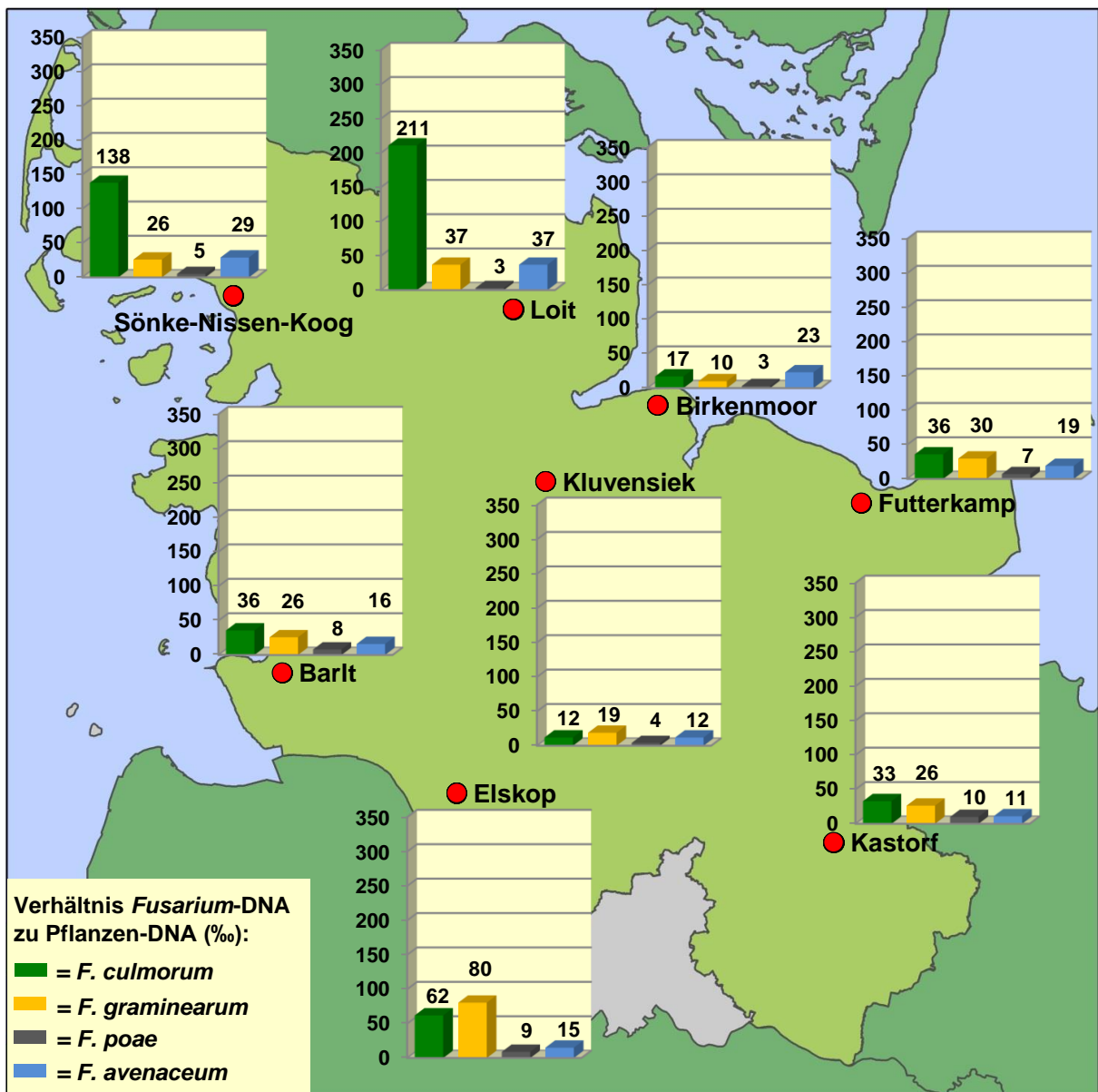


Abb. 41: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012

4. Ergebnisse

Im Vergleich zu den vorhergehenden Versuchsjahren konnten in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante entsprechend der mittleren bis erhöhten *Fusarium*-Befallsstärken mittlere bzw. erhöhte Mykotoxinkontaminationen mit DON und ZEA festgestellt werden (Abb. 42).

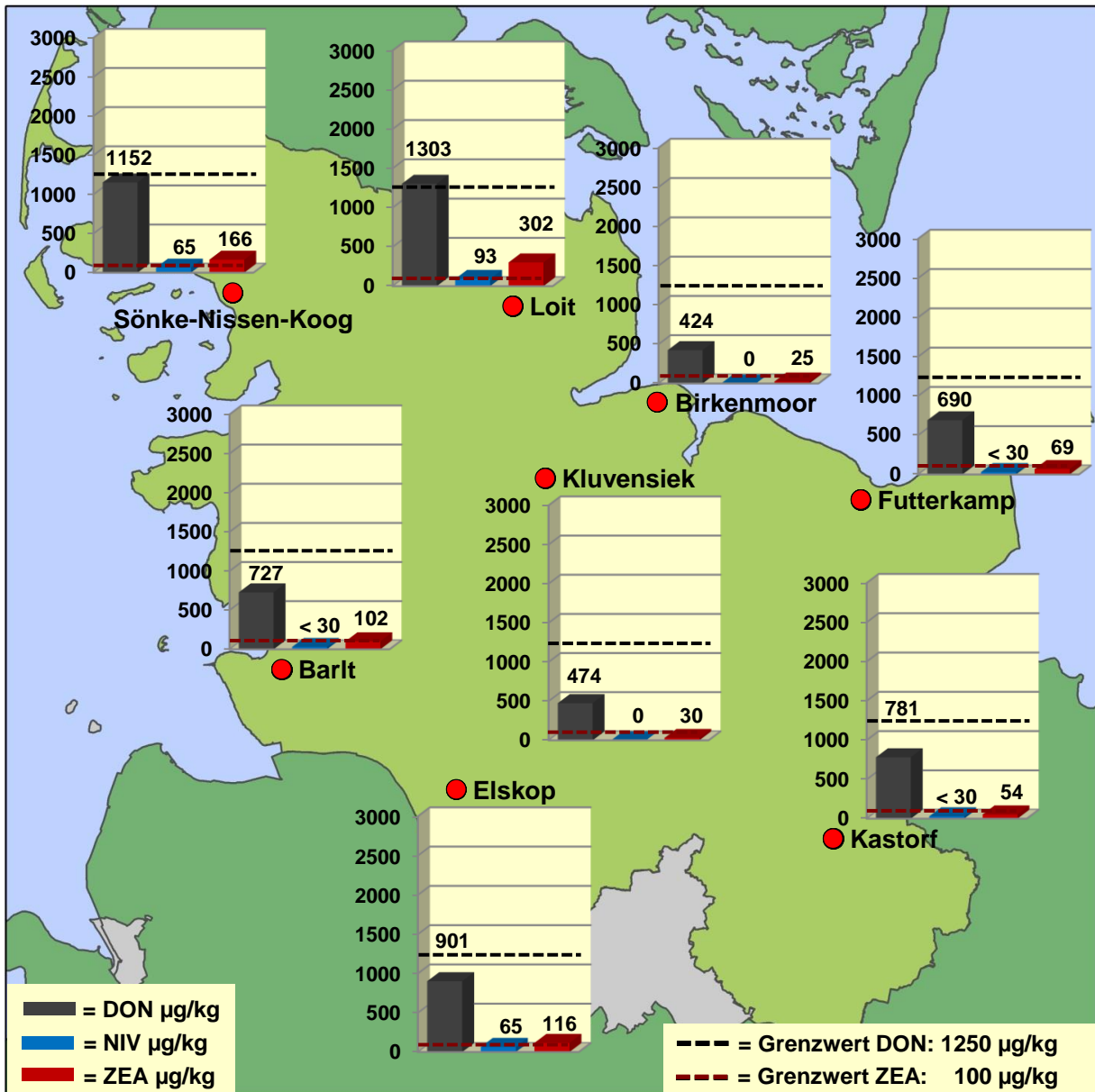


Abb. 42: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo an den acht IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012

Die DON-Belastung im Erntegut des Winterweizens lag überregional bei durchschnittlich 807 µg/kg, wobei die Gehalte in einem Bereich von 424 bis 1303 µg/kg variierten. Die höchsten DON-Gehalte wurden an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog mit 1303 und 1152 µg/kg ermittelt, an denen ebenso die höchsten aufsummierten Befallsintensitäten mit den DON synthetisierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* nachweisbar waren. Die niedrigsten DON-Gehalte wurden in Birkenmoor und KlUVensiek mit 424 und 474 µg/kg

detektiert, während an den Standorten Barlt, Elskop, Futterkamp und Kastorf mit Werten zwischen 690 und 901 µg/kg mittlere Kontaminationen diagnostiziert werden konnten. Lediglich am Standort Loit war eine Überschreitung des DON-Höchstmengewertes von 1250 µg/kg feststellbar, im Sönke-Nissen-Koog wurde dieser mit 1152 µg/kg nur knapp unterschritten. Verglichen zum DON wurde der ZEA-Höchstmengewert von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide an vier von acht Standorten (Barlt, Elskop, Loit, Sönke-Nissen-Koog) überschritten, wobei am Standort Loit eine dreifache Überschreitung des Grenzwertes verzeichnet werden konnte. Die ZEA-Gehalte variierten in einem Bereich zwischen 25 und 302 µg/kg bei einem überregionalen Durchschnitt von 108 µg/kg. Ähnlich der DON-Belastung wurden die höchsten ZEA-Belastungen an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog mit 302 bzw. 166 µg/kg erreicht, gefolgt von Barlt und Elskop mit 102 bzw. 116 µg/kg. Die niedrigsten Werte wurden mit 25 und 30 µg/kg in Birkenmoor und Kluvensiek analysiert. NIV konnte an sechs von acht Standorten (ausgenommen Birkenmoor und Kluvensiek) detektiert werden, mit den höchsten Gehalten von 65 bis 93 µg/kg an den Standorten Elskop, Loit und Sönke-Nissen-Koog. In Barlt, Futterkamp und Kastorf war NIV zwar nachweisbar, lag aber unterhalb der Quantifizierungsgrenze von 30 µg/kg.

4.2.2 Zusammenhang zwischen der Befallshäufigkeit und Befallsintensität nachgewiesener *Fusarium*-Arten im Winterweizen in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Der Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (Befallshäufigkeit = BHB in %) und der Befallsintensität (‰) der verschiedenen nachgewiesenen *Fusarium*-Arten im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein der Einzeljahre 2008 bis 2012 ist in Abbildung 43 dargestellt. Die analysierten Arten eines jeden Versuchsjahres sind als Mittel der acht Standorte zusammengefasst.

Die Befallshäufigkeiten beschreiben den Anteil der Standorte an dem eine *Fusarium*-Art in den Erntekornproben nachgewiesen wurde pro Anzahl aller Standorte eines Versuchsjahres in Prozent. Diese, mittels konventioneller PCR ermittelten Befallshäufigkeiten (BHB), geben eine qualitative Auskunft darüber, ob eine untersuchte *Fusarium*-Art am Standort vorhanden war. Durch die Anwendung der qPCR war neben einer qualitativen auch eine quantitative Aussage möglich, das heißt, die Bestimmung der Höhe des Befalls (Befallsintensität, Befallsstärke, DNA-Menge) einer jeden, in den Erntekornproben vorhandenen *Fusarium*-Art. Die Befallsintensität der einzelnen *Fusarium*-Arten ist als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in Promille angegeben.

4. Ergebnisse

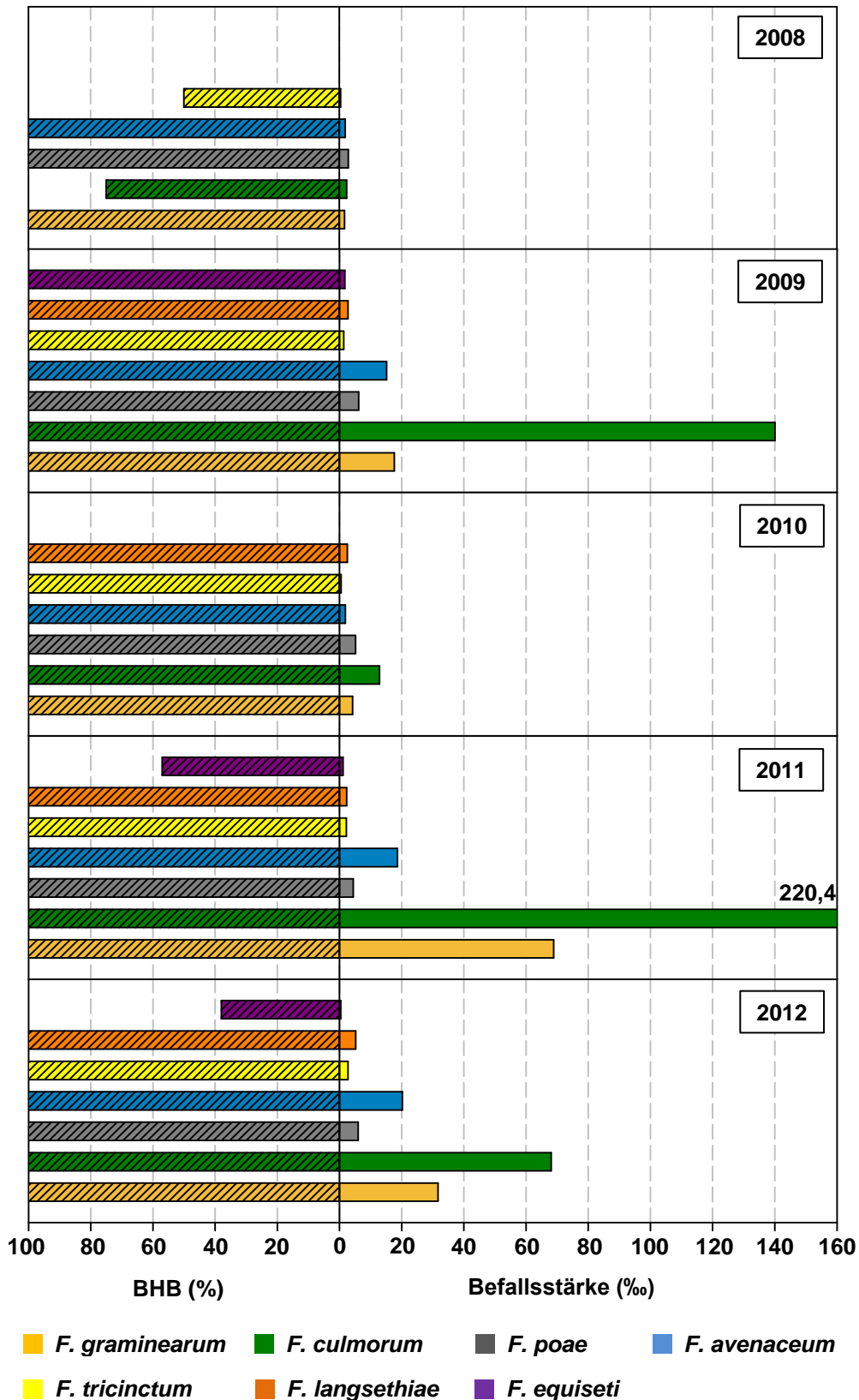


Abb. 43: Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (BHB = Befallshäufigkeit in %) und der Befallsstärke der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein der Einzeljahre 2008 bis 2012

Bei der vergleichenden Betrachtung der Befallshäufigkeiten und Befallsintensitäten der fünf Versuchsjahre zeigt sich, dass es keinen Zusammenhang hinsichtlich der Häufigkeit des Auftretens der einzelnen nachgewiesenen *Fusarium*-Arten und der Befallsintensität gab. Insbesondere in den befallstärkeren Versuchsjahren 2009, 2011, 2012 aber auch im befallsschwachen Erntejahr 2010 konnten die Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* mit einer Befallshäufigkeit von 100 % detektiert werden. Die absoluten Befallsintensitäten, ausgenommen 2010, unterschieden sich im jeweiligen Einzeljahr jedoch erheblich. So erlangte in den genannten Jahren *F. culmorum* die quantitativ größte Bedeutung, gefolgt von *F. graminearum*. In 2011 konnte beispielsweise für *F. culmorum* (220,4 ‰) eine 100-fach bzw. 50-fach höhere DNA-Menge als für *F. tricinctum* (2,2 ‰) und *F. langsethiae* (2,3 ‰) bzw. *F. poae* (4,4 ‰) nachgewiesen werden, obwohl alle vier aufgeführten Arten an allen Standorten, also mit einer Befallshäufigkeit von 100 %, detektiert werden konnten. Aber auch gegenüber *F. avenaceum* (18,6 ‰) und *F. graminearum* (68,9 ‰), die ebenfalls um ein vielfaches unterhalb der Befallsintensität von *F. culmorum* lagen (zwölf- bzw. dreifach), waren *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. poae* trotz gleicher Befallshäufigkeiten wesentlich schwächer vertreten. Ein ähnliches Bild ergab sich ebenso für die Erntejahre 2009 und 2012, in denen *F. culmorum* quantitativ ebenfalls am stärksten zu diagnostizieren war und deutlich stärkere Befallsintensitäten aufwies als alle andere Arten im nachgewiesenen Gesamt-*Fusarium*-Komplex, welche ebenso überregional an allen Standorten auftraten. In diesen beiden Jahren waren *F. avenaceum* und *F. graminearum* wiederum stärker vertreten als *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. poae*. Insgesamt war über die fünf Versuchsjahre der Befall mit *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* auf einem sehr ähnlichen Niveau, wobei sich die Einzeljahre hinsichtlich des Gesamt-*Fusarium*-Befalls stark unterschieden. Diese jahresspezifischen, mitunter großen Differenzen, kamen durch die unterschiedlichen Befallsintensitäten von *F. avenaceum*, *F. graminearum* und vor allem *F. culmorum* zustande. Die mittels qualitativer PCR erzielten Ergebnisse lassen lediglich eine Aussage über das Vorhandensein einer *Fusarium*-Art im Erntegut zu, nicht aber über die Bedeutung der einzelnen nachgewiesenen Arten im Rahmen des *Fusarium*-Arten-Komplexes. Dies ist nur mittels qPCR zu realisieren.

4.2.3 Zusammenhang zwischen der *Fusarium*-Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Die im Erntegut der fungizidunbehandelten Kontrolle des Winterweizens in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 gemessenen DON- und ZEA-Gehalte wurden auf eine quantitative Beziehung mit den ermittelten *Fusarium*-Befallsintensitäten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA) hin untersucht. Hierbei wurden die Befallsstärken der

Fusarium-Arten genutzt, die nach Desjardins (2006) die Mykotoxine DON und ZEA bilden, wodurch nur die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* einbezogen wurden. *F. equiseti*, der einzige weitere nachgewiesene ZEA-Bildner, wurde aufgrund der extrem geringen Befallsintensitäten nicht berücksichtigt.

Wie in Abbildung 44 dargestellt, steht der nachgewiesene DON-Gehalt in engem Zusammenhang zum quantitativen Nachweis der Pilz-DNA der ausschließlichen DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum*, was durch die dargestellte Regressionskurve beschrieben wird.

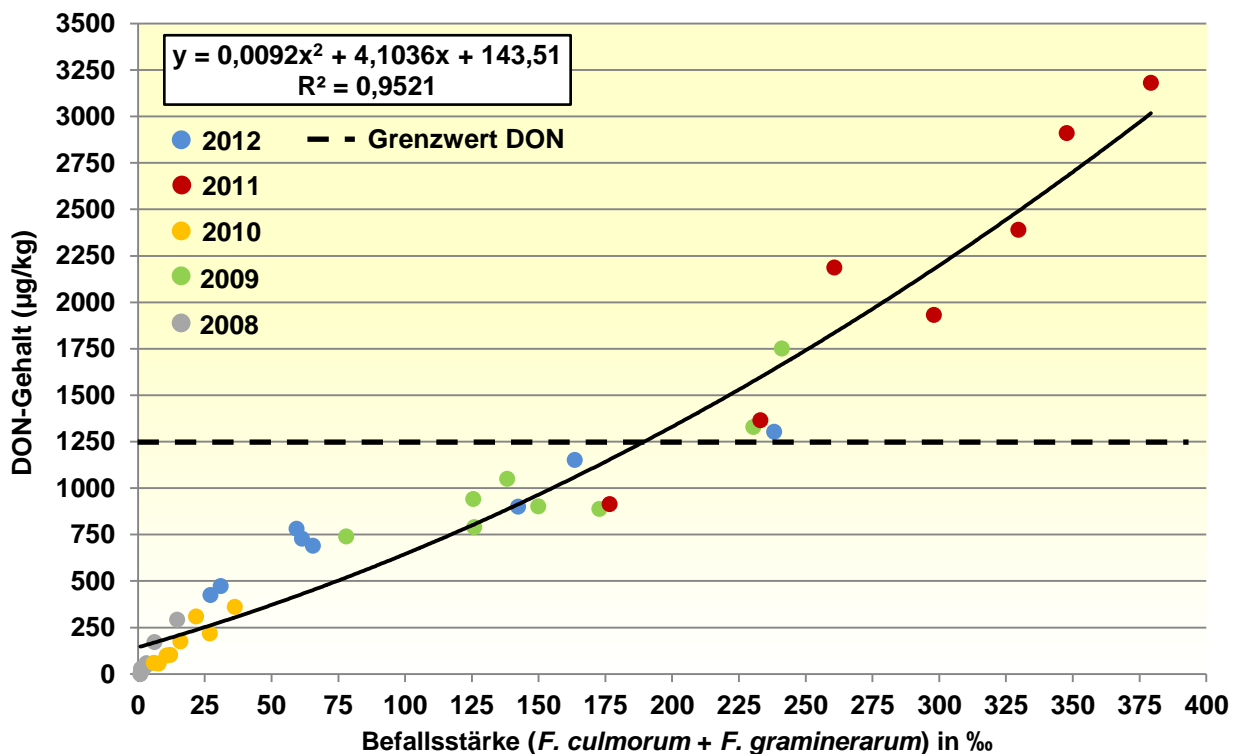


Abb. 44: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Das heißt, dass mit der Zunahme der pilzlichen Biomasse der beiden Arten, der DON-Gehalt ebenfalls kontinuierlich zunimmt. Die Streuung der Werte der einzelnen Versuchsjahre ist sehr gering, was durch das Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,952$ dokumentiert wird. In 2008 (graue Punkte) und 2010 (gelbe Punkte) konnten aufgrund schwacher Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum* (maximal 31 ‰) auch nur sehr geringe, deutlich unter dem DON-Höchstmengenwert von 1250 µg/kg liegende DON-Belastungen von maximal 362 µg/kg nachgewiesen werden. In 2009 (grüne Punkte) und 2012 (blaue Punkte) resultierten die mitunter deutlich erhöhten DON-Belastungen der Weizenkörner aus den, im Vergleich zu 2008 und 2010 gehobenen Befallsintensitäten, wobei geringe *Fusarium*-

Befallsstärken niedrigere bzw. gesteigerte Befallsstärken stärkere DON-Gehalte von bis zu 1752 µg/kg verursachen. Eine Überschreitung des DON-Grenzwertes konnte 2012 einmal und 2009 zweimal festgestellt werden. Die höchsten DON-Gehalte mit maximal 3182 µg/kg, welche in 2011 (rote Punkte) festgestellt werden konnten, wurden durch die ermittelten höchsten *Fusarium*-DNA-Mengen der DON-Produzenten *F. graminearum* und *F. culmorum* ausgelöst, wodurch der durch die EG-Verordnung Nr. 1126/2007 festgesetzte DON-Höchstgehalt von 1250 µg/kg für unverarbeitetes Getreide an sechs von sieben Standorten überschritten wurde.

Der im Erntegut des Winterweizens über die fünf Versuchsjahre 2008 bis 2012 bemessene ZEA-Gehalt (Abb. 45) steht ebenfalls in enger Beziehung zum molekularen, quantitativen DNA-Nachweis von *F. culmorum* und *F. graminearum*, was durch die in aufgezeigte Regression illustriert wird.

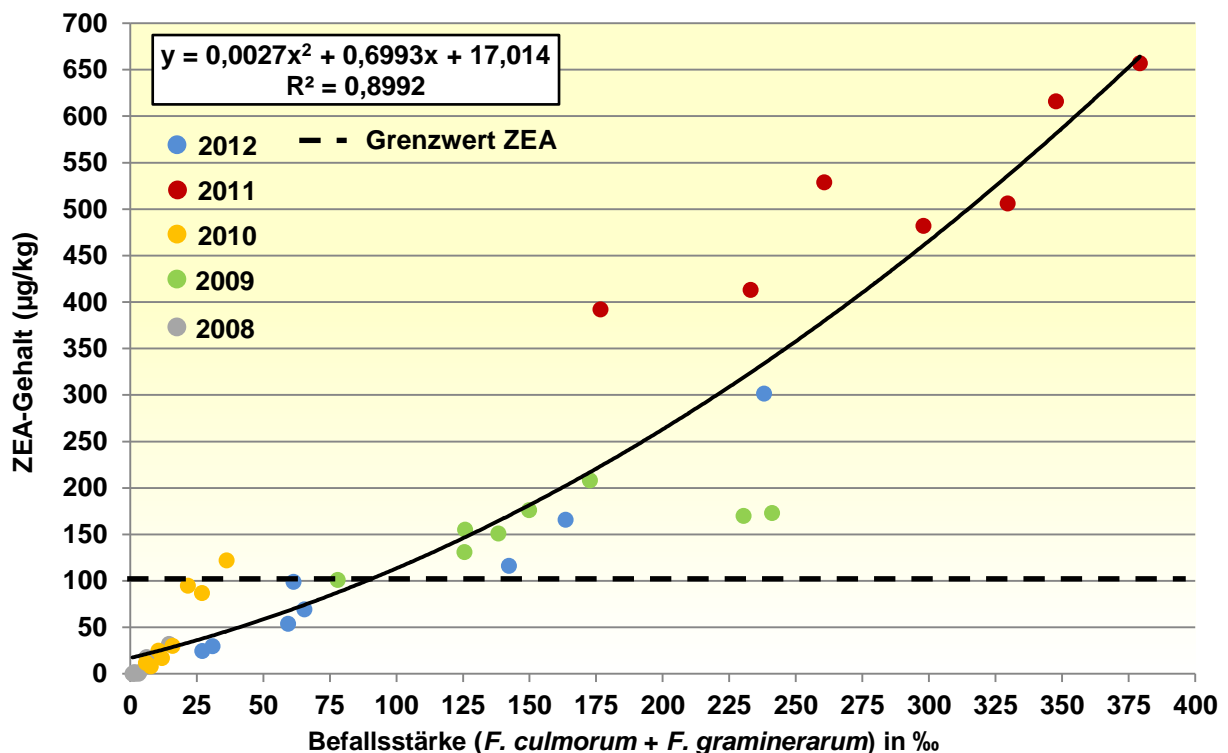


Abb. 45: Beziehung zwischen der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Die Güte der quantitativen Beziehung zwischen der Befallsintensität von *F. culmorum* und *F. graminearum* und der ZEA-Belastung ist mit einem Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,899$ als hoch anzusehen. Vergleichend zum DON lag in den befallsschwächeren Jahren 2008 (graue Punkte) und 2010 (gelbe Punkte) sowohl die *Fusarium*-Befallsstärke als auch die ZEA-Kontamination auf einem insgesamt geringen Niveau, wodurch der Höchstmengenwert von

100 µg/kg nur einmal überschritten wurde. In 2009 (grüne Punkte) und 2012 (blaue Punkte) konnten dagegen mitunter deutlich höhere *Fusarium*-Befallsintensitäten festgestellt werden, die entsprechend erhöhte ZEA-Gehalte zur Folge hatten, wodurch der ZEA-Grenzwert 2012 an vier und 2009 an allen acht Standorten überschritten wurde. In 2011 (rote Punkte) verstärkte sich dieser Zusammenhang zwischen dem quantitativen DNA-Nachweis und der ZEA-Belastung der Weizenkörner, so dass die in diesem Jahr analysierten Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum*, welche die höchsten aller fünf Versuchsjahre darstellten, auch die höchsten ZEA-Gehalte nach sich zogen. Der ZEA-Höchstwert wurde in allen Fallstudien dieses Jahres um das vier- bis sechseinhalbfache überschritten.

Aufgrund des engen Zusammenhangs zwischen der *Fusarium*-Befallsintensität, ausgedrückt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA (*F. culmorum* + *F. graminearum*) zur Pflanzen-DNA, und der DON- und ZEA-Belastung, ergibt sich ebenfalls ein positiver Zusammenhang zwischen den beiden genannten Mykotoxinen, der durch die in Abbildung 46 dargestellte Regression beschrieben wird. 87 % ($R^2 = 0,873$) der Varianz werden hierbei durch das Regressionsmodell erklärt, womit die Güte der Regression wiederum auf einem hohen Niveau liegt. Somit sind bei steigenden DON-Gehalten ebenfalls erhöhte ZEA-Belastungen bzw. umgekehrt bei zunehmenden ZEA-Gehalten zunehmende DON-Kontaminationen in den Erntekornproben des Winterweizens zu erwarten.

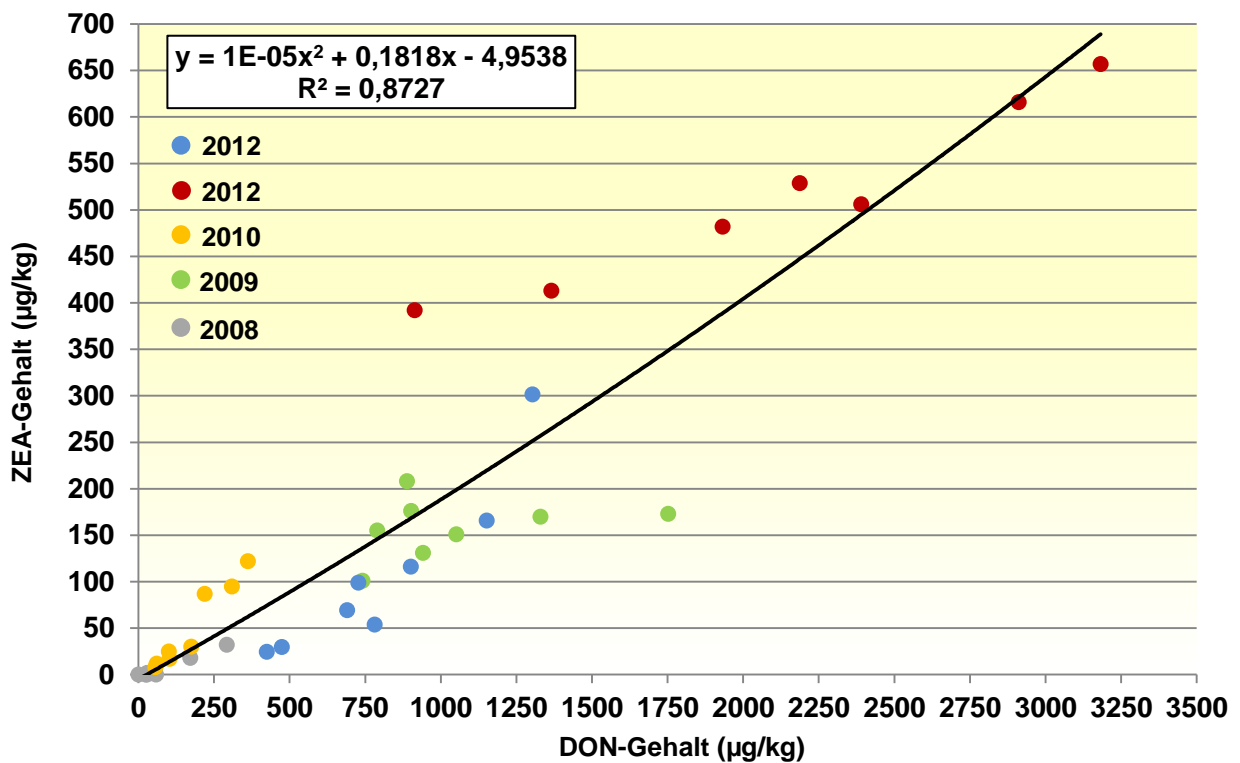


Abb. 46: Beziehung zwischen dem DON- und ZEA-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

4.2.4 Einfluss der Witterung zur Winterweizenblüte auf die Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Ursächlich für die mitunter sehr unterschiedlichen Mykotoxin-Gehalte bzw. *Fusarium*-Befallsintensitäten der Erntejahre 2008 bis 2012 waren die jahrespezifischen Witterungsbedingungen während der Weizenblüte. Pilze der Gattung *Fusarium* infizieren den Weizen primär zur Zeit der Blüte, wobei für eine erfolgreiche Infektion der Niederschlag, jedoch für die Pathogenese auch die Temperatur, von entscheidender Bedeutung sind.

Die folgenden Abbildungen 47 bis 51 illustrieren diesen Zusammenhang für die Versuchsjahre 2008 bis 2012 anhand der gemessenen Niederschlagsintensitäten zur Zeit der Winterweizenblüte mittels überregional lokalisierter agrarmeteorologischer Messstationen und nachgewiesenen DNA-Mengen der DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie DON- und ZEA-Gehalten in den Erntekornproben der fungizidunbehandelten Kontrollvariante der Sorte Ritmo mittels Geographischen Informationssystems (GIS), womit aus den exakten Standortdaten statt der punktuellen Darstellungsform ein flächenhaftes Bild von Schleswig-Holstein erstellt wird. Die Parameter Niederschlag, *Fusarium*-DNA (aufsummierte quantitative DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum*), DON- und ZEA-Belastung sind hierbei in verschiedene Klassen eingeteilt, welche durch eine unterschiedliche Farbintensität sowie Iso-Linien regionale Unterschiede der einzelnen Parameter farblich hervorheben.

2008

Bedingt wurden die insgesamt schwachen *Fusarium*-Befallsintensitäten bzw. daraus resultierenden Mykotoxinwerte des Versuchsjahres 2008 durch die überregional geringen Niederschläge zum Zeitpunkt der Weizenblüte von durchschnittlich lediglich 3,2 mm (Abb. 47; Tab. 23). Trotz der insgesamt niedrigen Niederschlagsmengen zur Blüte des Winterweizens ergaben sich dennoch regionale Unterschiede in der Befallsintensität der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* und der Belastung mit den Mykotoxinen DON und ZEA. Während im nördlichen, mittleren und östlichen bzw. südöstlichen Teil Schleswig-Holsteins keine bzw. nur wenige Millimeter (< 5 mm) Niederschlag zur Zeit der Blüte fielen, konnten im südwestlichen Teil des Landes um die Standorte Barlt und Elskop Niederschlagsmengen zur Weizenblüte von nahezu 10 mm gemessen werden (Abb. 47, oben links), welche im Vergleich zum übrigen Schleswig-Holstein erhöhte Befallsintensitäten mit *F. culmorum* und *F. graminearum* (> 10 ‰; Abb. 47, oben rechts) sowie DON- (> 100 bzw. > 200 µg/kg; Abb. 47, unten links) und ZEA-Gehalte (> 25 µg/kg; Abb. 47, unten rechts), welche jedoch deutlich unter den gesetzlichen Höchstmengen lagen, nach sich zogen. Die in diesem Jahr festgestellten höchsten Mykotoxinwerte waren dabei an den

4. Ergebnisse

Standorten zu finden (Barlt und Elskop), an denen die höchsten Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum* festgestellt wurden.

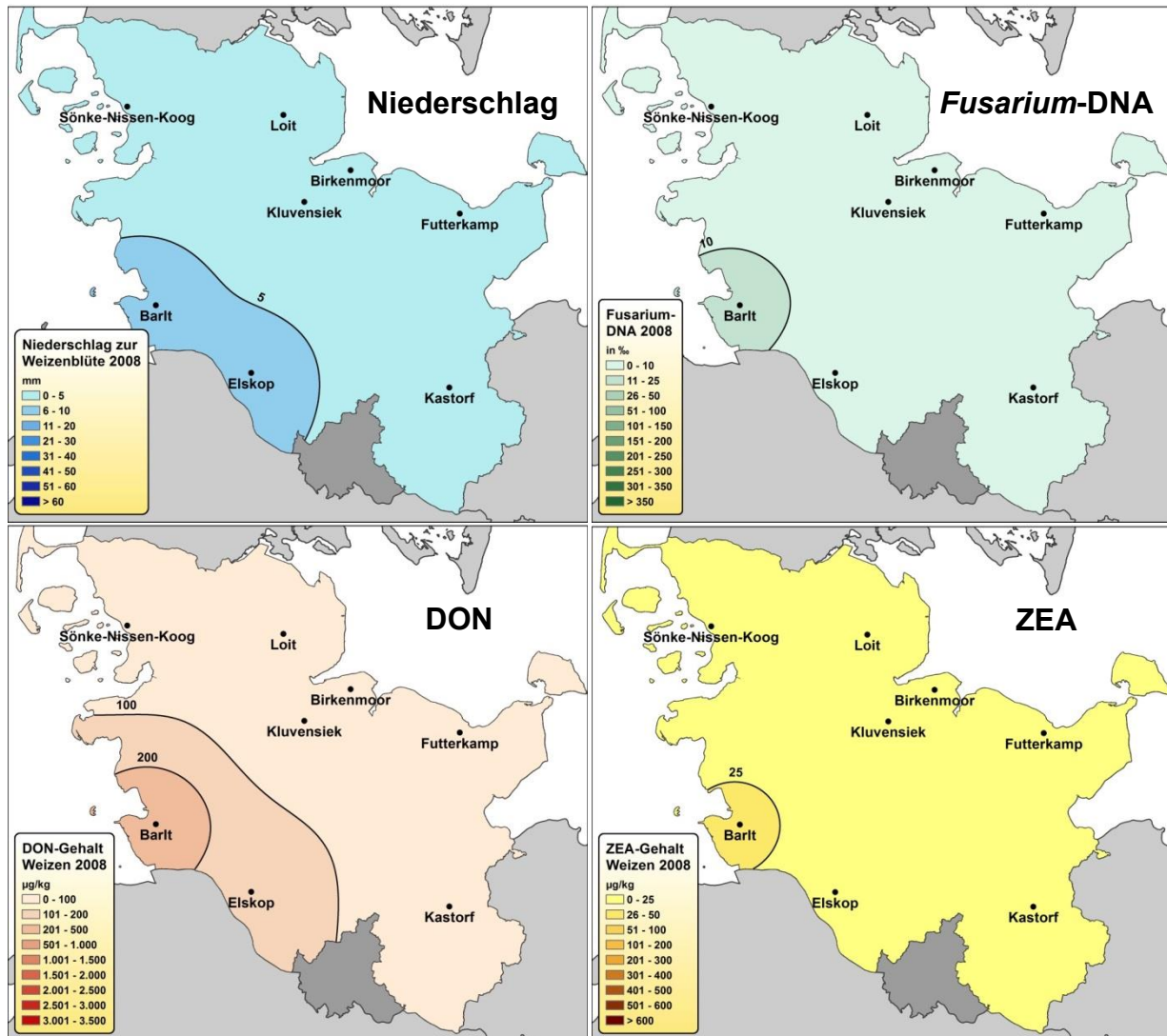


Abb. 47: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung (µg/kg; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008; Darstellung mittels GIS

2009

In 2009 lagen vergleichend zu 2008 überregional durch die befallsfördernden Niederschläge zur Weizenblüte deutlich stärkere Befallsintensitäten mit *F. culmorum* und *F. graminearum* und damit einhergehend höhere DON- sowie ZEA-Gehalte vor. Mit durchschnittlich 46,2 mm fielen deutlich höhere Regenmengen zur Blüte des Winterweizens als in 2008 mit lediglich 3,2 mm (Tab. 23). Gerade im östlichen Hügelland, in der Region von Schleswig bis Fehmarn (Birkenmoor, Futterkamp, Kluvensiek, Loit), konnten durch die agrarmeteorologischen

4. Ergebnisse

Messstationen Niederschläge von > 50 mm aufgezeichnet werden (Abb. 48, oben links). Geringere Regenmengen waren in der Region um Kastorf und Barlt mit < 40 bzw. < 30 mm festzustellen, während im restlichen Teil Schleswig-Holsteins Mengen von > 40 mm erfasst wurden.

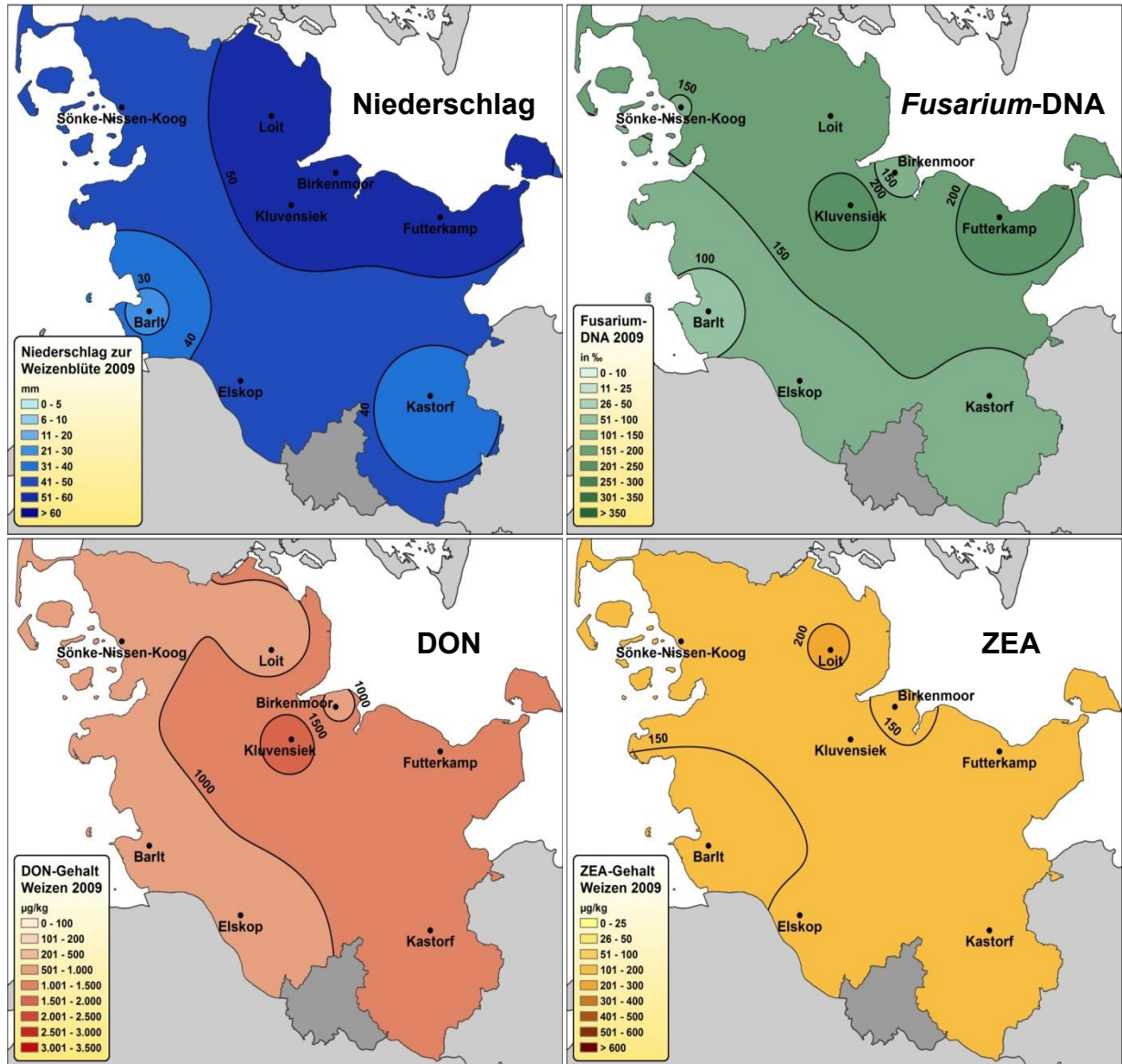


Abb. 48: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung (µg/kg; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009; Darstellung mittels GIS

Von einem Befallszentrum um die Standorte Futterkamp und Kluvensiek mit aufsummierten Befallsintensitäten von > 200 ‰ ausgehend, konnten in einem sich anschließenden Korridor von Nordwesten bis ins südöstliche Schleswig-

Holstein geringere DNA-Mengen mit > 150 ‰ gemessen werden, während sich die analysierten DNA-Mengen mit Werten von < 150 sowie < 100 ‰ in Richtung Südwesten abschwächten (Abb. 48, oben rechts). Die Verteilung der DON-Gehalte zeigte ein ähnliches, nicht vollends übereinstimmendes Verteilungsmuster unter Bildung eines lokalen Schwerpunktes um den Standort Kluvensiek mit > 1500 µg/kg (Abb. 48, unten links). Die regionale Streuung der ZEA-Gehalte (Abb. 48, unten rechts) war in diesem Versuchsjahr nicht stark ausgeprägt, wobei der Schwerpunkt der Belastung in einem Bereich von 150 bis 200 µg/kg (zusätzliche Isolinie für 101 bis 150 µg/kg) lag, während sich die Gehalte in den Regionen der Standorte Barlt und Birkenmoor unter 150 µg/kg aber oberhalb von 100 µg/kg befanden, so dass der gesetzlich festgelegte Höchstwert von 100 µg/kg landesweit zum Teil deutlich überschritten wurde. Der Schwerpunkt der ZEA-Belastung war um den Standort Loit mit > 200 g/kg lokalisiert.

2010

Die in 2010 überregional nachgewiesenen geringen Mykotoxinwerte bzw. aufsummierten Befallsstärken der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* resultierten ähnlich wie 2008 aus den geringen Niederschlagsmengen zur Weizenblüte (Abb. 49, oben links), die im Mittel lediglich 3,9 mm erreichten (Tab. 23). Dennoch ergaben sich in der Menge der nachgewiesenen *Fusarium*-DNA, im speziellen der alleinigen DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum*, sowie der DON- und ZEA-Belastung regionale Unterschiede, die mit der Niederschlagsintensität während der Blühphase des Winterweizens zu erklären sind. Während im mittleren und südlichen Teil Schleswig-Holsteins keine bzw. sehr geringe Niederschläge von unter 5 mm zu verzeichnen waren, konnten im nördlichen Teil des Landes (Kluvensiek, Loit, Sönke-Nissen-Koog) Niederschlagsmengen von nahezu 10 mm erfasst werden, wodurch in dieser Region für das Versuchsjahr 2010 vergleichsweise gehobene Befallsintensitäten bzw. DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* mit 20 bzw. 30 ‰ ermittelt werden konnten (Abb. 49, oben rechts). Aufgrund der zu den fünf Versuchsjahren vergleichend insgesamt niedrigen Befallsintensitäten wurden zusätzlich für diesen Parameter Iso-Linien für 20 und 30 ‰ Befallsstärke eingefügt, um die geringen, aber vorhandenen Unterschiede deutlich zu machen. Im restlichen Teil des Landes lagen die *Fusarium*-DNA-Mengen bei < 20 ‰ bzw. in den Regionen um die Standorte Elskop und Kastorf gar nur bei < 10 ‰. Entsprechend der erhöhten *Fusarium*-Befallsstärken von *F. culmorum* und *F. graminearum* konnten in der nördlichen Region Schleswig-Holsteins für dieses Erntejahr vergleichsweise höhere DON-Belastungen von über 200 bzw. 300 µg/kg (Abb. 49, unten links) und ZEA-Gehalte von > 50 und > 100 µg/kg (Abb. 49, unten rechts) festgestellt werden. Die im restlichen Land, vor allem um die Regionen Elskop und Kastorf, gemessenen bzw. kaum vorhandenen Niederschläge und damit einhergehenden

4. Ergebnisse

geringen *Fusarium*-Befallsintensitäten resultierten in DON-Gehalten von < 200 bzw. < 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$ bzw. ZEA-Gehalten von < 50 bzw. < 25 $\mu\text{g}/\text{kg}$. Eine Überschreitung bzw. die Gefahr einer Überschreitung des ZEA-Höchstmengenwertes von 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$ war entsprechend in diesem Versuchsjahr nur im nördlichen Teil des Landes gegeben, der DON-Grenzwert von 1250 $\mu\text{g}/\text{kg}$ wurde überregional deutlich unterschritten.

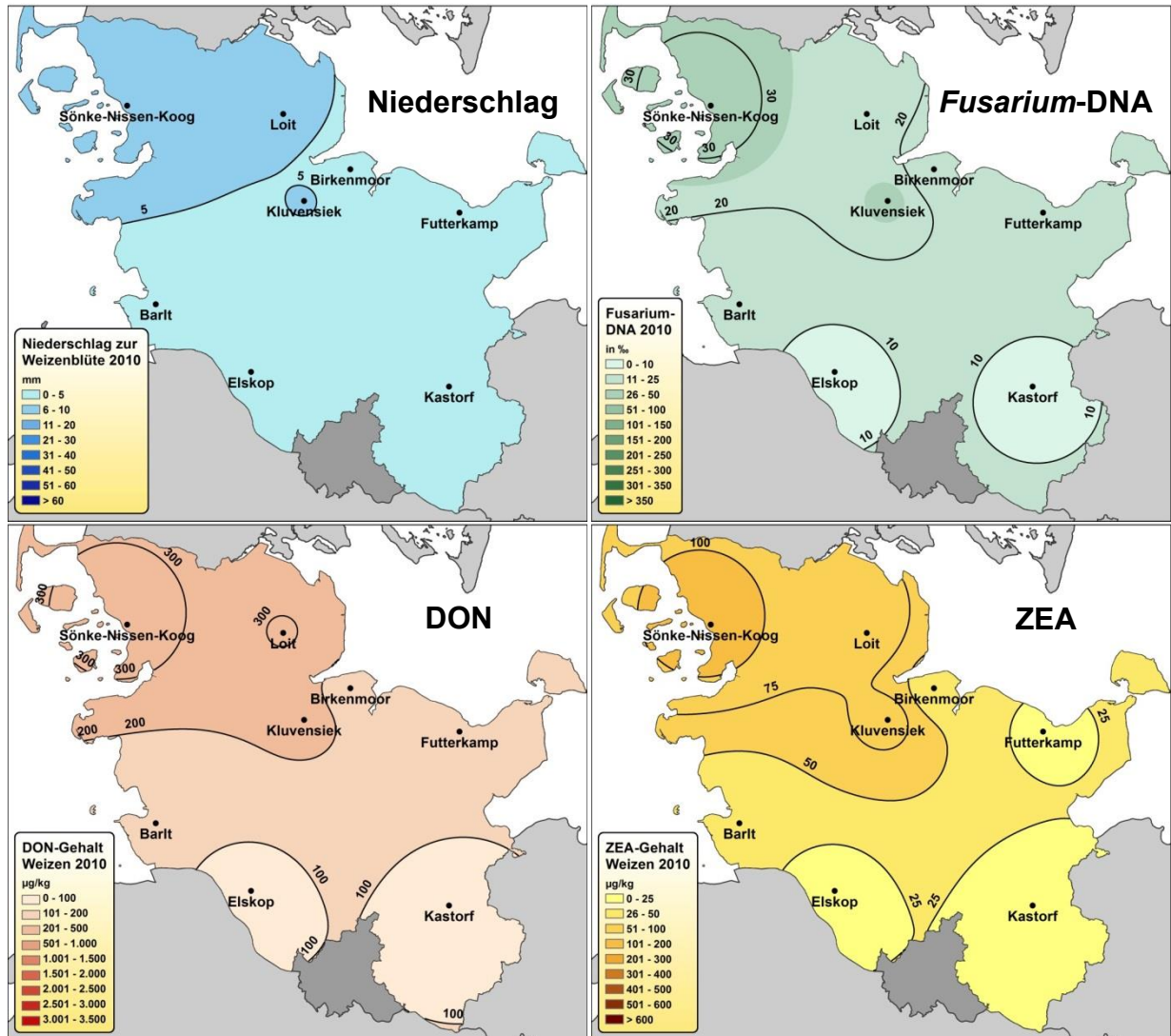


Abb. 49: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung ($\mu\text{g}/\text{kg}$; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010; Darstellung mittels GIS

2011

Noch deutlicher als in 2010 kann der sehr enge Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge zur Zeit der Winterweizenblüte und dem zur Ernte in den Kornproben nachgewiesenen, aufsummierten DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie

4. Ergebnisse

der DON- und ZEA-Belastung ausgemacht werden, wobei die festgestellten, regional unterschiedlichen Niederschlagsintensitäten sich in den regional unterschiedlichen *Fusarium*-Befallsintensitäten sowie DON- und ZEA-Gehalten des Ernteguts wiederfinden (Abb. 50).

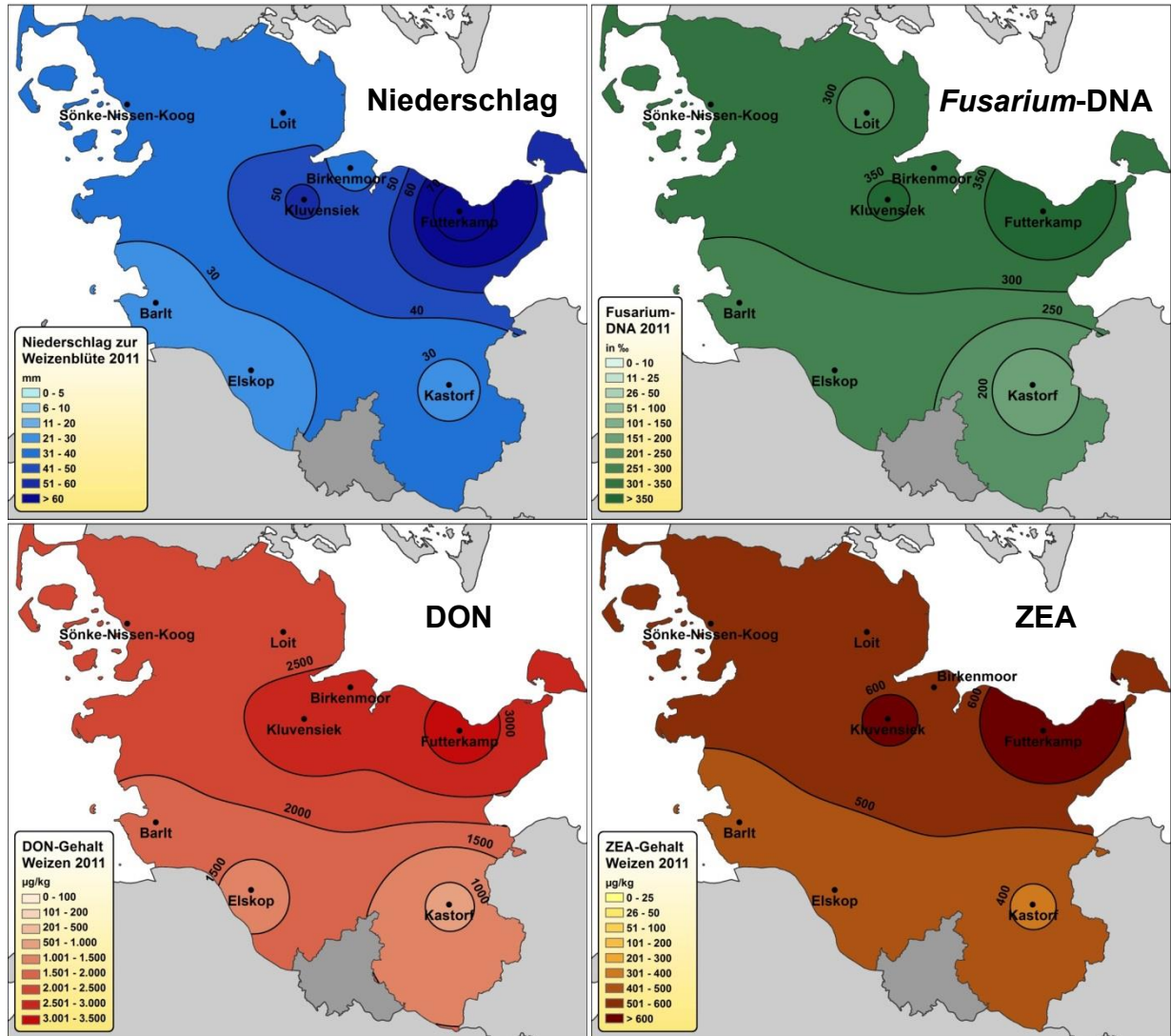


Abb. 50: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung (µg/kg; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011; Darstellung mittels GIS

Bedingt wurden die gegenüber dem Vorjahr 2010 stark erhöhten *Fusarium*-DNA-Mengen (Abb. 50, oben rechts) sowie DON- (Abb. 50, unten links) und ZEA-Belastungen (Abb. 50, unten rechts) vor allem durch die zum Zeitpunkt der Weizenblüte gemessenen Niederschläge (Abb. 50, oben links). Vergleichend zu den in 2010 festgestellten mittleren Niederschlagsmengen von 3,9 mm fielen in 2011 mit durchschnittlich 37,9 mm deutlich

höhere Regenmengen zur Blüte des Winterweizens (Tab. 23). Die für 2011 höchsten Niederschläge gingen in der Region um die Standorte Futterkamp und Kluvensiek mit > 60 bzw. > 50 mm nieder, während die geringsten Niederschlagsmengen von < 30 mm im Südwesten Schleswig-Holsteins (südliche Westküste bis Hamburg) sowie im südlichen Teil des Landes um den Standort Kastorf registriert werden konnten. Entsprechend der stärksten Niederschlagsintensitäten zur Weizenblüte konnten die größten DNA-Mengen mit > 300 und > 350 ‰ (Abb. 50, oben rechts) sowie höchsten DON-Gehalte von > 2000 und > 3000 µg/kg (Abb. 50, unten links) und ZEA-Belastungen von > 600 µg/kg ebenso in einem Bereich um die Standorte Futterkamp und Kluvensiek nachgewiesen werden. Sehr ähnlich den für dieses Versuchsjahr geringsten Niederschlagsmengen in einem Korridor von der südlichen Westküste bis zum südöstlichen Teil des Landes, waren auch hier die Belastungen mit DON und ZEA am geringsten. Ausgenommen der Region um den Standort Kastorf, an dem die Niederschläge erst zum Ende der Blüte einsetzten, lagen überregional durch die befallsfördernden Niederschläge zur Weizenblüte die DON-Gehalte zum Teil deutlich oberhalb des gesetzlich festgelegten Höchstwertes von 1250 µg/kg. Eine Überschreitung des ZEA-Grenzwertes von 100 µg/kg war in diesem Erntejahr in allen Landesteilen mit Gehalten, die den Grenzwert um das vier- bzw. sechsfache überschritten, gegeben.

2012

Im Versuchsjahr 2012 wurden durch die agrarmeteorologischen Messstationen landesweit durchschnittlich 28,1 mm Niederschlag aufgezeichnet (Tab. 23), wobei, wie in den Jahren zuvor, deutliche regionale Unterschiede auftraten. Die höchsten Niederschlagsintensitäten waren im Nordwesten Schleswig-Holsteins mit > 30 mm zu verzeichnen, wobei die Schwerpunkte um die Standorte Loit und Sönke-Nissen-Koog mit > 40 bzw. > 50 mm lokalisiert waren. Die im restlichen Land registrierten Niederschläge lagen zwischen 20 und 30 mm, ausgenommen des Korridors um die Standorte Birkenmoor und Kluvensiek mit < 20 mm (Abb. 51, oben links). Die stärksten Progressionen von *F. culmorum* und *F. graminearum* konnten entsprechend der höchsten Niederschläge ebenso im Nordwesten des Landes und des Weiteren um den Standort Elskop mit > 100 bzw. 200 ‰ detektiert werden, die niedrigsten aufsummierten Befallsintensitäten vergleichend zur Niederschlagsmenge in der Region um die Standorte Birkenmoor und Kluvensiek mit < 50 ‰ (Abb. 51, oben rechts). Die DON-Belastung folgte in sehr ähnlicher Weise der Verteilung der Niederschläge sowie analysierten DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Abb. 51, unten links) mit Gehalten > 1000 µg/kg im nordwestlichen Schleswig-Holstein sowie Belastungen < 500 µg/kg im Bereich Birkenmoor/Kluvensiek. Hinsichtlich der ZEA-Kontamination war ein ähnliches Verteilungsmuster nachweisbar, wobei ZEA-Gehalte

4. Ergebnisse

oberhalb des Höchstmgewertes von 100 µg/kg wiederum im Nordwesten des Landes sowie um den Standort Elskop nachzuweisen waren mit einem Schwerpunkt von > 300 µg/kg um den Standort Loit. Vergleichend zur Befallsintensität von *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie der DON-Belastung waren in der Region Birkenmoor/Kluvensiek ebenso die landesweit geringsten ZEA-Werte mit < 50 µg/kg festzustellen (Abb. 51, unten rechts).

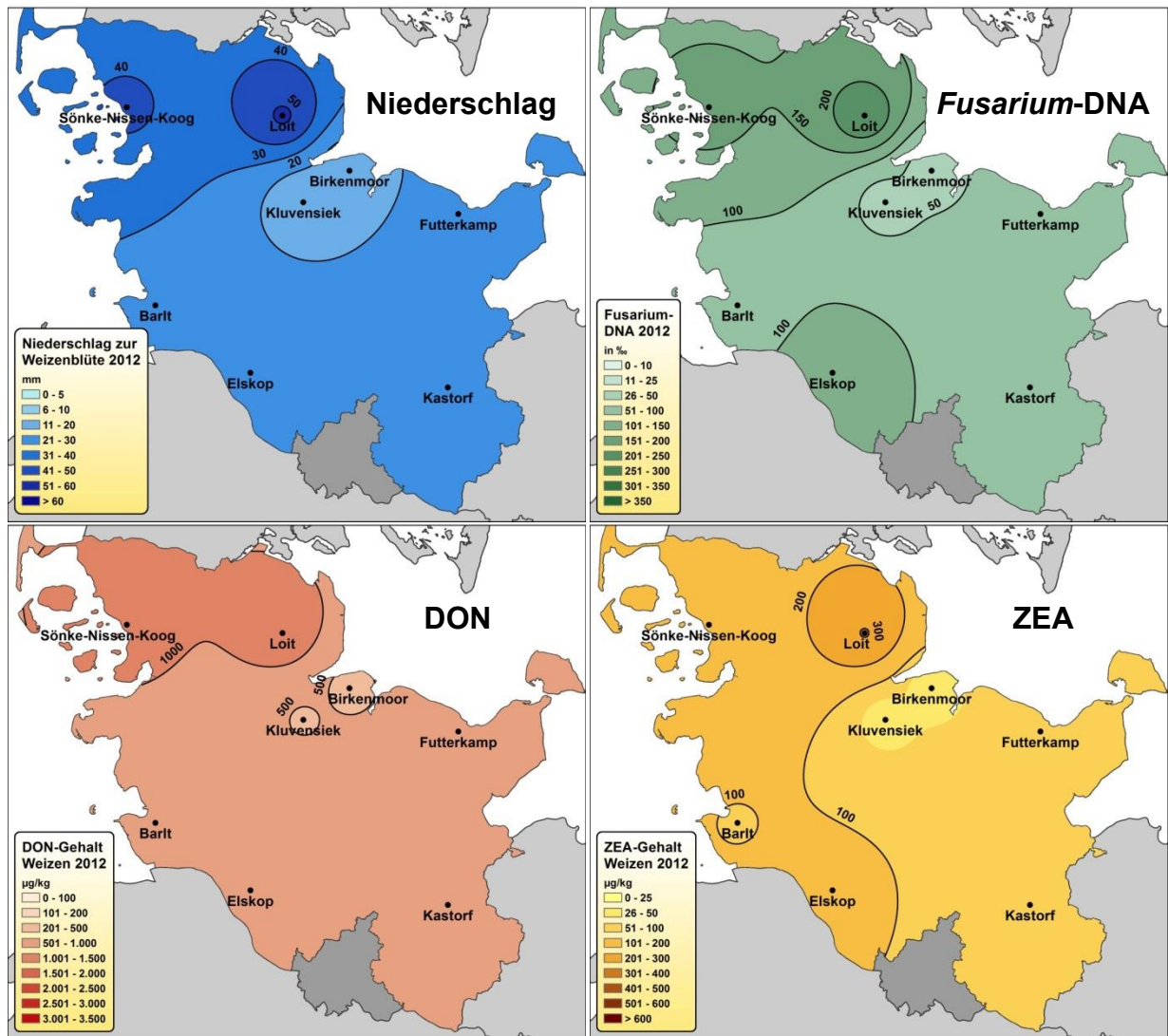


Abb. 51: Zusammenhang zwischen regionalen Niederschlagsmengen (mm) während der Weizenblüte (oben links) und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰; oben rechts) sowie der DON- (unten links) und ZEA-Belastung (µg/kg; unten rechts) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012; Darstellung mittels GIS

In den nachfolgenden Abbildungen 52 bis 54 sind zusammenfassend für die Versuchsjahre 2008 bis 2012 der quantitative Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge während der Winterweizenblüte und den ermittelten *Fusarium*-Befallsintensitäten der Arten

F. culmorum und *F. graminearum* (Abb. 52) sowie DON- (Abb. 53) und ZEA-Gehalten (Abb. 54) dargestellt. Bei der Betrachtung aller drei genannten Zusammenhänge wird deutlich, dass jahresübergreifend allein durch die Niederschlagsintensität zur Weizenblüte die Unterschiede in der *Fusarium*-Befallsintensität sowie DON- und ZEA-Belastung nicht erklärt werden können, wobei in den Einzeljahren die einzelnen Befallsparameter mit den gemessenen Niederschlagsmengen in einem engeren Zusammenhang stehen als es bei der zusammenfassenden Betrachtung aller Versuchsjahre 2008 bis 2012 der Fall ist. Die Streuung der Einzelwerte der einzelnen Versuchsjahre um die jeweilige Regressionskurve ist hierbei mitunter groß, womit hohe Niederschlagsintensitäten zur Blüte des Winterweizens nicht auch zwingend einen statistisch abgesicherten hohen Befall mit *F. culmorum* und *F. graminearum* bzw. den Mykotoxinen DON und ZEA induzieren. Dies ist aus den Bestimmtheitsmaßen von $R^2 = 0,674$ (Niederschlag vs. *Fusarium*-Befallsstärke), $R^2 = 0,631$ (Niederschlag vs. DON-Gehalt) und $R^2 = 0,432$ (Niederschlag vs. ZEA-Gehalt) ersichtlich. Beispielsweise liegen die Werte der drei aufgeführten Befallsparameter des Jahres 2011 deutlich oberhalb der Regressionskurve, während für das Versuchsjahr 2009, in dem ähnlich hohe Niederschläge verzeichnet werden konnten, die erhobenen Befallsintensitäten mit *F. culmorum* und *F. graminearum* bzw. die DON- und ZEA-Gehalte unterhalb der dargestellten Regressionskurven zu finden sind.

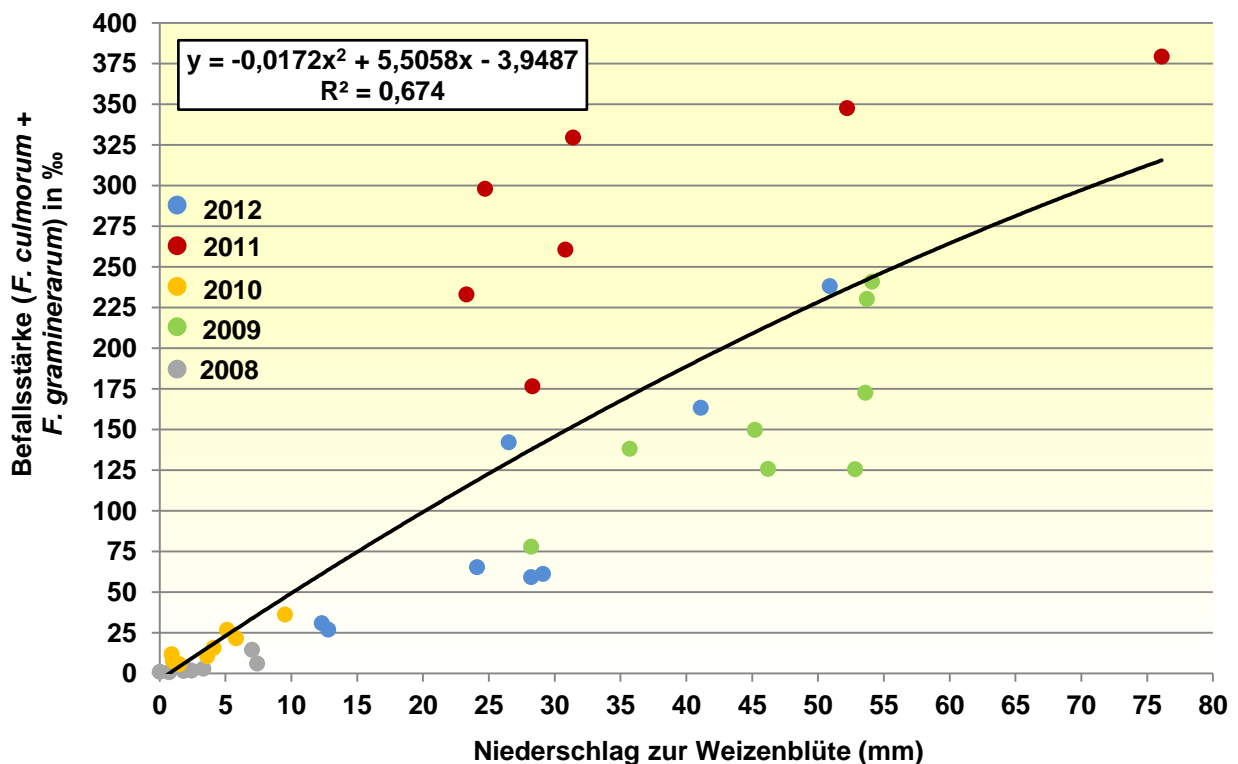


Abb. 52: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

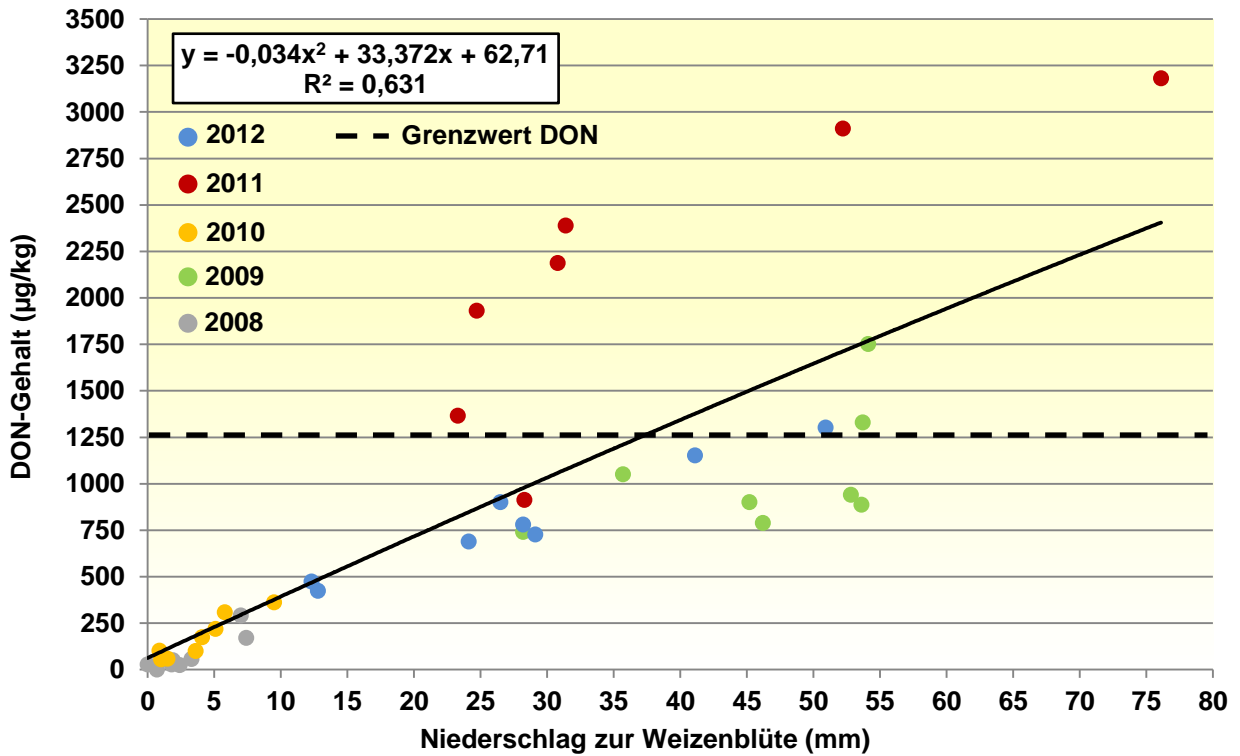


Abb. 53: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

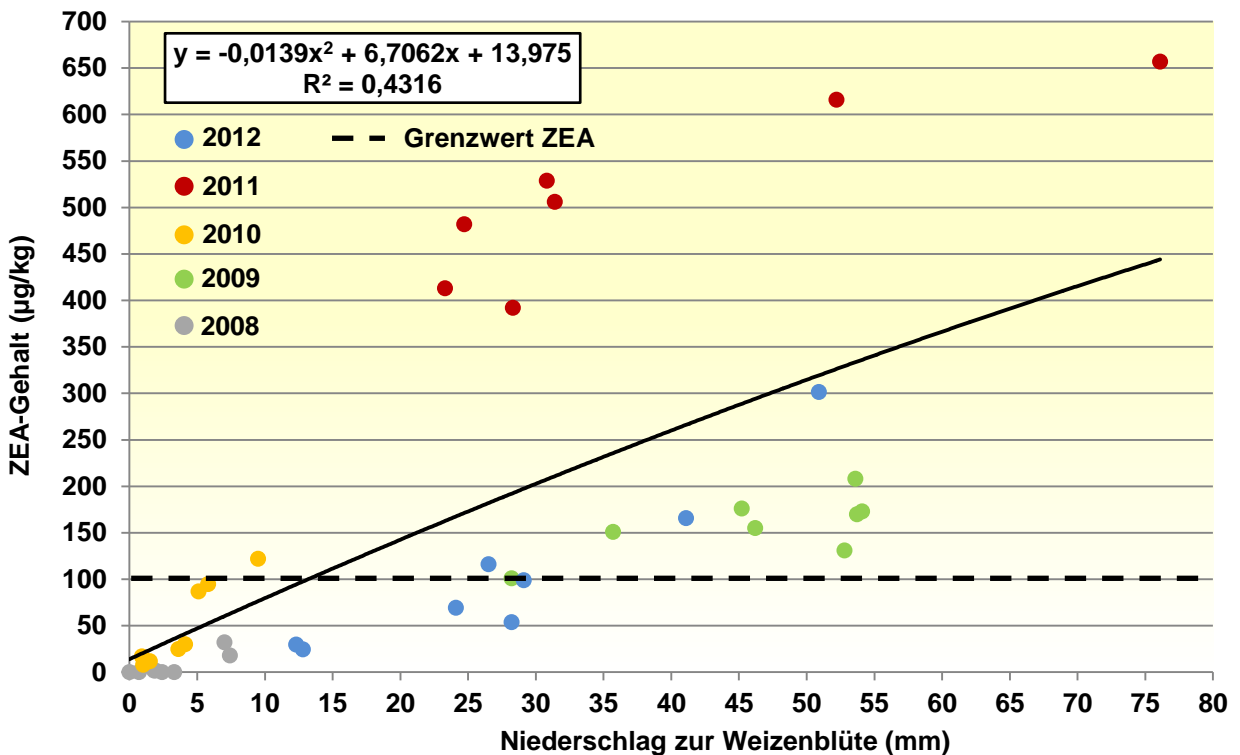


Abb. 54: Zusammenhang zwischen der Niederschlagsmenge (mm) während der Weizenblüte und dem ZEA-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Durch die Einbeziehung der Einflussgröße Temperatur wird der quantitative Zusammenhang zwischen den nicht steuerbaren Witterungsparametern Niederschlag und Temperatur zur Weizenblüte und der aufsummierten *Fusarium*-Befallsstärke der Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie DON- und ZEA-Belastung besser erklärt, als bei alleiniger Betrachtung des Niederschlages (Abb. 55).

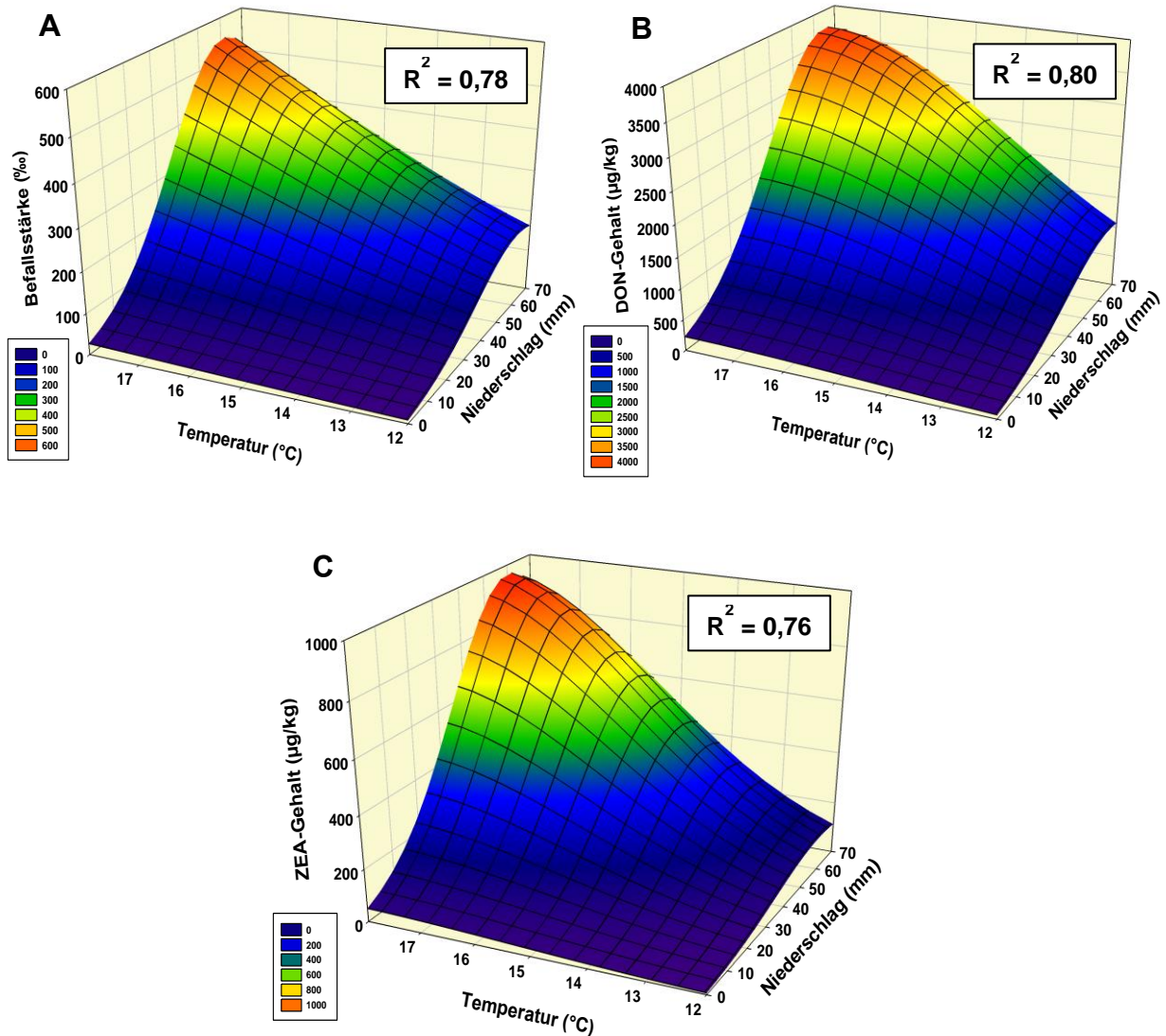


Abb. 55: Zusammenhang zwischen Niederschlag (mm) und Temperatur (°C) während der Weizenblüte und der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (A; Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰), der DON- (B; µg/kg) sowie ZEA-Belastung (C; µg/kg) im Ertegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Hierbei korrelieren die aufgezeichneten Niederschläge und Temperaturen als Haupteinflussfaktoren von *Fusarium*-Infektionen bei Getreidearten zur Zeit der Blüte mit den zur Ernte in den Kornproben nachgewiesenen DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Abb. 55 A) sowie DON- (Abb. 55 B) und ZEA-Gehalten (Abb. 55 C) in

hohem Maße. Dabei begünstigen steigende Niederschläge in Kombination mit ansteigenden Temperaturen stärkere Infektionen mit *F. culmorum* und *F. graminearum* und damit resultierend erhöhte Mykotoxingehalte mit DON und ZEA in den Erntekornproben des Winterweizens, was aus dem Steigungsverhalten der in Abbildung 55 dargestellten Flächen zu entnehmen ist. Hingegen ist das Risiko erhöhter DON- und ZEA-Kontaminationen sowie *Fusarium*-Befallsintensitäten durch ausbleibende bzw. geringe Niederschlagsmengen und kühlen, aber auch wärmeren Temperaturen als gering einzustufen. Durch die Berücksichtigung der Temperatur ergeben sich gegenüber den zuvor dargestellten Regressionen der Abbildungen 52 bis 54 bessere, statistisch abgesicherte quantitative Beziehungen zwischen den unabhängigen Einflussgrößen Niederschlag und Temperatur und den abhängigen Befallsparametern *Fusarium*-Befallsintensität (*F. culmorum* + *F. graminearum*) sowie DON- und ZEA-Belastung. Die gesteigerte Güte der einzelnen Regressionen wird aus den Bestimmtheitsmaßen von $R^2 = 0,78$ (Niederschlag + Temperatur vs. *Fusarium*-Befallsstärke), $R^2 = 0,80$ (Niederschlag + Temperatur vs. DON-Gehalt), und $R^2 = 0,76$ (Niederschlag + Temperatur vs. ZEA-Gehalt) deutlich.

Durch die kombinierte Betrachtung der beiden Einflussfaktoren Niederschlag und Temperatur und den drei Befallsparametern sind die in den beiden Versuchsjahren 2009 und 2011 ermittelten Unterschiede der *Fusarium*-Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie der DON- und ZEA-Belastung zu erklären. 2009 fielen zur Blüte des Weizens mit standortübergreifend 46,2 mm ähnliche Regenmengen wie in 2011 (37,9 mm), jedoch lagen die Temperaturen in 2011 während der Blühphase mit durchschnittlich 16,1 °C um 3,4 °C höher als in 2009 mit 12,7 °C, woraus letztendlich die erhöhten DON- und ZEA-Gehalte bzw. *Fusarium*-DNA-Mengen resultieren.

4.2.5 Einfluss der Sortenwahl auf die Mykotoxinbelastung des Winterweizens im Erntejahr 2012

Im Folgenden wird der Einfluss der Sortenwahl auf die Kontamination mit den Mykotoxinen DON und ZEA im Erntegut des Winterweizens an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein des Erntejahres 2012 dargestellt. Neben der routinemäßigen Analyse von A- und B-Trichothecenen sowie ZEA wurden für dieses Versuchsjahr die Ernteproben zusätzlich auf den DON-Metaboliten DON-3-Glucosid (D3G) untersucht.

In Abbildung 56 sind die DON-Gehalte der fungizidunbehandelten Kontrolle der drei, in ihrer Anfälligkeit gegenüber Fusarien unterschiedlichen Winterweizensorten Ritmo, Inspiration und Dekan sowie die prozentuale DON-Reduktion der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo abgebildet. In der durch das Bundessortenamt als hochanfällig gegenüber *Fusarium* spp. eingestuften Sorte Ritmo (*Fusarium*-Anfälligkeit 7) konnte im Mittel aller Standorte des Versuchsjahres 2012 eine DON-Belastung von 807 µg/kg analysiert

werden. Im Vergleich hierzu wurde in der als gering bis mittel anfällig eingestuft Sorten Dekan (*Fusarium*-Anfälligkeit 4) die DON-Belastung deutlich um 66 % auf einen durchschnittlichen Wert von 299 µg/kg reduziert, während in der Sorte Inspiration, welche als mittel bis stark anfällig einzustufen ist (*Fusarium*-Anfälligkeit 6), die Verminderung der DON-Kontamination gegenüber der Referenzsorte Ritmo mit 15 % bzw. einer mittleren Belastung von 694 µg/kg als geringer einzuordnen ist. Die DON-Reduktion der Sorte Dekan gegenüber der Sorte Ritmo variierte in einem Bereich von 43 % am Standort Sönke-Nissen-Koog bis 79 % am Standort Birkenmoor, wohingegen durch die Sorte Inspiration Reduktionsleistungen von 9 bis 34 % erreicht wurden, wobei an den Standorten Barlt und Elskop DON-Gehalte knapp oberhalb (3 %) des Ritmo analysiert werden konnten. An allen Standorten konnte durch die Wahl der Sorte Dekan die DON-Belastung gegenüber den Sorten Inspiration und Ritmo signifikant verringert werden, während für die Sorte Inspiration signifikante DON-Reduktionen gegenüber der Sorte Ritmo nur an den Standorten Futterkamp, Kastorf und Kluensiek festgestellt wurde. Die höchsten DON-Werte waren an den Standorten Loit, an dem einzig der Höchstmengenwert von 1250 µg/kg in 2012 überschritten wurde, und Sönke-Nissen-Koog in der Sorte Ritmo mit 1303 bzw. 1152 µg/kg zu finden. Vergleichend zur Sorte Ritmo konnte in der Sorte Inspiration am Standort Loit der DON-Gehalt um 13 % knapp unterhalb des Höchstmengenwertes auf 1146 µg/kg reduziert werden, wohingegen in der Sorte Dekan die Belastung deutlich um 52 % auf 620 µg/kg vermindert wurde. Am Standort Sönke-Nissen-Koog konnte ein ähnliches Niveau der DON-Verminderung (Inspiration 13 %; Dekan 43 %) erreicht werden, wodurch eine Überschreitung des DON-Grenzwertes mit Werten von 652 µg/kg (Dekan) bzw. 1004 µg/kg (Inspiration) vermieden werden konnte. An den anderen Standorten mit den insgesamt geringsten DON-Kontaminationen wurden durch die Sortentoleranz der Sorte Dekan die prozentuale DON-Reduktion noch weiter erhöht, auf vergleichbare Werte von 63 % am Standort Barlt bis maximal 79 % an den Standorten Birkenmoor und Futterkamp. Diesbezüglich war die Variationsbreite der DON-Minderung der mittel bis stark anfälligen Sorte Inspiration deutlich stärker. Das Niveau war an den Standorten Futterkamp, Kastorf und Kluensiek mit 26 bis 34 % ähnlich, wohingegen am Standort Birkenmoor die Minderung mit 9 % als gering einzustufen war. In Barlt und Elskop lagen die DON-Werte mit 746 und 928 µg/kg, wie zuvor schon erwähnt, um 3 % oberhalb der Belastung der Sorte Ritmo.

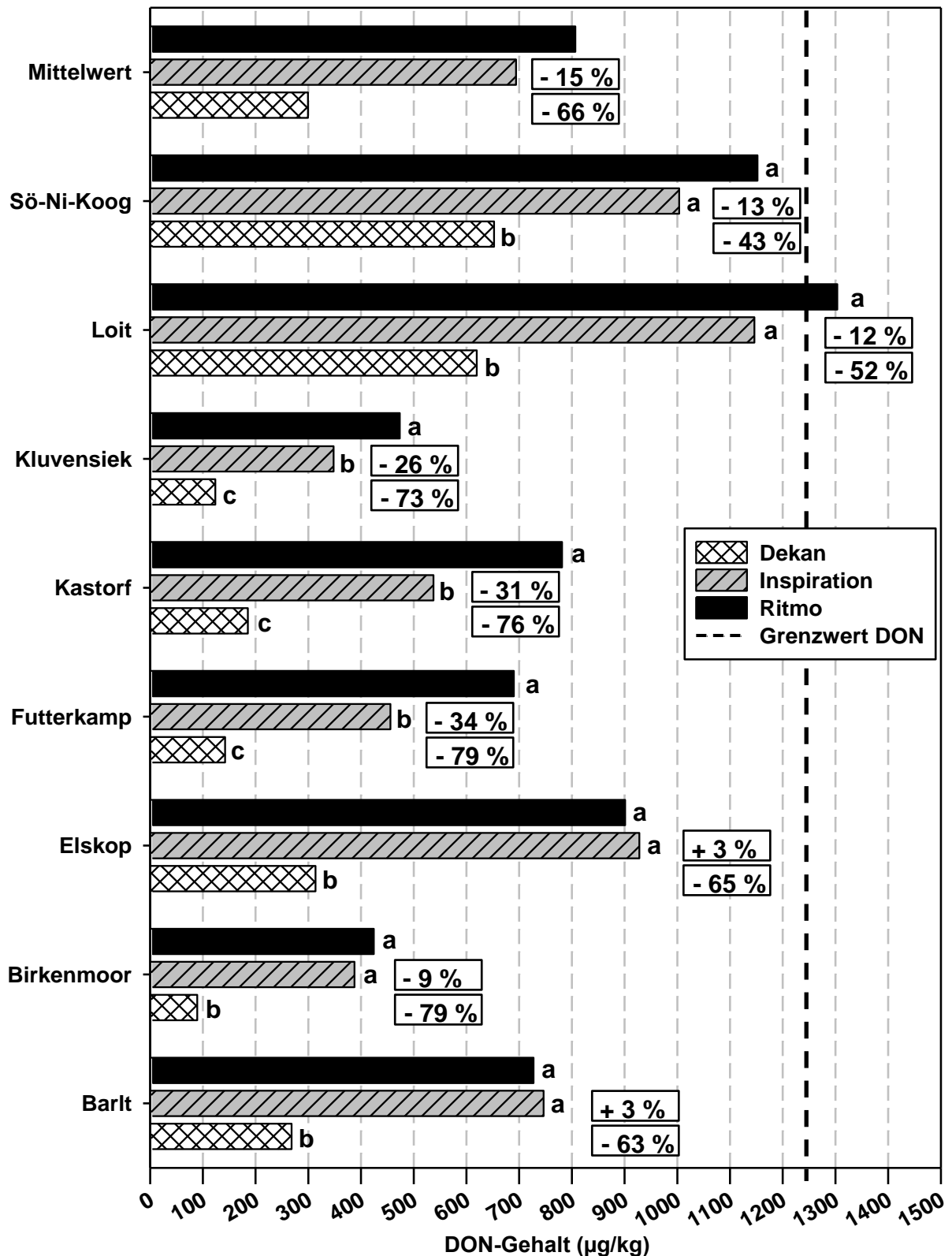


Abb. 56: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und die prozentuale DON-Reduktion der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo; Grenzwert DON = $1250 \mu\text{g}/\text{kg}$; Sö-Ni-Koog = Sönke-Nissen-Koog; Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)

In Hinblick auf gesetzlich festgelegte Mykotoxinhöchstmengen kommt den sogenannten „maskierten“ Mykotoxinen eine besondere Bedeutung zu, da diese bei den Standardanalysemethoden keine Berücksichtigung finden und bei Vorhandensein dieser Metaboliten die Belastung des Ernteguts unterschätzt wird. Die folgende Abbildung 57 zeigt die schon zuvor dargestellten DON-Gehalte der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan der fungizidunbehandelten Kontrolle an den acht IPS-Monitoring-Standorten unter Berücksichtigung des „maskiertes“ DONs (D3G) im Erntegut des Winterweizens sowie im Mittel aller Standorte und die prozentualen Anteile von D3G am Gesamt-DON-Gehalt der drei Winterweizensorten. In allen Erntekornproben der acht Standorte und allen Sorten konnte der DON-Metabolit DON-3-Glucosid nachgewiesen werden. In der hochanfälligen Sorte Ritmo lagen durchschnittlich 10 % des Gesamt-DON (DON + D3G) in der verzuckerten Form vor, so dass im Mittel der Standorte die Belastung einen Wert von 892 statt 807 µg/kg (+ 85 µg/kg) aufwies. Der Anteil von D3G war in der mittel bis stark anfälligen Sorte Inspiration mit 13 % ähnlich hoch wie in der Sorte Ritmo, wodurch der reale DON-Gehalt von 694 auf 788 µg/kg (+ 94 µg/kg) hochkorrigiert werden muss. In der toleranteren Sorte Dekan konnte mit einem Anteil des glucosylierten DONs am Gesamt-DON von 24 % der prozentual deutlich höchste Wert aller drei Sorten nachgewiesen werden. Der tatsächliche DON-Gehalt erreichte somit einen Höhe von 382 statt 299 µg/kg (+ 83 µg/kg). Der Anteil des D3G am Gesamt-DON variierte im Ritmo von 6 (Loit) bis 13 % (Kastorf und Kluvensiek), im Inspiration von 9 (Loit und Sönke-Nissen-Koog) bis 18 % (Kluvensiek) und im Dekan zwischen 17 (Loit) und 29 % (Kastorf und Kluvensiek). Die absoluten Mengen an glucosylierten DON lagen im Mittel der Standorte mit 85 µg/kg in der Sorte Ritmo (Spannbreite: 59 bis 113 µg/kg), 94 µg/kg in der Sorte Inspiration (Spannbreite: 64 bis 118 µg/kg) und 83 µg/kg in der Sorte Dekan (Spannbreite: 22 bis 143 µg/kg) auf einem ähnlichen Niveau, obwohl, wie zuvor gezeigt, die mittleren prozentualen D3G-Mengen am Gesamt-DON sich zwischen den Sorten unterschieden. Während bei der Betrachtung der DON-Belastung ohne „maskiertes“ DON eine Überschreitung des DON-Höchstmengenwertes von 1250 µg/kg lediglich einmal am Standort Loit in der Sorte Ritmo (1303 µg/kg) festgestellt werden konnte, so wurde bei der Berücksichtigung von D3G dieser Grenzwert insgesamt dreimal überschritten: am Standort Loit in den Sorten Ritmo (1389 statt 1303 µg/kg) und Inspiration (1257 statt 1146 µg/kg) sowie am Standort Sönke-Nissen-Koog in der Sorte Ritmo (1265 statt 1152 µg/kg).

4. Ergebnisse

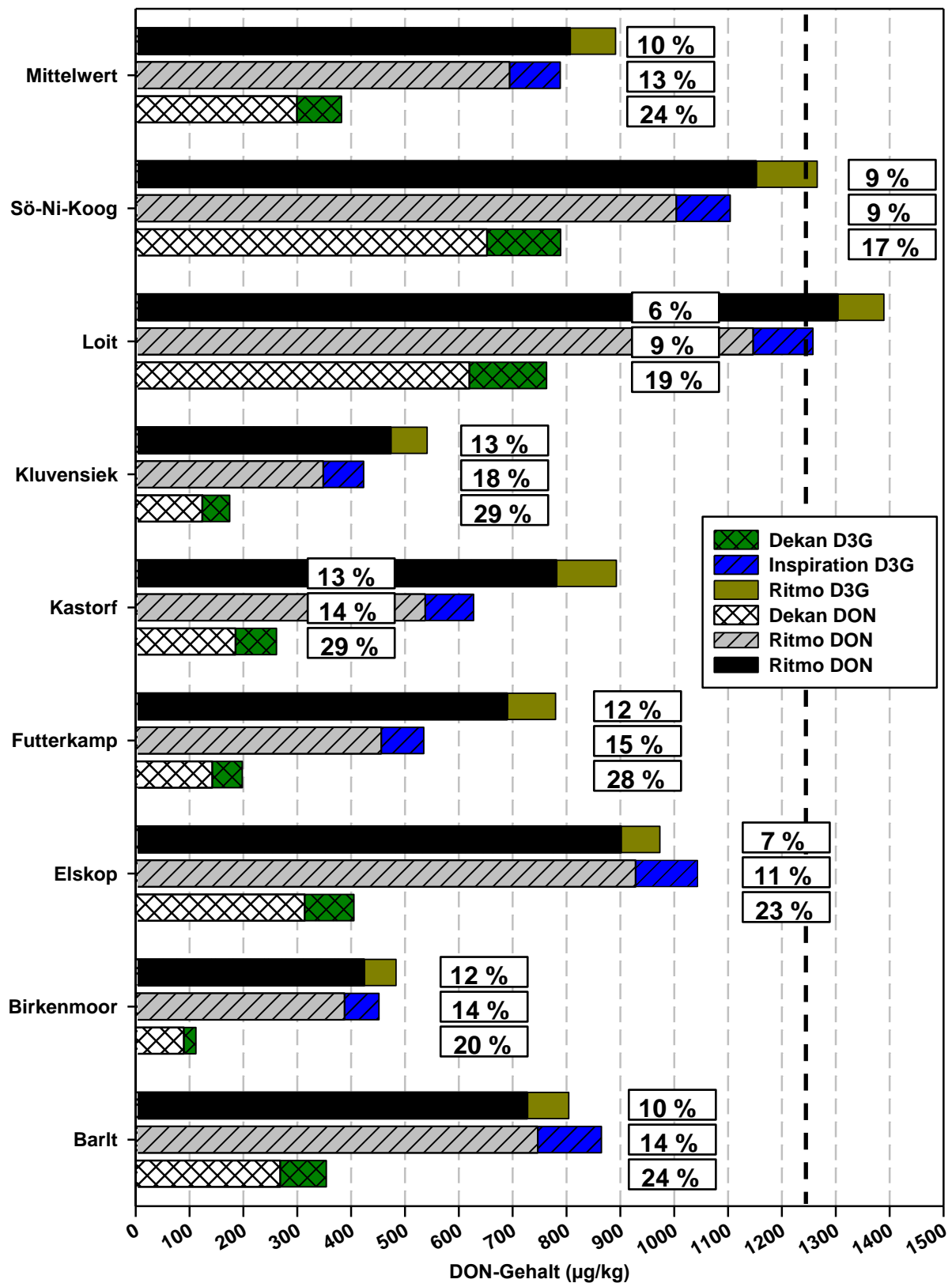


Abb. 57: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) unter Berücksichtigung von „maskiertem“ DON (D3G) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und prozentuale Anteile vom „maskiertem“ DON (D3G) am Gesamt-DON-Gehalt der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan; Grenzwert DON = $1250 \mu\text{g}/\text{kg}$

Abbildung 58 dokumentiert die ZEA-Gehalte der drei zuvor genannten Winterweizensorten sowie die prozentualen Reduktionen der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo. Die höchsten ZEA-Gehalte aller drei Sorten waren an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog festzustellen, die niedrigsten in Birkenmoor und Kluvensiek. Standortübergreifend konnte im hochanfälligen Ritmo eine ZEA-Belastung von 108 µg/kg erfasst werden, wohingegen in der Sorte Inspiration die Gehalte um 38 % auf 66 µg/kg und im Dekan um 75 % auf 29 µg/kg reduziert wurden. Die ZEA-Reduktion variierte in der Sorte Inspiration gegenüber der Sorte Ritmo in einem Bereich von 23 % in Barlt bis 57 % am Standort Futterkamp, wohingegen im Dekan die ZEA-Gehalte in einem Bereich von 70 % am Standort Barlt bis 83 % am Standort Kluvensiek vermindert werden konnten. An allen Standorten konnte durch die Sorte Dekan die ZEA-Belastung gegenüber den Sorten Ritmo und Inspiration mit Ausnahme des Standortes Futterkamp signifikant verringert werden, während für die Weizensorte Inspiration signifikante ZEA-Reduktionen an fünf Standorten (ausgenommen Barlt, Birkenmoor, Elskop) festgestellt wurden. Der Höchstmengenwert für ZEA von 100 µg/kg wurde insgesamt viermal in der Sorte Ritmo an den Standorten Barlt (102 µg/kg), Elskop (116 µg/kg), Loit (302 µg/kg) und Sönke-Nissen-Koog (166 µg/kg) überschritten. In der Sorte Inspiration war dies an den Standorten Loit mit 173 µg/kg und Sönke-Nissen-Koog mit 106 µg/kg der Fall, wohingegen in Barlt und Elskop die Belastung unterhalb des Höchstmengenwertes auf 77 und 79 µg/kg vermindert werden konnte. Für die *fusariumtolerantere* Sorte Dekan war eine Überschreitung des Grenzwertes an keinem der acht Standorte zu verzeichnen. Überregional wurde der ZEA-Höchstmengenwert deutlich unterschritten. Lediglich am Standort Loit konnte eine Überschreitung mit 94 µg/kg nur knapp vermieden werden, wobei dieser Wert jedoch im Vergleich zu den beiden Sorten Ritmo und Inspiration mit 302 und 173 g/kg vergleichsweise gering war.

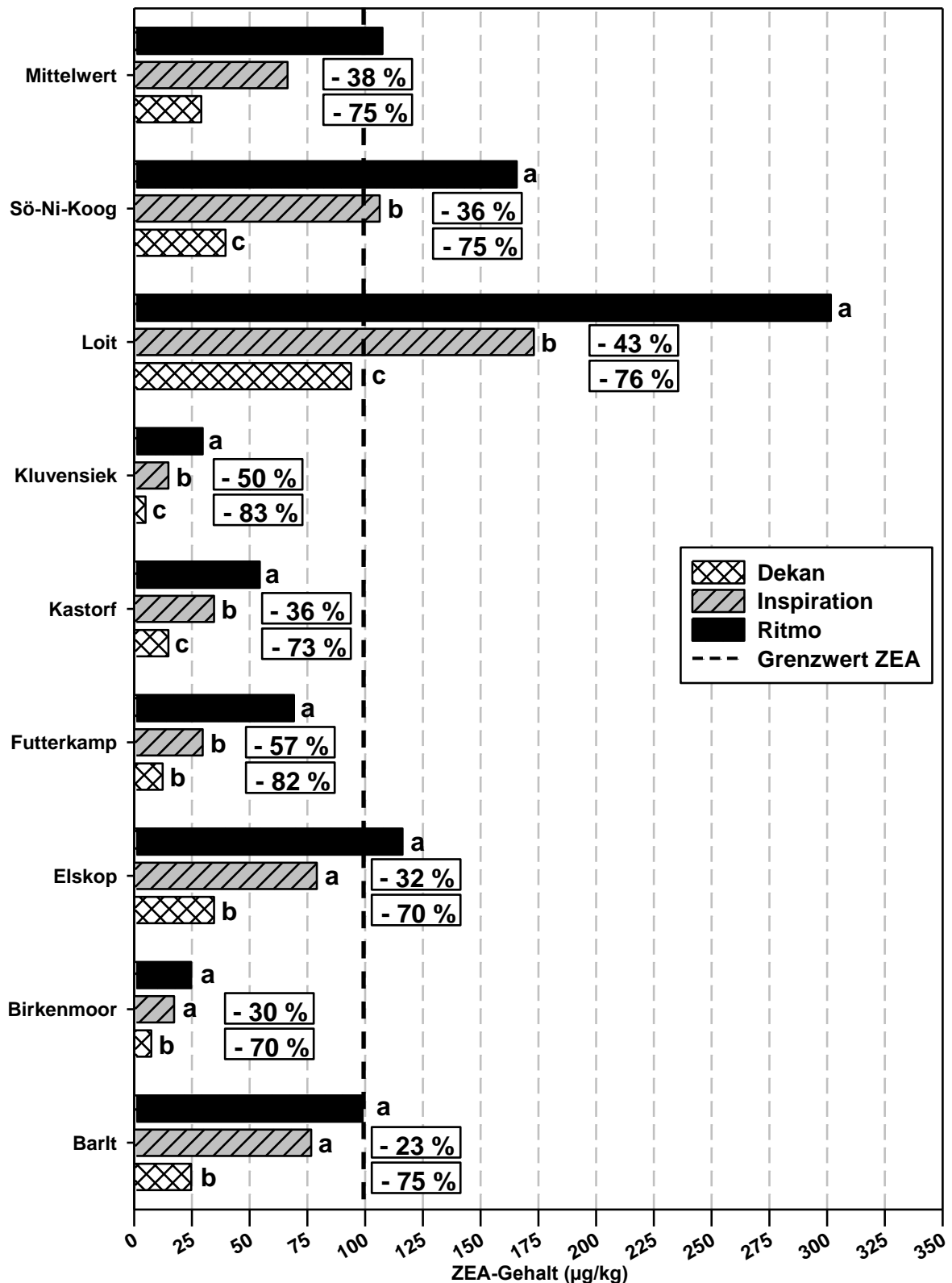


Abb. 58: ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorten Ritmo, Inspiration und Dekan an den acht IPS-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012 sowie im Mittel aller Standorte und prozentuale ZEA-Reduktion der Sorten Inspiration und Dekan gegenüber der Referenzsorte Ritmo; Grenzwert ZEA = $100 \mu\text{g}/\text{kg}$; Sö-Ni-Koog = Sönke-Nissen-Koog; Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)

4.2.6 Einfluss fungizider Gegenmaßnahmen auf die *Fusarium*-Befallsintensität sowie DON- und ZEA-Belastung

Im nachfolgenden Kapitel wird der Einfluss fungizider Gegenmaßnahmen auf den Befall des Winterweizens der Sorte Ritmo mit *Fusarium*-Arten und die Mykotoxinbelastung des Ernteguts gegenüber der fungizidunbehandelten Kontrolle aufgezeigt. In den Versuchsjahren 2008 bis 2010 kam zur Vollblüte das Triazolfungizid Prosaro mit den *fusarium*wirksamen Wirkstoffen Tebuconazol und Prothioconazol zur Anwendung. 2011 und 2012 wurde die Blütenapplikation mit dem Fungizid Osiris und den darin enthaltenen Wirkstoffen Epoxiconazol und Metconazol durchgeführt.

Im Mittel der Jahre und Standorte konnten in der fungizidbehandelten Gesundheitsvariante durch den Einsatz der Fungizide Prosaro (1,0 l/ha; 2008 bis 2010) und Osiris (2,5 l/ha; 2011 und 2012) zur Winterweizenblüte die Gesamt-*Fusarium*-DNA-Menge, dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA, im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle deutlich um 47 % vermindert werden, wobei die Gesamt-Befallsstärke von 137,1 auf 72,0 ‰ reduziert wurde (Abb. 59).

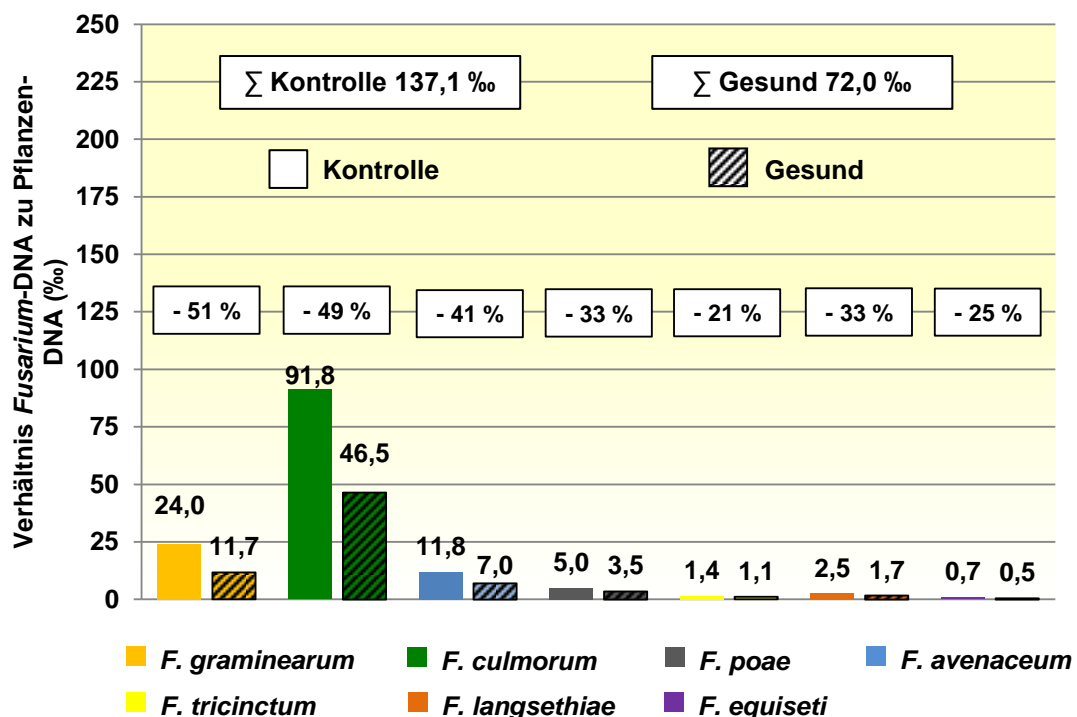


Abb. 59: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundheitsvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundheitsvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Für die im Winterweizen der Versuchsjahre 2008 bis 2012 dominierenden DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* konnten die Befallsintensitäten um 49 bzw. 51 % auf 11,7 und 46,5 ‰ vermindert werden. Beide Arten dominierten in der Gesundvariante ähnlich wie in der unbehandelten Kontrolle deutlich das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen mit einem Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 81 %, wobei für *F. culmorum* mit 65 % und *F. graminearum* mit 14 % fast nahezu identische prozentuale Anteile wie in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante der Jahre 2008 bis 2012 festgestellt werden konnten. Mit einem Anteil von 10 und 5 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA stellten *F. avenaceum* und *F. poae* die dritt- und vierthäufigsten auftretenden Arten in der Gesundvariante dar, wobei die nachgewiesenen DNA-Mengen um durchschnittlich 41 und 33 % vermindert wurden. Für *F. tricinctum* und *F. langsethiae* wurden Wirkungsgrade von 21 und 33 % erreicht, wobei jedoch die nachgewiesenen DNA-Mengen in beiden Versuchsvarianten auf einem sehr geringen Niveau lagen. Diese beiden Arten spielten ebenso wie *F. equiseti* nur eine sehr untergeordnete Rolle im Gesamt-*Fusarium*-Komplex.

Die zusammenfassende Darstellung der fünf Versuchsjahre berücksichtigt nicht die ermittelten Befallsstärken der Kontrollvariante des Standortes Elskop im Erntejahr 2011, da an diesem Standort keine Gesundvariante angelegt wurde und daher die Daten für die Berechnung nicht mit einbezogen wurden. Dadurch ergeben sich leicht abweichende Werte der fungizidunbehandelten Kontrolle im Vergleich zu den in Abbildung 25 dargestellten Werten (Kontrollvariante inklusive des Standortes Elskop).

Im befallsschwachen Versuchsjahr 2008 konnten in der Gesundvariante die aufsummierten Befallsintensitäten der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. tricinctum* um 39 % vergleichend zur unbehandelten Kontrolle reduziert werden, wobei jedoch insgesamt nur sehr geringe Gesamt-DNA-Mengen vorlagen, die von 9,5 auf 5,7 ‰ verringert werden konnten (Abb. 60). Trotz der in der Kontrolle vorliegenden geringen Befallsintensitäten konnten in der Fungizidvariante die einzelnen *Fusarium*-Arten nicht vollends eliminiert werden, so dass ein latenter Befall für alle Arten nachweisbar war. Der Fungizidwirkungsgrad variierte zwischen 21 (*F. tricinctum*) und 51 % (*F. graminearum*).

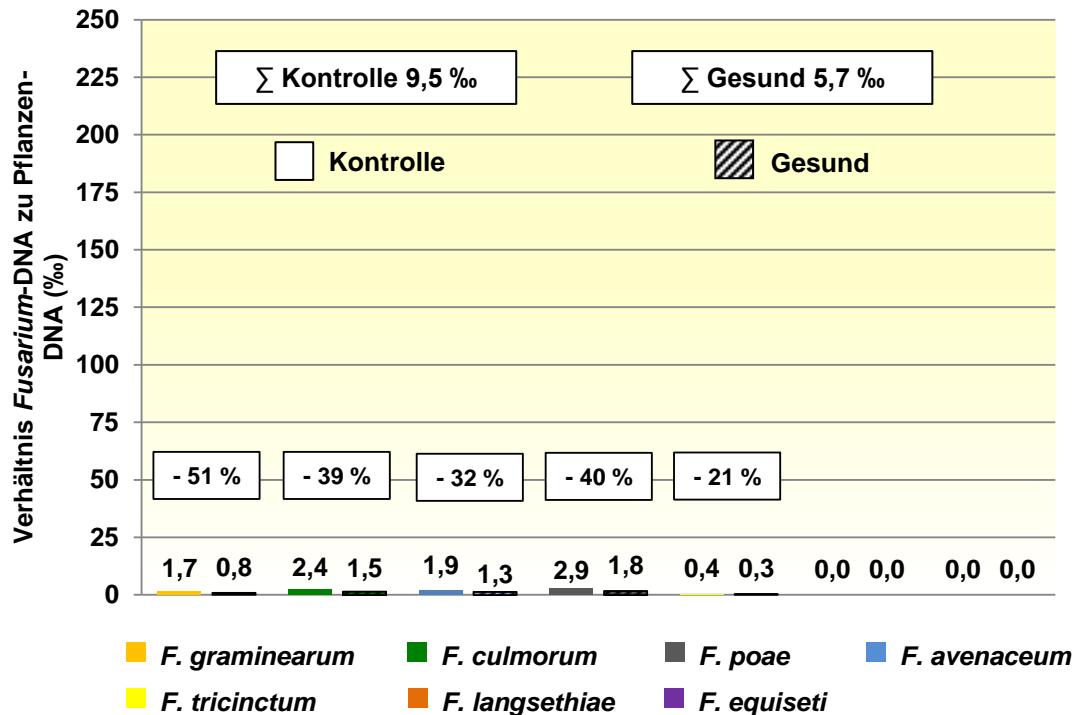


Abb. 60: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008

In dem zum Vorjahr befallsfördernden Erntejahr 2009 führten die überregional durchgeführten *fusarium*spezifischen Fungizidmaßnahmen zur Winterweizenblüte mit dem Präparat Prosaro zu einer Minderung der Gesamt-*Fusarium*-Befallsintensität von 186,1 auf 99,4 ‰, was einer prozentualen Reduktion von 46 % entspricht (Abb. 61). Die höchsten fungiziden Wirkungsgrade wurden für die in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 dominierenden DON- und ZEA-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* mit 48 und 49 % erreicht. Die in der Kontrollvariante nachgewiesene DNA-Menge für *F. culmorum*, die mit 140,1 ‰ 75,8 % der Gesamt-*Fusarium*-DNA ausmachte, konnte auf 72,8 ‰ gesenkt werden. Beide Arten machten mit einem prozentualen DNA-Anteil von 82,3 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA einen größeren Anteil aus, als dies in der Kontrollvariante (75,8 %) der Fall war. Mit 38 und 30 % konnten für *F. avenaceum* und *F. poae* mittlere Wirkungsgrade erreicht werden. *F. avenaceum* stellte in der Gesundvariante mit 9,3 ‰ knapp vor *F. graminearum* (8,9 ‰) die Art mit den zweithöchsten DNA-Mengen dar. Die Befallsintensitäten von *F. tricinatum* und *F. langsethiae* konnten um ein Viertel reduziert werden, für *F. equiseti* sogar um 42 %, wobei für die drei genannten Arten sowohl in der Kontroll- als auch in der Gesundvariante insgesamt nur sehr geringe DNA-Mengen im Erntegut nachweisbar waren.

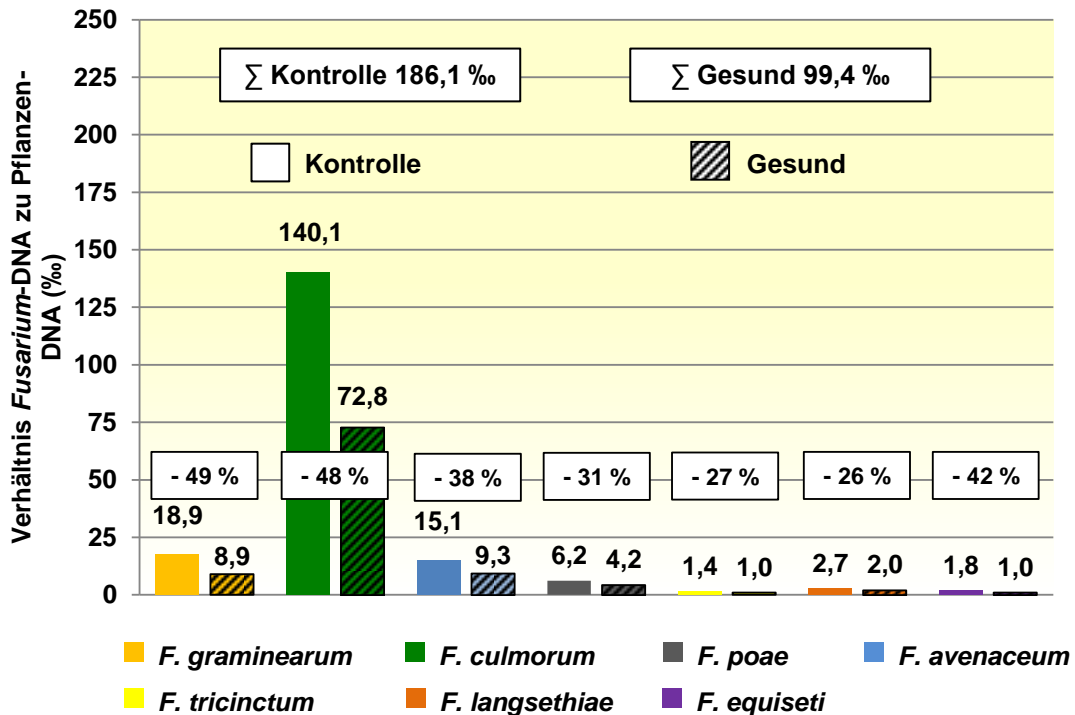


Abb. 61: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009

Wie aus Abbildung 62 ersichtlich, stellte das Erntejahr 2010 ähnlich dem Versuchsjahr 2008 im Winterweizen Schleswig-Holsteins ein vergleichsweise befallsschwaches *Fusarium*-Jahr dar. Die in der Kontrollvariante nachgewiesenen *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum* und *F. langsethiae* waren ebenso in der fungizidbehandelten Gesundvariante an allen Standorten zu detektieren, wobei jedoch durch die zur Blüte durchgeführten Fungizidapplikationen die aufsummierten Befallsintensitäten der genannten sechs *Fusarium*-Arten um 37 % von 27,2 auf 17,3 ‰ reduziert werden konnten. Es wurden Reduktionsleistungen von 29 bis 46 % erreicht, wobei jedoch festzuhalten bleibt, dass der Gesamtbefall auf einem vergleichsweise geringem Level lag. Wie 2008 konnte keine *Fusarium*-Art, auch wenn diese nur schwach in der Kontrollvariante vorhanden war, durch die fungiziden Gegenmaßnahmen zur Winterweizenblüte vollständig ausgeschaltet werden.

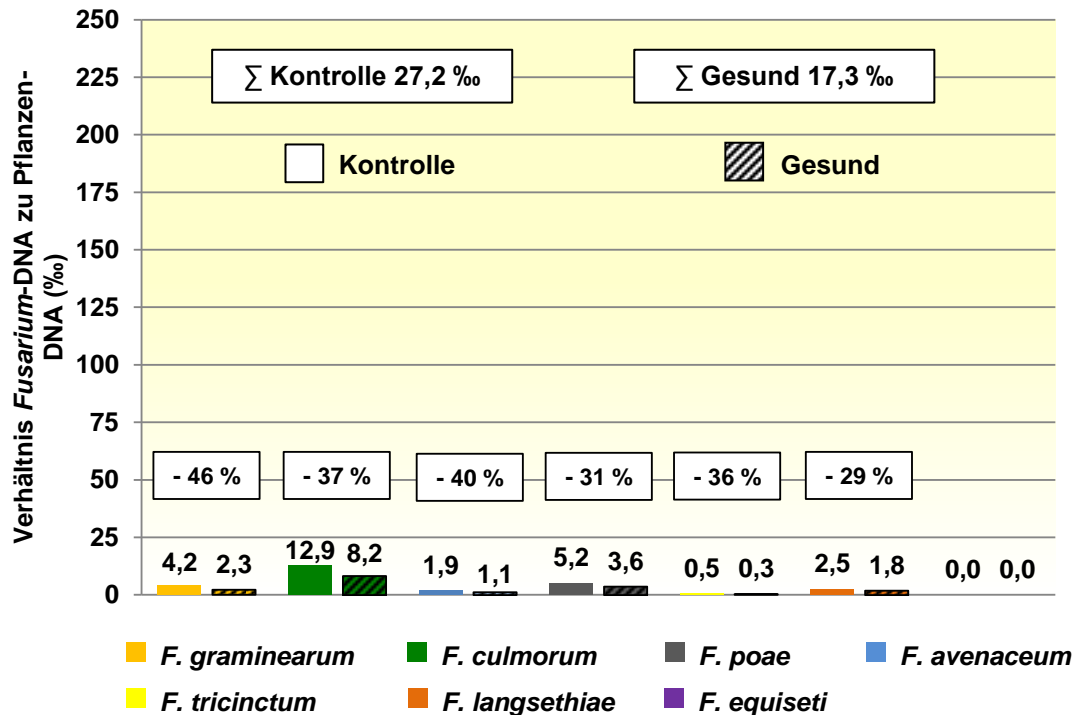


Abb. 62: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (1,0 l/ha Prosaro) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010

Im Vergleich zum Vorjahr wurden in 2011 mit den *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinatum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* deutlich stärkere Befallswerte des Winterweizens ermittelt, wobei jedoch *F. culmorum* und *F. graminearum* mit einem prozentualen Anteil von 92,3 % deutlich das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen dominierten. Anzuführen ist noch, dass bei der Betrachtung der Befallsintensitäten aller Arten in beiden Versuchsvarianten der Standort Elskop keine Berücksichtigung fand, da an diesem Standort keine Gesundvariante angelegt wurde. Somit ergeben sich für die Kontrollvariante leicht abweichende Werte im Vergleich zu den in Abbildung 37 dargestellten Werten (Kontrollvariante inklusive des Standortes Elskop). Durch die Fungizidanwendung zur Winterweizenblüte konnten vor allem für die beiden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* hohe Wirkungsgrade erreicht werden (Abb. 63). Die in der unbehandelten Kontrolle analysierten DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* wurden von 235,4 und 63,2 ‰ um 51 bzw. 54 % auf 115,9 und 29,0 ‰ reduziert. Für die Art *F. avenaceum*, welche eine größere Bedeutung im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen erlangte, konnte ähnlich den Vorjahren ein Bekämpfungserfolg von 44 % festgestellt werden. Für *F. poae*, *F. tricinatum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* konnten Minderungen der Befallsintensitäten von 0 bis 29 % ermittelt werden. Der Anteil dieser vier Arten war jedoch

vergleichend zu *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. avenaceum* mit einem Anteil von 3,3 % in der Kontrolle und 4,6 % in der fungizidbehandelten Gesundvariante gering. Insgesamt konnte die Gesamt-*Fusarium*-Befallsstärke von 328,5 auf 163,4 ‰ vermindert werden (50,4 %). Die höchsten durch den Fungizideinsatz bedingten Reduktionen der artspezifischen DNA-Mengen wurden bei denjenigen Arten erzielt, die am stärksten im Erntegut enthalten waren.

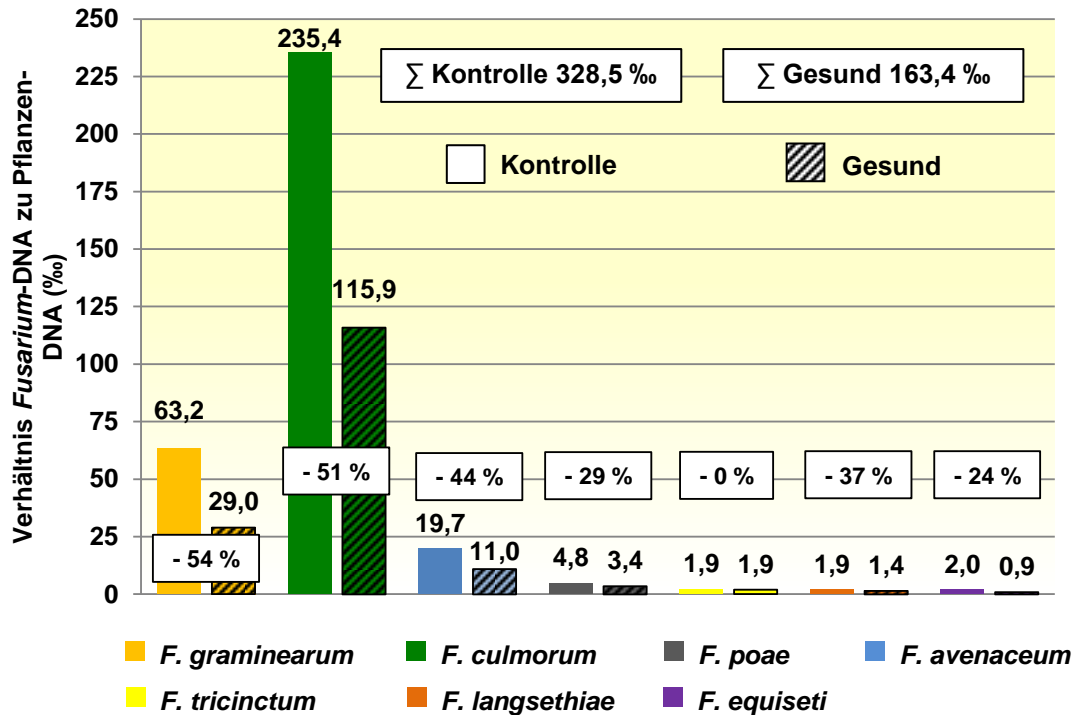


Abb. 63: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*-spezifischen Triazolfungizid (2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011

Im Versuchsjahr 2012 wurden mit *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinatum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten im Erntegut des Winterweizens nachgewiesen. Die höchsten Reduktionen der Befallsintensitäten konnten wiederum für die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* mit 44 und 50 % ermittelt werden, wodurch die Befallsintensitäten von 68,1 und 31,7 ‰ auf 34,2 und 17,6 ‰ vermindert wurden (Abb. 64). Für die ebenfalls im Winterweizen des Jahres 2012 im stärkeren Maße auftretende Art *F. avenaceum* konnte mit einer Befallsreduktion von 40 % eine ähnlich hohe Minderung der nachgewiesenen DNA-Menge erreicht werden, wie es für *F. tricinatum* und *F. langsethiae* mit 34 und 36 % der Fall war. Die geringsten Befallsreduktionen wurden für *F. poae* und *F. equiseti* mit 23 und 0 % ermittelt. Ähnlich 2011 war der Anteil von

F. poae, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti*, für die die geringsten Wirkungsgrade erzielt wurden, am Gesamt-*Fusarium*-Komplex in beiden Versuchsvarianten gering.

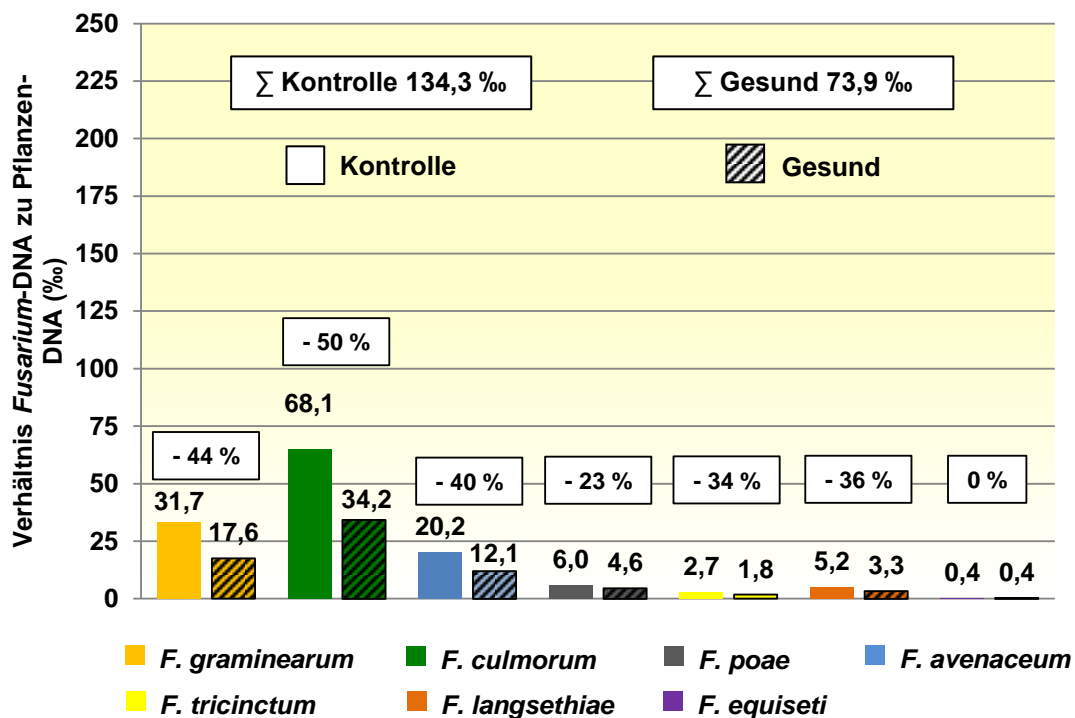


Abb. 64: Befallsstärken nachgewiesener *Fusarium*-Arten (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie prozentuale Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012

In Abbildung 65 finden die für die Einzeljahre 2008 bis 2012 (Mittel aller Standorte) ermittelten DON- und ZEA-Gehalte im Erntegut des Winterweizens der Kontroll- und Gesundvariante sowie die Häufigkeit der Überschreitung der Mykotoxinhöchstmengen für unverarbeitetes Getreide für die Mykotoxine DON und ZEA in beiden Versuchsvarianten Darstellung.

Im Mittel der Jahre und Standorte konnten in der fungizidbehandelten Gesundvariante durch den Einsatz der Fungizide Prosaro (1,0 l/ha; 2008 bis 2010) und Osiris (2,5 l/ha; 2011 und 2012) mit den *fusarium*wirksamen Wirkstoffen Prothio- und Tebuconazol bzw. Metconazol zur Winterweizenblüte die DON-Gehalte im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle erheblich um 44 % reduziert werden, wobei die Wirkungsgrade jahresspezifisch in einem Bereich von 32 bis 59 % lagen. Die deutlich höchsten Reduktionen wurden im befallsstarken Jahr 2011 mit durchschnittlich 59 % erzielt, wodurch die mittlere DON-Belastung von 2126 µg/kg auf 930 µg/kg vermindert werden konnte. Die geringsten DON-Minderungen waren im befallsschwachen Versuchsjahr 2010 mit 32 % auszumachen. Die in 2009 und 2012

4. Ergebnisse

festgestellten erhöhten bzw. mittleren DON-Gehalte von durchschnittlich 1050 und 807 µg/kg wurden durch die *fusarium*spezifischen Fungizidapplikationen auf 602 und 483 µg/kg reduziert, was einer prozentualen DON-Reduktion von 43 und 40 % entspricht. Während in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante in den Erntejahren 2008 bis 2012 insgesamt achtmal der DON-Höchstmengenwert von 1250 µg/kg überschritten wurde, war dies in der fungizidbehandelten Variante jahresübergreifend an keinem der Standorte der Fall (38 Fallstudien). Die Überschreitung des DON-Grenzwertes in der Kontrollvariante des Standortes Elskop wurde bei diesem Vergleich nicht berücksichtigt, da an diesem Standort keine Gesundvariante angelegt war.

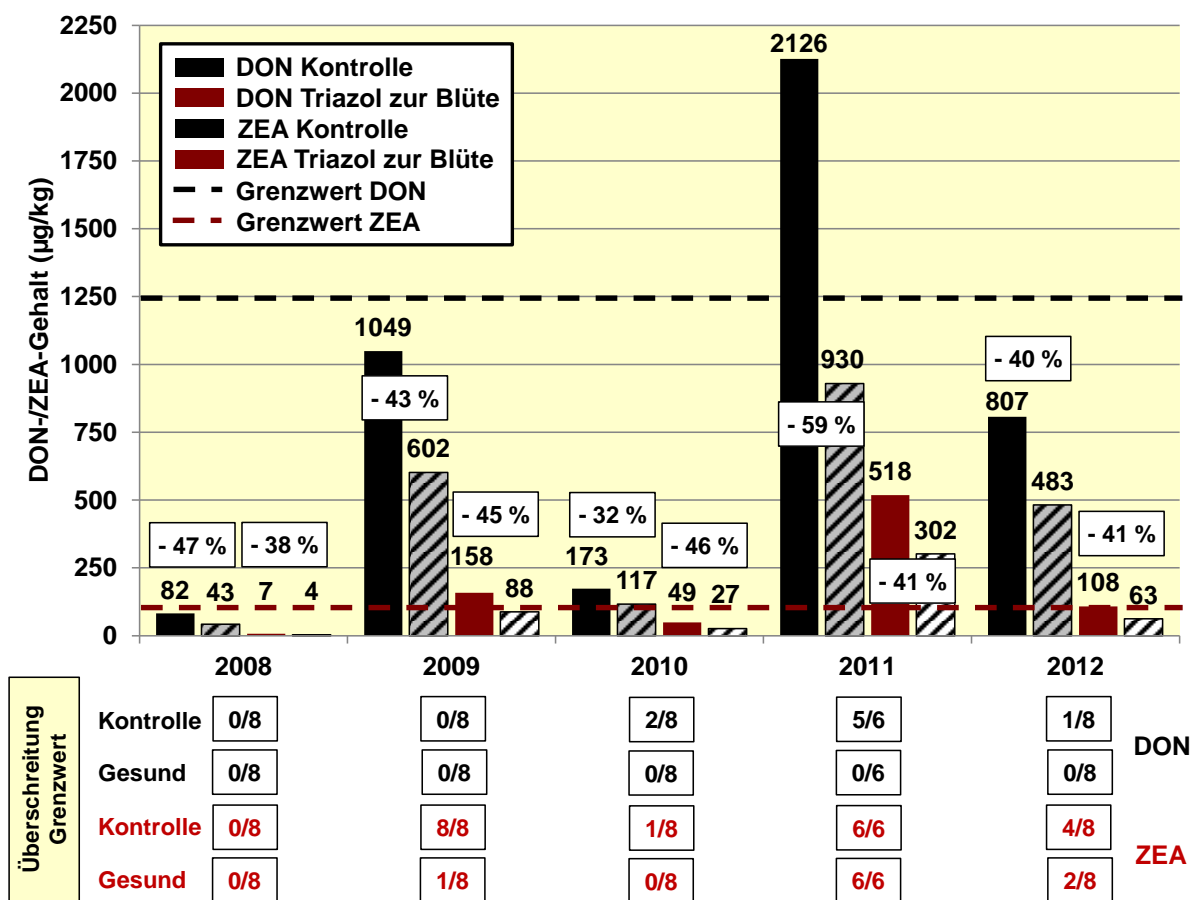


Abb. 65: DON- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo (Mittel aller Standorte) sowie Anzahl der Grenzwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Hinsichtlich der ZEA-Belastung konnten die Gehalte im Mittel der Jahre und Standorte um 38 bis 46 % vermindert werden, wobei ähnlich zum DON ein mittlerer Wirkungsgrad von 42 % erreicht wurde. Mit 45 und 46 % wurden in 2009 und 2010 die durchschnittlich höchsten ZEA-Reduktionen erzielt, die geringsten im befallsschwachen Versuchsjahr 2008. Obwohl

ZEA im Vergleich zum DON insgesamt in geringeren Mengen nachgewiesen und durch den Fungizideinsatz ähnliche Wirkungsgrade erzielt werden konnten, wurde der gesetzliche ZEA-Höchstgehalt von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide jahresübergreifend insgesamt neunmal überschritten (9 von 38 Standorten), wobei jedoch jahresbedingte Unterschiede auftraten. Während in den Versuchsjahren 2009 und 2012 in der Kontrollvariante der Grenzwert an acht bzw. an vier Standorten überschritten wurde, war dies in der fungizidbehandelten Variante nur noch an einem (2009) bzw. zwei Standorten (2012) der Fall. Die mittleren ZEA-Belastungen konnten von 158 und 108 µg/kg auf 88 und 63 µg/kg reduziert werden. Im befallsstarken *Fusarium*-Jahr 2011 lagen trotz der optimal terminierten Fungizidapplikationen und der erzielten hohen Wirkungsgrade von durchschnittlich 41 % die ZEA-Gehalte an allen sechs Standorten oberhalb des Grenzwertes von 100 µg/kg, wobei im Mittel der Standorte der Höchstmengenwert mit 302 µg/kg um das Dreifache überschritten wurde.

In den Abbildungen 66 und 67 sind die DON- und ZEA-Gehalte im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo sowie die prozentualen DON- und ZEA-Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 dargestellt.

Im Erntejahr 2008, in dem überregional nur schwache DON-Belastungen festgestellt werden konnten, wurden die Gehalte durch die *fusarium*spezifische Fungizidapplikation an den Standorten Klvensiek und Sönke-Nissen-Koog um 100 % reduziert. An den vergleichsweise am stärksten befallenen Standorten Barlt und Birkenmoor wurden lediglich Reduktionsraten von 26 und 29 % erreicht, wobei aber die Gehalte sehr deutlich unterhalb des DON-Höchstmengenwertes lagen. In Kastorf war in beiden Versuchsvarianten kein DON zu detektieren. Die lediglich an vier Standorten in der fungizidunbehandelten Kontrolle analysierten, deutlich unterhalb des Grenzwertes liegenden ZEA-Kontaminationen wurden durch die Fungizidbehandlung des Weizens zur Blüte an den Standorten Birkenmoor und Loit um 100 % reduziert, in Barlt und Elskop um 28 und 39 %. An den anderen Standorten war ZEA in der Kontroll- als auch in der Gesundvariante nicht nachweisbar.

Mit Ausnahme des Standortes Barlt konnten 2009 die DON-Gehalte in der fungizidbehandelten Variante überregional signifikant um 36 bis 56 % vermindert werden. In Futterkamp und Klvensiek wurde durch den Fungizideinsatz zur Weizenblüte eine Überschreitung des DON-Grenzwertes von 1250 µg/kg in der Gesundvariante verhindert. An den Standorten Elskop, Futterkamp, Kastorf, Klvensiek, Loit und Sönke-Nissen-Koog bewirkten die Fungizidapplikationen zur Blüte signifikante Reduktionen der ZEA-Gehalte von 41 bis 58 %, wohingegen diese in Barlt und Birkenmoor mit 12 und 28 % nicht signifikant

waren. Während standortübergreifend die ZEA-Belastungen in der Kontrollvariante oberhalb des Höchstmengenwertes von 100 µg/kg lagen, konnte dieser mit Ausnahme des Standortes Kluvensiek unterschritten werden.

Im befallsschwachen Versuchsjahr 2010 wurden die DON-Gehalte der fungizidbehandelten Variante gegenüber der Kontrollvariante um 20 bis 44 % reduziert. Die höchsten Wirkungsgrade waren an den Standorten mit der höchsten DON-Belastung in der Kontrollvariante (Loit und Sönke-Nissen-Koog) mit 40 und 44 % festzustellen. An den anderen Standorten, an denen die Belastungen in der Kontrolle deutlich geringer waren, wurden geringere DON-Reduktionen von 20 bis 33 % analysiert. Die höchsten ZEA-Minderungen waren ähnlich dem DON an den Standorten Kluvensiek, Loit und Sönke-Nisse-Koog mit 59, 45 und 56 % zu erfassen, an denen ebenfalls die in diesem Jahr höchsten ZEA-Belastungen festgestellt werden konnten. Durch die Fungizidapplikation wurde der ZEA-Höchstmengenwert, der als einziger im Sönke-Nissen-Koog in der fungizidunbehandelten Kontrolle überschritten wurde, unterschritten. An den anderen fünf Standorten konnte die ZEA-Belastungen um 17 bis 40 % gemindert werden, wobei die Kontamination insgesamt, in beiden Varianten, sehr gering war.

In 2011 konnten die DON-Gehalte an allen Standorten signifikant vermindert werden. Die höchsten fungiziden Wirkungsgrade wurden an den am höchsten belasteten Standorten Futterkamp und Kluvensiek mit 65 und 63 % erfasst, die geringsten am Standort Barlt mit 45 %. Die DON-Reduktion der anderen Standorte lag zwischen 56 und 59 %. Hinsichtlich der ZEA-Gehalte wurden die stärksten Minderungen an den Standorten Futterkamp, Kastorf und Kluvensiek mit 64, 59 und 54 % erzielt. An den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog konnten lediglich nicht signifikante Reduktionen von 20 und 22 % festgestellt werden. Trotz der mitunter hohen Wirkungsgrade der zur Blüte applizierten Fungizide wurde der ZEA-Höchstmengenwert von 100 µg/kg überregional deutlich überschritten, während für DON die Belastungen in der Gesundvariante unterhalb des Grenzwertes vermindert werden konnten.

Die DON-Kontamination im Versuchsjahr 2012 wurde mit Ausnahme der Standorte Birkenmoor und Kluvensiek, an denen die geringsten Belastungen in beiden Versuchsvarianten festzustellen waren, signifikant um 40 bis 63 % reduziert, so das im Sönke-Nissen-Koog der DON-Grenzwert, der in diesem Jahr einzig an diesem Standort in der Kontrollvariante überschritten wurde, in der fungizidbehandelten Gesundvariante unterhalb des Höchstgehaltes von 1250 µg/kg vermindert werden konnte. Die ZEA-Belastungen an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog wurden trotz hoher Wirkungsgrade von 52 und 37 % nicht ausreichend reduziert, um den ZEA-Höchstmengenwert zu unterschreiten, wohingegen dies an den Standorten Barlt und Elskop der Fall war.

4. Ergebnisse

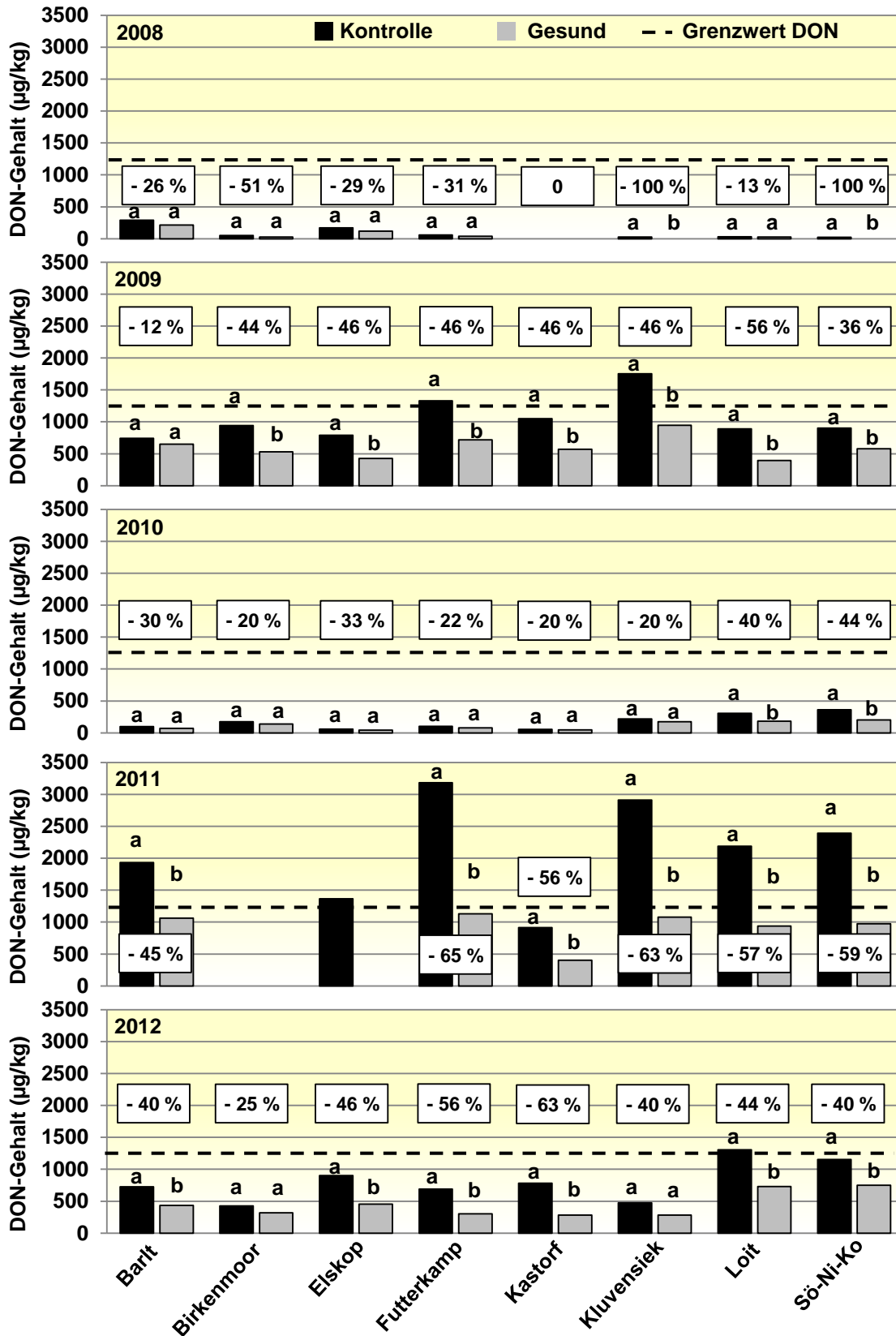


Abb. 66: DON-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*-spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo sowie prozentuale DON-Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-koog

4. Ergebnisse

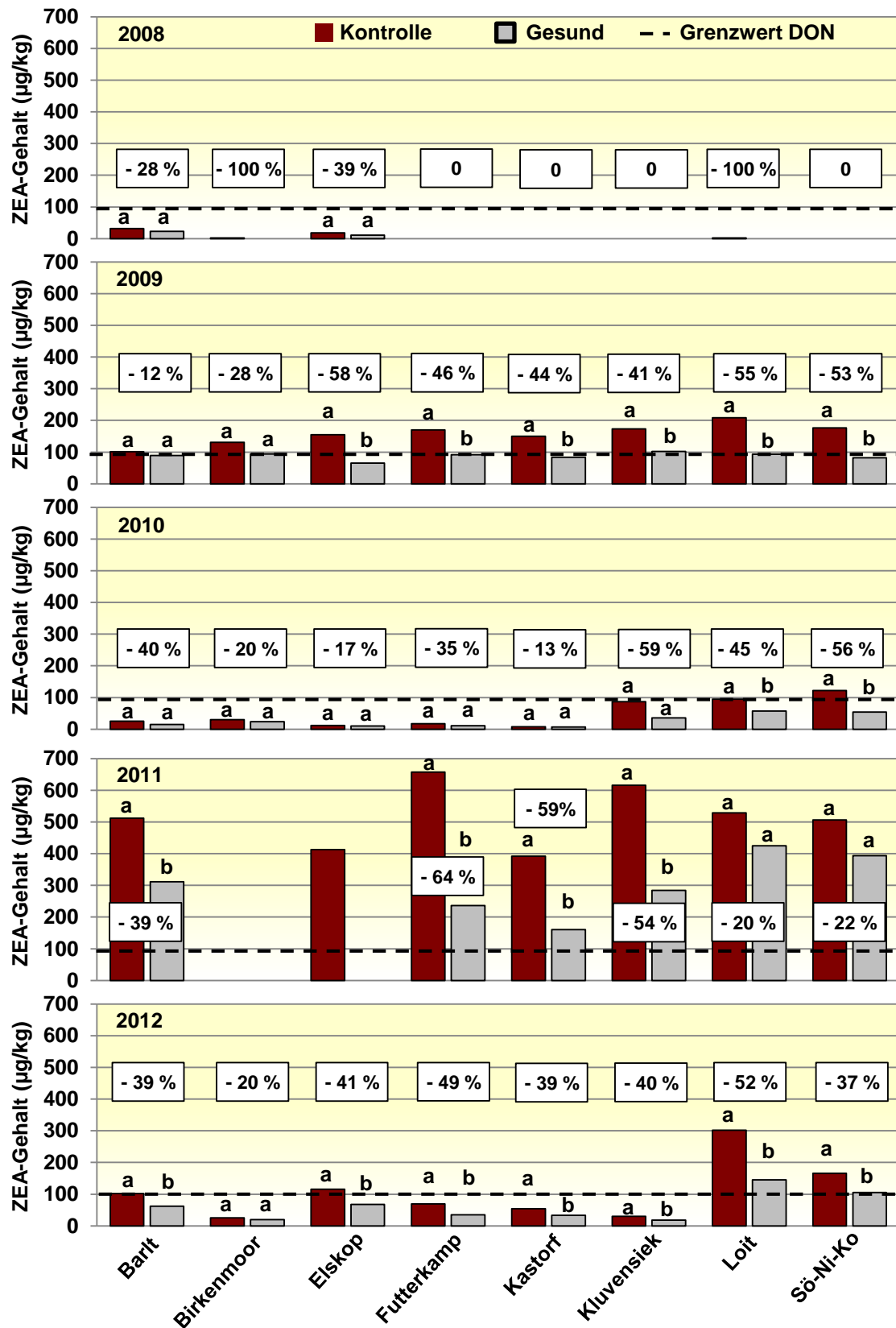


Abb. 67: ZEA-Gehalte (µg/kg) im Winterweizen der unbehandelten Kontrolle vergleichend zur mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid (2008 bis 2010: 1,0 l/ha Prosaro; 2011 und 2012: 2,5 l/ha Osiris) behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo sowie prozentuale ZEA-Reduktionen der Gesundvariante gegenüber der unbehandelten Kontrollvariante im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012. Sö-Ni-Ko = Sönke-Nissen-koog

Die im Erntegut der fungizidbehandelten Gesundvariante in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 gemessenen DON- und ZEA-Gehalte wurden ebenso wie in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante auf eine quantitative Beziehung mit den analysierten *Fusarium*-Befallsintensitäten, ausgedrückt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA, hin untersucht. Hierbei wurden wiederum nur die Befallsintensitäten der DON und ZEA bilden *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* genutzt.

Der in der Gesundvariante bemessene DON-Gehalt steht ähnlich der Kontrollvariante in enger Beziehung zum quantitativen Nachweis der ausschließlichen DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Abb. 68).

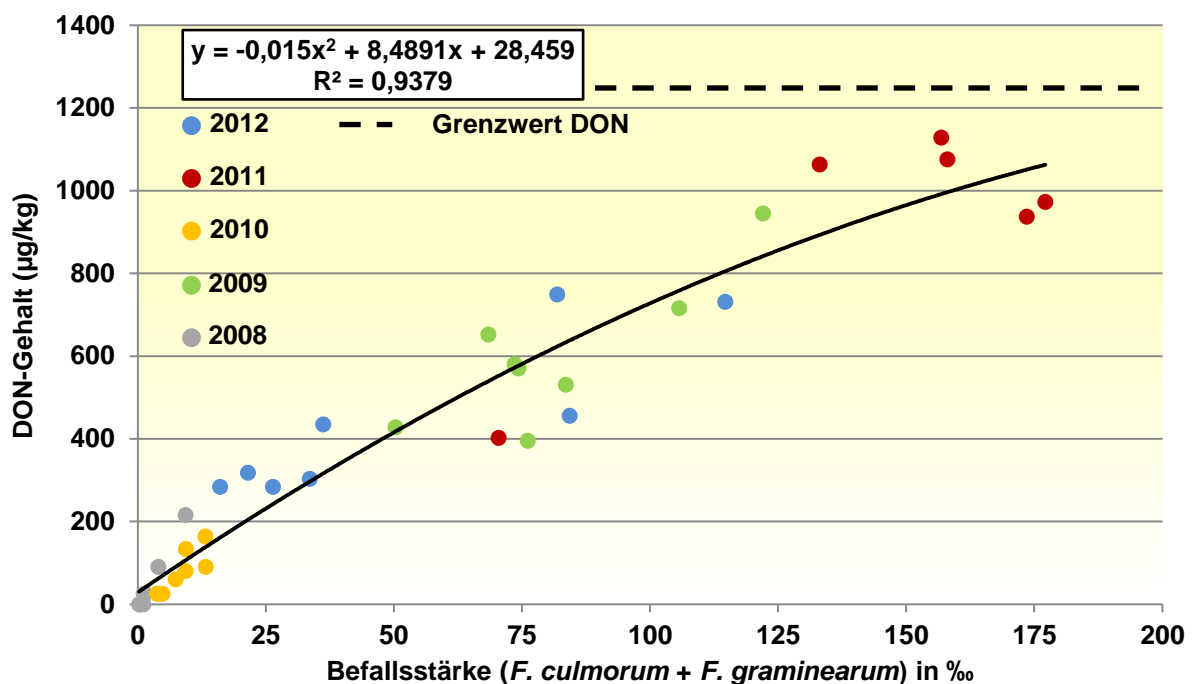


Abb. 68: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Die Streuung der Werte der einzelnen Versuchsjahre ist sehr gering, was durch das Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,938$ beschrieben wird. Die durch die Fungizidmaßnahmen verursachten Reduktionen der DNA-Mengen von *F. culmorum* und *F. graminearum* bewirkten im Verhältnis nahezu identische Verminderungen der DON-Gehalte. Durch die Reduktion der *Fusarium*-Befallsintensitäten konnten jahresübergreifend die DON-Belastungen unterhalb des DON-Höchstmengenwertes von 1250 µg/kg vermindert werden. Der im Erntegut des Winterweizens über die fünf Versuchsjahre 2008 bis 2012 in der fungizidbehandelten Variante bemessene ZEA-Gehalt steht ebenfalls in einem engen Zusammenhang zum molekularen, quantitativen DNA-Nachweis von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Abb. 69). Die Güte der Beziehung zwischen der Befallsintensität von

F. culmorum und *F. graminearum* und der ZEA-Belastung ist mit einem Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,892$ als hoch anzusehen.

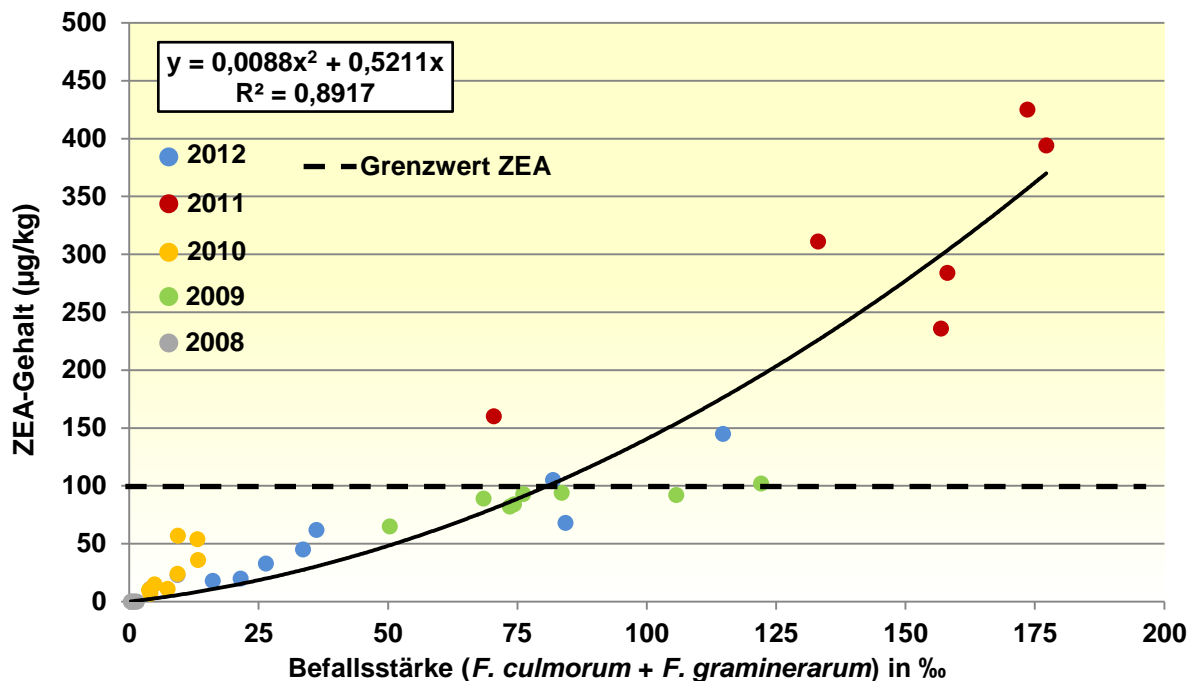


Abb. 69: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Erntegut des Winterweizens der Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Aus den beiden Regressionen, die die quantitative Beziehung zwischen der *Fusarium*-DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* zur DON- bzw. ZEA-Belastung beschreiben, wird deutlich, dass durch die Verminderung der *Fusarium*-Befallsintensität die DON- und ZEA-Belastung in einem gleichem Maße reduziert wird.

4.2.7 Zusammenhang zwischen der *Fusarium*-Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und mit einem *fusariumspezifischen* Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Die im Erntegut der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusariumspezifischen* Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante des Winterweizens in Schleswig-Holstein in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 gemessenen DON- und ZEA-Gehalte wurden auf eine quantitative Beziehung mit den ermittelten *Fusarium*-Befallsintensitäten der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA) hin untersucht.

Der nachgewiesene DON-Gehalt steht in sehr engem Zusammenhang zum quantitativen Nachweis der Pilz-DNA der ausschließlichen DON-Produzenten *F. culmorum* und

F. graminearum (Abb. 70). Die Streuung der Werte aller 77 Fallstudien der einzelnen Versuchsjahre und beider Versuchsvarianten ist sehr gering, was durch das Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,950$ dokumentiert wird. Die Reduktion der pilzlichen Biomasse in der fungizidbehandelten Gesundvariante führte in gleichem Maße zu einer Reduktion der DON-Belastung.

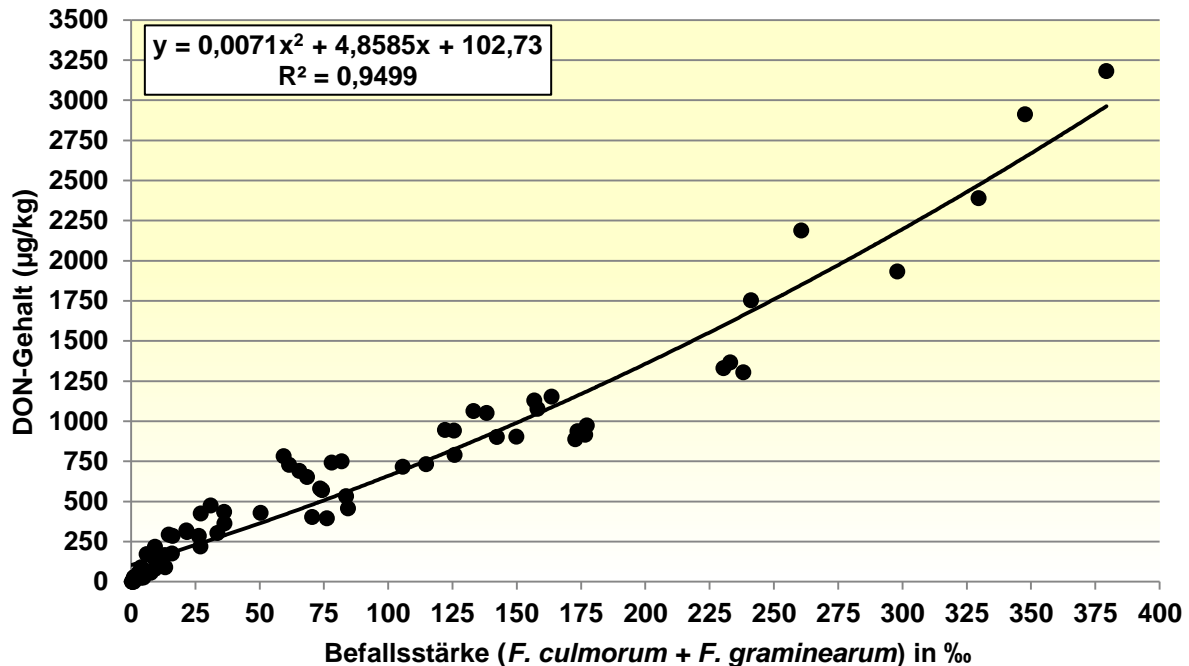


Abb. 70: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Der im Erntegut der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante des Winterweizens über die fünf Versuchsjahre 2008 bis 2012 bemessene ZEA-Gehalt steht ebenfalls in enger Beziehung zum molekularen, quantitativen DNA-Nachweis von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Abb. 71). Die Güte der quantitativen Beziehung zwischen der Befallsintensität von *F. culmorum* und *F. graminearum* und der ZEA-Belastung ist mit einem Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,874$ ebenfalls als hoch anzusehen.

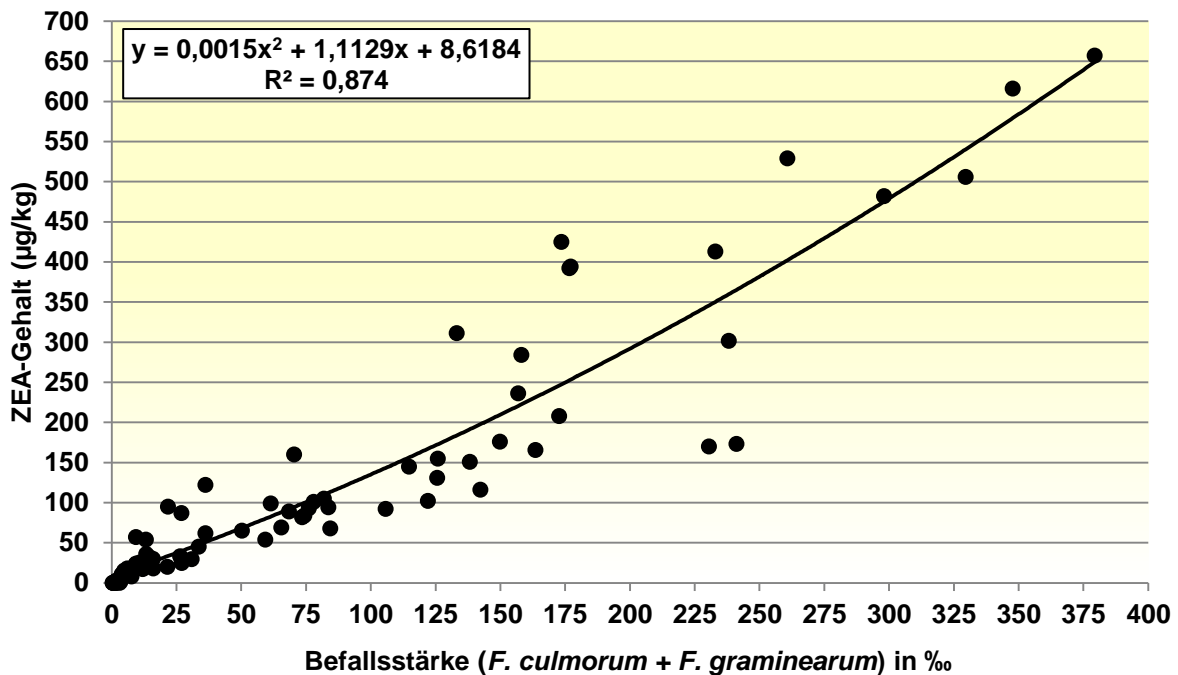


Abb. 71: Beziehung zwischen der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) und dem ZEA-Gehalt (µg/kg) im Erntegut des Winterweizens der fungizidunbehandelten Kontrolle und der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid zur Blüte behandelten Gesundvariante der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008 bis 2012

Aus den beiden Regressionen, die die quantitative Beziehung zwischen der *Fusarium*-DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* zur DON- bzw. ZEA-Belastung beschreiben, wird deutlich, dass das Ausmaß der DON- und ZEA-Bildung im Erntegut sehr eng verknüpft ist mit der Stärke des Befalls von *F. culmorum* und *F. graminearum*.

4.3 Ergebnisse Silomais

4.3.1 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Nachfolgend finden die im Silomais nachgewiesenen *Fusarium*-Arten sowie Mykotoxinbelastungen an den zehn Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein der Versuchsjahre 2011 und 2012 Betrachtung. Die Häckselproben wurden qualitativ auf 13 verschiedene *Fusarium*-Arten untersucht, mittels qPCR wurde eine quantitative Bestimmung der *Fusarium*-Arten durchgeführt. Der Nachweis *fusarium*spezifischer Mykotoxine erfolgte mittels LC/MS.

In Tabelle 25 findet das *Fusarium*-Artenspektrum sowie die Häufigkeit des Artenvorkommens im Silomais der Sorte Lorado zusammenfassend für die Versuchsjahre 2011 und 2012 Darstellung.

4. Ergebnisse

Tab. 25: *Fusarium*-Artenspektrum und Häufigkeit des Artenvorkommens im Silomais der unbehandelten Kontrolle der Sorte Lorado an den Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011 und 2012. Die Häufigkeiten sind als Mittel aller Standorte und Jahre dargestellt. Häufigkeit des Auftretens: hoch = > 50 – 100 %; gering - mittel = < 50 %; kein Auftreten = *Fusarium*-Art nicht nachgewiesen

<i>Fusarium</i> -Art	hoch	Häufigkeit des Auftretens gering - mittel	kein Auftreten
<i>F. graminearum</i>	100 %		
<i>F. culmorum</i>	100 %		
<i>F. poae</i>	100 %		
<i>F. avenaceum</i>	100 %		
<i>F. tricinctum</i>	94 %		
<i>F. langsethiae</i>	94 %		
<i>F. equiseti</i>	100 %		
<i>F. sporotrichioides</i>			0 %
<i>F. oxysporum</i>			0 %
<i>F. venenatum</i>			0 %
<i>F. verticillioides</i>			0 %
<i>F. proliferatum</i>			0 %
<i>F. subglutinans</i>			0 %

Im Maisanbau Schleswig-Holsteins konnten im Mittel aller Standorte und Jahre insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten nachgewiesen werden. Das Artenspektrum, das sich aus den Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* zusammensetzte, entspricht dem des Winterweizens der Jahre 2008 bis 2012. In beiden Versuchsjahren und allen Standorten wurden *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae* und *F. equiseti* detektiert. Die Häufigkeit des Auftretens war für die Arten *F. tricinctum* und *F. langsethiae* überregional mit 94 % ebenfalls hoch. Hingegen konnten die Arten *F. sporotrichioides*, *F. oxysporum*, *F. venenatum*,

F. verticillioides, *F. proliferatum* und *F. subglutinans* ebenso wie im Winterweizen an keinem der Monitoring-Standorte diagnostiziert werden.

Die in den Jahren 2011 und 2012 ermittelten Befallshäufigkeiten der untersuchten *Fusarium*-Arten finden in den Tabellen 6 und 7 des Anhangs Darstellung.

In Abbildung 72 sind die prozentualen DNA-Anteile der einzelnen *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA sowie die Befallsstärken der nachgewiesenen Arten, dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA, im Silomais der Sorte Lorado zusammenfassend für beide Versuchsjahre abgebildet.

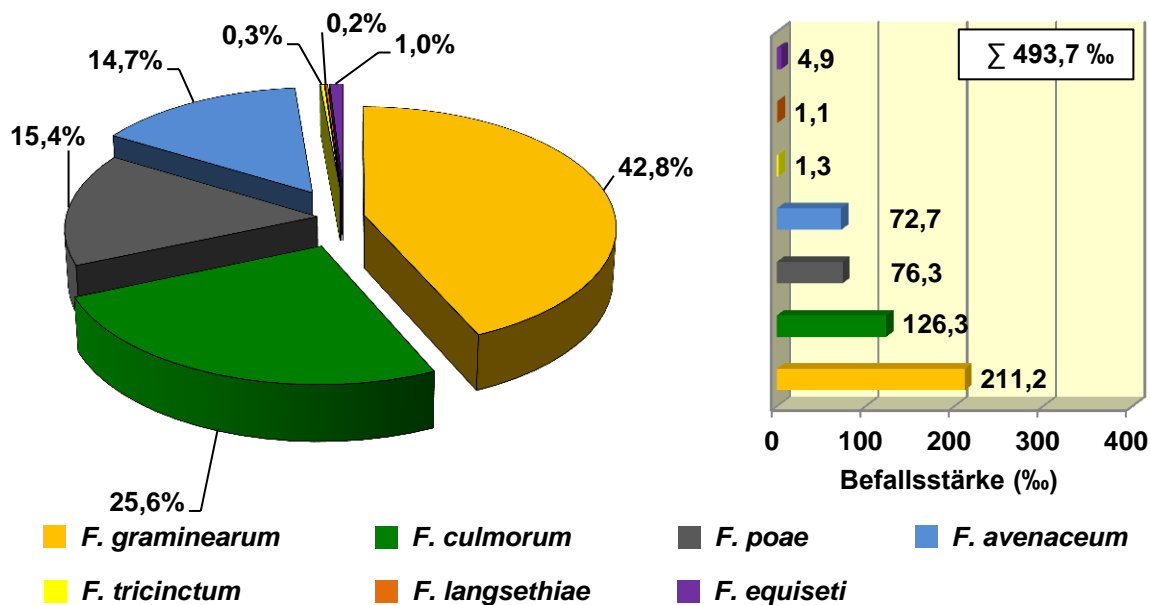


Abb. 72: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in %; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Wie im Winterweizen (siehe Abb. 25) dominierten die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. graminearum* und *F. culmorum* mit einem Anteil von 42,8 und 25,6 % das *fusariumspezifische* Befallsgeschehen, wobei beide Arten insgesamt 68,4 % der Gesamt-*Fusarium*-DNA ausmachten. *F. graminearum* stellte mit einem prozentualen Anteil von 42,8 % bzw. einer Befallsstärke von 211,2 ‰ die dominierende *Fusarium*-Art im Maisanbau Schleswig-Holsteins im Mittel der beiden Versuchsjahre dar. *F. avenaceum* und *F. poae* erlangten nach *F. graminearum* und *F. culmorum* mit Anteilen von 14,7 und 15,4 % eine größere Bedeutung im Gesamt-*Fusarium*-Komplex mit Befallsintensitäten von 72,7 und 76,3 ‰. Die ebenfalls häufig detektierten Arten *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* spielten im Vergleich zur Häufigkeit ihres Auftretens (94 und 100 %) mit DNA-Anteilen von 0,3; 0,2 und 1,0 % nur eine untergeordnete Rolle im Gesamt-*Fusarium*-Komplex.

Die analysierte Gesamt-*Fusarium*-DNA unterschied sich zwischen den beiden Versuchsjahren, bedingt durch die stark unterschiedlich Niederschlagsmengen und Niederschlagsverteilung zur Maisblüte, beträchtlich (Abb. 73).

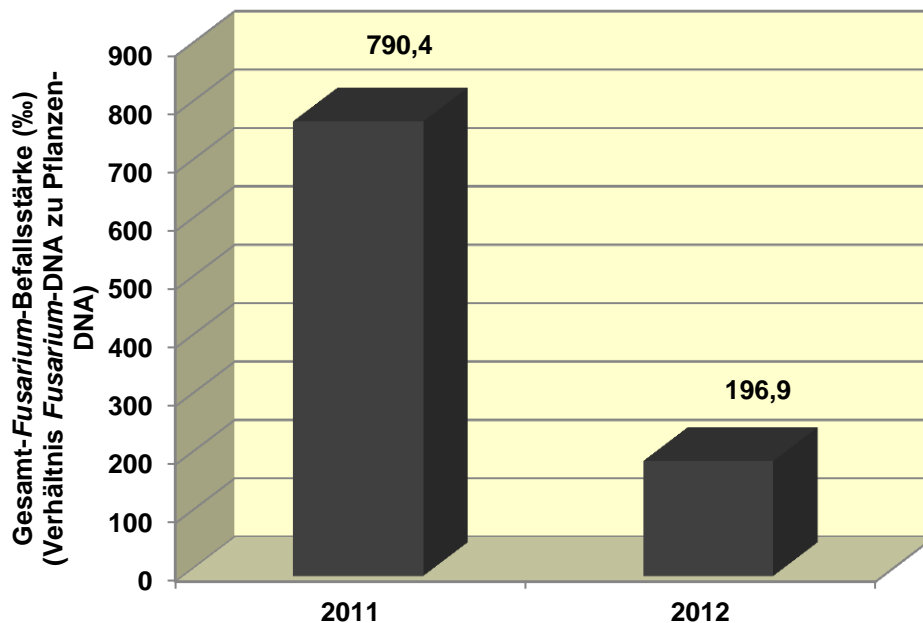


Abb. 73: Aufsummierte Gesamt-Befallsstärken aller nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Im befallsstarken Versuchsjahr 2011 konnte eine aufsummierte Gesamt-Befallsstärke aller nachgewiesenen *Fusarium*-Arten von 790,4 ‰ ermittelt werden, während diese 2012 mit 196,9 ‰ um das Vierfache geringer war.

In beiden Versuchsjahren wurden die B-Trichothecene DON und NIV sowie das Mykotoxin ZEA in den Silomaisproben nachgewiesen. Die A-Trichothecene T2, HT2, DAS und NEO sowie das B-Trichothecen Fus X konnten in keinem Versuchsjahr detektiert werden. DON wurde mit einem mittleren Wert von 4174 µg/kg TM quantitativ am stärksten nachgewiesen. Die Belastungen mit ZEA und NIV waren mit 1150 bzw. 636 µg/kg TM geringer.

Vergleichend zur Gesamt-*Fusarium*-DNA traten hinsichtlich der Mykotoxinbelastung des Ernteguts mit DON, NIV und ZEA ebenso jahresspezifische Unterschiede auf. Abbildung 74 zeigt die für die beiden Versuchsjahre 2011 und 2012 (Mittel aller Standorte) analysierten DON- und ZEA-Gehalte des Silomaises sowie die Häufigkeit der Überschreitung der Richtwerte für die Rinderfütterung für die Mykotoxine DON und ZEA. Im Erntejahr 2012 konnten nur acht der neun Monitoring-Standorte für die Untersuchungen genutzt werden, da am Standort Schuby aufgrund eines Fehlers bei der Beerntung keine Proben zur Verfügung standen und somit für diesen Standort keine Ergebnisse vorliegen.

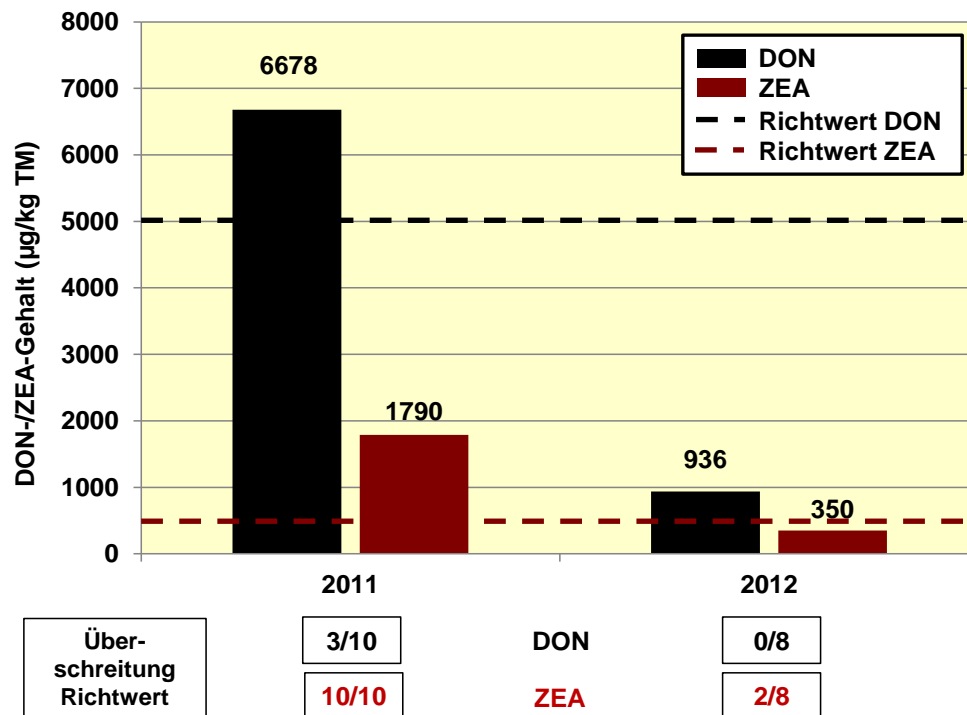


Abb. 74: DON- und ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg TM}$) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado sowie Anzahl der Richtwertüberschreitungen je Standortzahl für DON und ZEA im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Die höchsten Mykotoxinwerte konnten 2011 im Silomais detektiert werden, wobei im Mittel $6678 \mu\text{g DON}/\text{kg TM}$ und $1790 \mu\text{g ZEA}/\text{kg TM}$ gefunden wurden, womit der Richtwert für DON von $5000 \mu\text{g}/\text{kg TM}$ an drei von zehn Standorten, der Richtwert für ZEA von $500 \mu\text{g}/\text{kg TM}$ an allen Standorten überschritten wurde. In 2012 wurden dagegen durchschnittlich lediglich $936 \mu\text{g DON}/\text{kg TM}$ und $350 \mu\text{g ZEA}/\text{kg TM}$ nachgewiesen. Eine Überschreitung des DON-Richtwertes war an keinem Standort feststellbar, während der Richtwert für ZEA an zwei Standorten überschritten wurde.

Insgesamt konnte jahresübergreifend in der Sorte Lorado eine Überschreitung des ZEA-Richtwertes an 67 % (12 von 18) der Standorte ermittelt werden, wohingegen der DON-Richtwert an 17 % (3 von 18) der Standorte übertroffen wurde.

Nachfolgend werden die im Silomaiserntegut in den Einzeljahren 2011 und 2012 qualitativ und quantitativ bestimmten *Fusarium*-Arten sowie die Mykotoxin-kontamination betrachtet.

4.3.1.1 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2011

In 2011 konnten an allen zehn Mais-Monitoring-Standorten in den Häckselgutproben die *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* nachgewiesen werden. Die Gesamtbefallsstärke der detektierten sieben *Fusarium*-Arten erreichte einen Wert von $790,4 \text{ ‰}$ (Abb. 75).

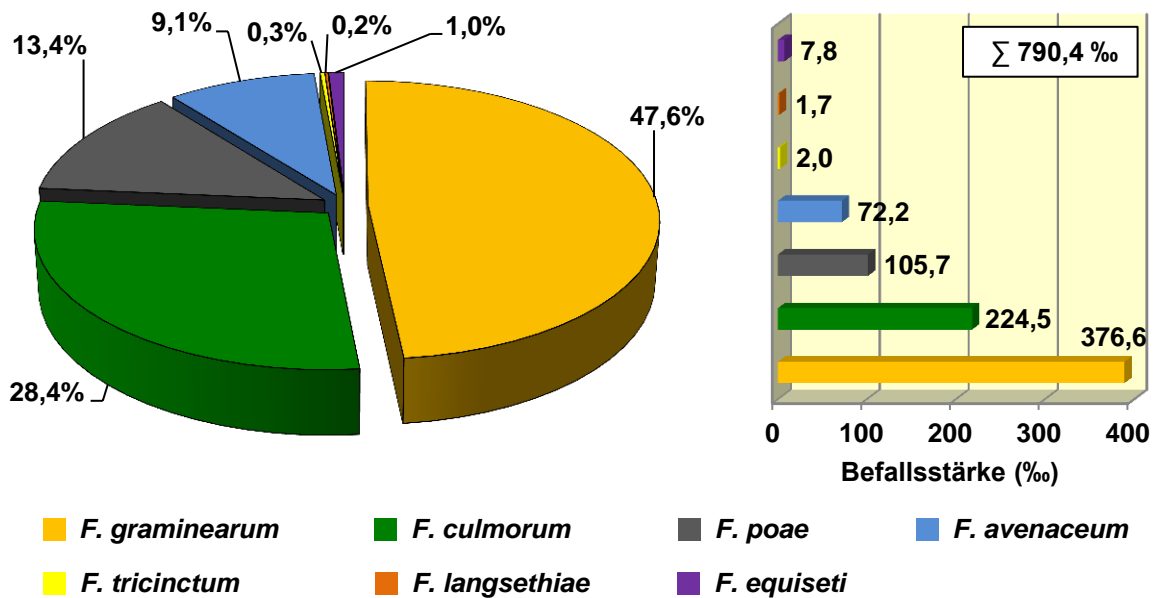


Abb. 75: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011

Der Gesamt-*Fusarium*-Komplex wurde hierbei deutlich durch die Arten *F. graminearum* und *F. culmorum* mit einem prozentualen DNA-Anteil von 47,6 und 28,4 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA, einem Gesamtanteil von 76,0 %, bzw. einer Befallsstärke von 376,6 sowie 224,5 ‰ dominiert. Eine ebenfalls größere Bedeutung im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen erlangten *F. avenaceum* und *F. poae* mit einem DNA-Anteil von 9,1 und 13,4 % bzw. Befallsintensitäten von 72,2 und 105,7 ‰. Auch wenn *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* an allen Standorten nachgewiesen wurden (Anhangtab. 6), so war die Relevanz dieser drei Arten, mit prozentualen DNA-Anteilen von 0,3; 0,2 und 1,0 % (gesamt 1,5 %), verglichen mit den zuvor genannten Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae* und *F. avenaceum* als gering einzustufen.

In Abbildung 76 findet das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen von *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. poae*, die Befallsgrade der Arten *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* in Anhangtabelle 6 Darstellung. An den zehn überregionalen Standorten wiesen insbesondere die an der Westküste gelegenen Standorte Cecilienkoog und Drelsdorf, an denen Maismonokultur (M) als Anbausystem gewählt und eine konservierende Minimalbodenbearbeitung ohne Pflug (PL) durchgeführt wurde, mit 1644,9 und 1238,9 ‰ die höchsten Gesamt-*Fusarium*-DNA-Mengen auf. Gerade an diesen Standorten konnte die höchsten Befallsintensitäten mit *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. poae* erfasst werden. Hingegen wurden an den Standorten Futterkamp, Krumstedt, Osterrönfeld, Schuby und Wallsbüll mit Fruchtfolge (FF) und

Pflugsaat (P) deutlich geringere Gesamt-Befallsstärken von 182,3 ‰ (Krumstedt) bis 839,0 ‰ (Futterkamp) ermittelt. Ebenso waren die Befallsintensitäten an den Standorten Hemdingen und Wotersen, an denen zwar Mais in Monokultur angebaut aber gleichzeitig eine wendende Bodenbearbeitung mit dem Pflug durchgeführt wurde, im Vergleich zu den beiden Westküstenstandorten Cecilienkoog und Drelsdorf deutlich reduziert.

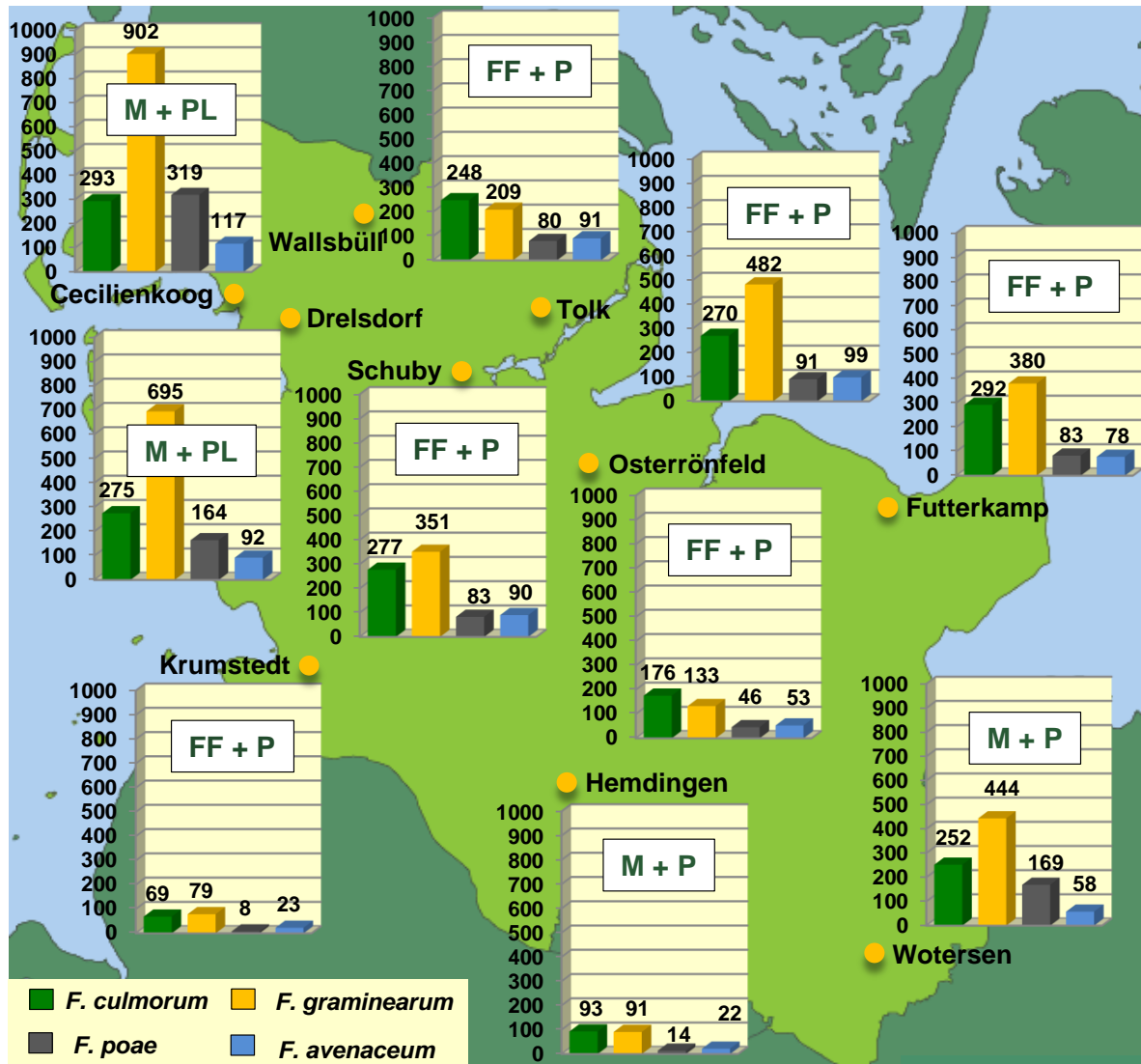


Abb. 76: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung

An nahezu allen Standorten stellte *F. graminearum* die quantitativ bedeutendste Art dar. Das Epidemieniveau dieser Art variierte überregional mit DNA-Mengen von 78,8 bis 901,7 ‰ aber beträchtlich. An den Standorten Cecilienkoog und Drelsdorf mit Maismonokultur und reduzierter Bodenbearbeitung wurden die höchsten Befallsstärken mit 901,7 und 694,8 ‰ erfasst, in Hemdingen und Krumstedt die niedrigsten mit lediglich 91,1 und 78,8 ‰.

F. graminearum stellte aber nicht an allen Standorten die dominierende *Fusarium*-Art dar. In Osterrönhof und Wallsbüll war die im Winterweizen dominierende Art *F. culmorum* mit 175,9 und 248,0 ‰ am stärksten vertreten. Insgesamt lagen die Befallsstärken von *F. culmorum* an den Standorten Cecilienkoog, Dreisdorf, Futterkamp, Schuby, Tolk, Wallsbüll und Wotersen auf einem ähnlichen Niveau zwischen 248,0 und 292,8 ‰. Die geringsten Werte konnten in Krumstedt und Hemdingen detektiert werden, wobei die beiden DON und ZEA bildenden Arten *F. graminearum* und *F. culmorum* eine ähnliche Befallsstärke erreichten. An den Standorten Cecilienkoog, Dreisdorf, Tolk und Wotersen war *F. graminearum* quantitativ deutlich stärker nachzuweisen als *F. culmorum*, im Cecilienkoog sogar um das Dreifache. Überregional stellten *F. poae* und *F. avenaceum* mit Befallsintensitäten von 7,8 bis 319,4 ‰ bzw. 22,0 und 116,8 ‰ neben *F. graminearum* und *F. culmorum* die wichtigsten Arten im Gesamt-*Fusarium*-Komplex dar, wobei die höchsten Befallswerte wiederum an den Standorten Cecilienkoog und Dreisdorf mit pflugloser Bodenbearbeitung und Maismonokultur zu finden waren. Für *F. langsethiae* konnten Befallswerte von 0,2 bis 5,9 ‰, *F. tricinctum* und *F. equiseti* waren mit Befallsstärken von 0,2 bis 9,1 ‰ und 2,8 bis 19,2 ‰ ermittelt werden, womit diese *Fusarium*-Arten die quantitativ geringste Bedeutung im *fusariumspezifischen* Befallsgeschehen erlangten (Anhangtab. 6).

Hinsichtlich der Mykotoxinbelastung konnten DON-Gehalte von 1225 bis 26068 µg/kg TM, ZEA-Gehalte von 671 bis 5991 µg/kg TM und NIV-Gehalte von 183 bis 2720 µg/kg TM analysiert werden (Abb. 77). An den zehn überregionalen Standorten wiesen insbesondere die an der Westküste gelegenen Standorte Cecilienkoog und Dreisdorf, an denen Mais in Monokultur angebaut und eine pfluglose Bodenbearbeitung durchgeführt und die höchsten aufsummierten Befallsstärken von *F. graminearum* und *F. culmorum* ermittelt wurden, hohe und deutlich über dem DON-Richtwert von 5000 µg/kg TM und ZEA-Richtwert von 500 µg/kg TM liegende Werte von 26068 und 10524 µg DON/kg TM bzw. 2213 und 1834 µg ZEA/kg TM auf. Im Cecilienkoog wurden mit 2720 µg/kg TM ebenfalls die höchsten NIV-Gehalte detektiert. Dagegen konnte an dem an der Westküste gelegenen, südlicheren Standort Krumstedt deutlich reduzierte Mykotoxinwerte in Höhe von 1225 µg DON/kg TM, 953 µg ZEA/kg TM und 183 µg NIV/kg TM analysiert werden, was alleinig auf die phytosanitäre Nutzung der Anbauparameter Fruchtfolge und Pflugsaat zurückzuführen ist. Auch an den anderen Standorten Futterkamp, Osterrönhof, Schuby und Wallsbüll mit Fruchtfolge und Pflugsaat waren die Mykotoxinwerte ebenfalls deutlich reduziert, so dass der Richtwert für DON an den genannten Standorten nicht überschritten wurde, für ZEA jedoch eine mitunter deutliche Überschreitung festgestellt werden konnte. Eine Ausnahme stellte der Standort Tolk dar, bei dem trotz Fruchtfolge und Pflugsaat Weizen als Vorfrucht und somit als *Fusarium*-Wirtspflanze fungierte. Mit 8046 µg DON/kg TM und 5991 µg ZEA/kg TM wurden die Richtwerte für DON und vor allem ZEA für die

4. Ergebnisse

Fütterung von Rindern deutlich überschritten. In Hemdingen und Wotersen wurde zwar Maismonokultur als Anbausystem gewählt, jedoch war an diesen Standorten die pflanzenhygienisch wirkende wendende Bodenbearbeitung (Pflugsaat) Ursache für die geringeren Mykotoxinwerte. Obwohl ZEA im Vergleich zum DON insgesamt in geringeren Mengen nachgewiesen werden konnte, wurde der durch die EG-Verordnung Nr. 576/2006 festgesetzte ZEA-Richtwert von 500 µg/kg TM häufiger überschritten als der Richtwert für DON von 5000 µg/kg TM. Eine Überschreitung des ZEA-Richtwertes wurde an allen zehn Standorten festgestellt, wohingegen der DON-Richtwert lediglich an den drei Standorten Cecilienkoog, Dreisdorf und Tolk übertroffen wurde.

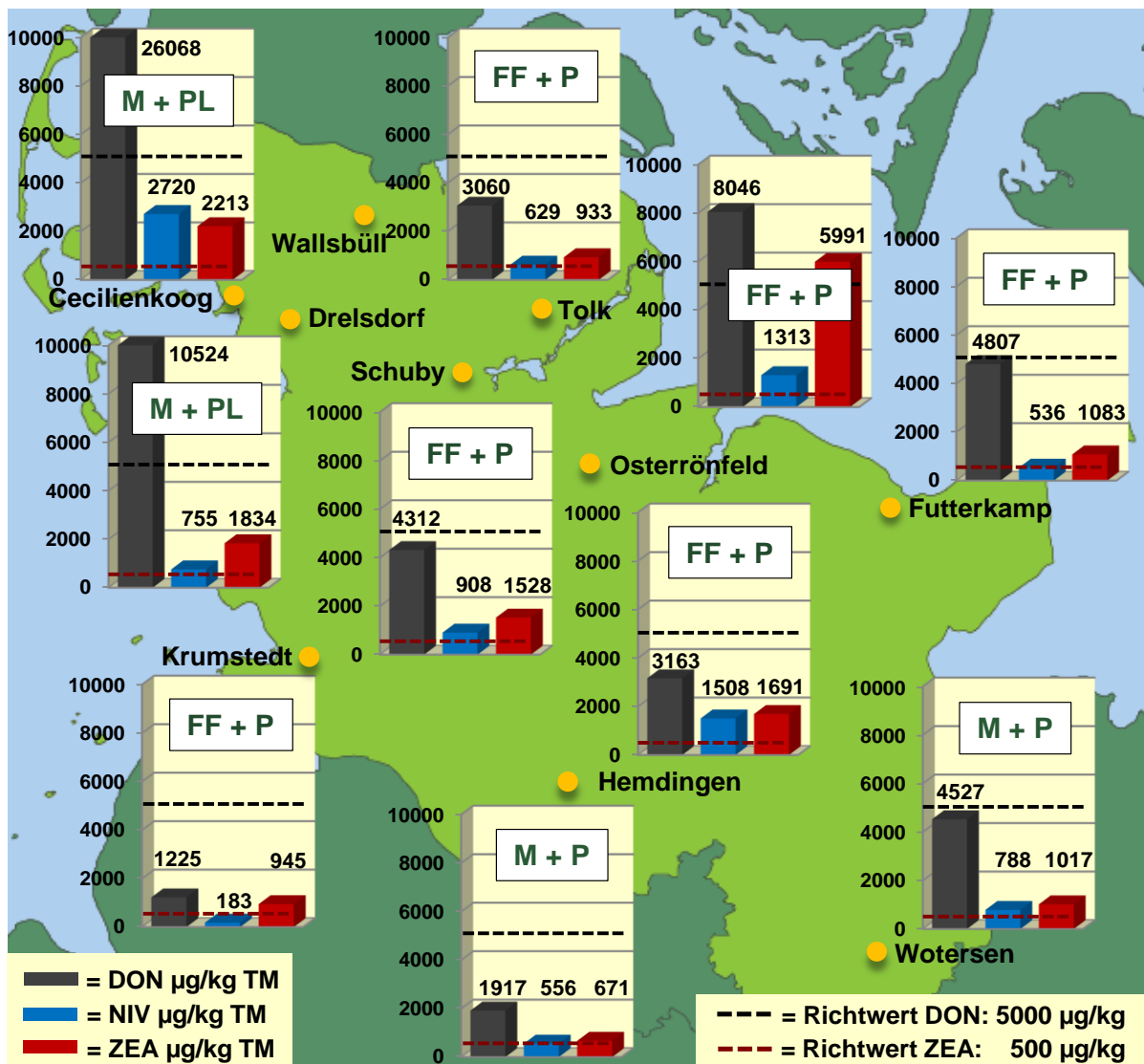


Abb. 77: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung

Der Einfluss von Anbausystemfaktoren zeigte hierbei deutlich, dass die Kombination von Monokultur Mais und pflugloser Bodenbearbeitung in den höchsten Mykotoxingehalten im

Vergleich zum Maisanbau in Fruchtfolgen und wendender Bodenbearbeitung mit dem Pflug resultierten.

4.3.1.2 Auftreten von *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxine im Silomais in Schleswig-Holstein 2012

Im Vergleich zum Vorjahr konnten in 2012 deutlich geringere Befallswerte des Silomaises mit *Fusarium*-Arten von überregional insgesamt 196,9 ‰ ermittelt werden (Abb. 78).

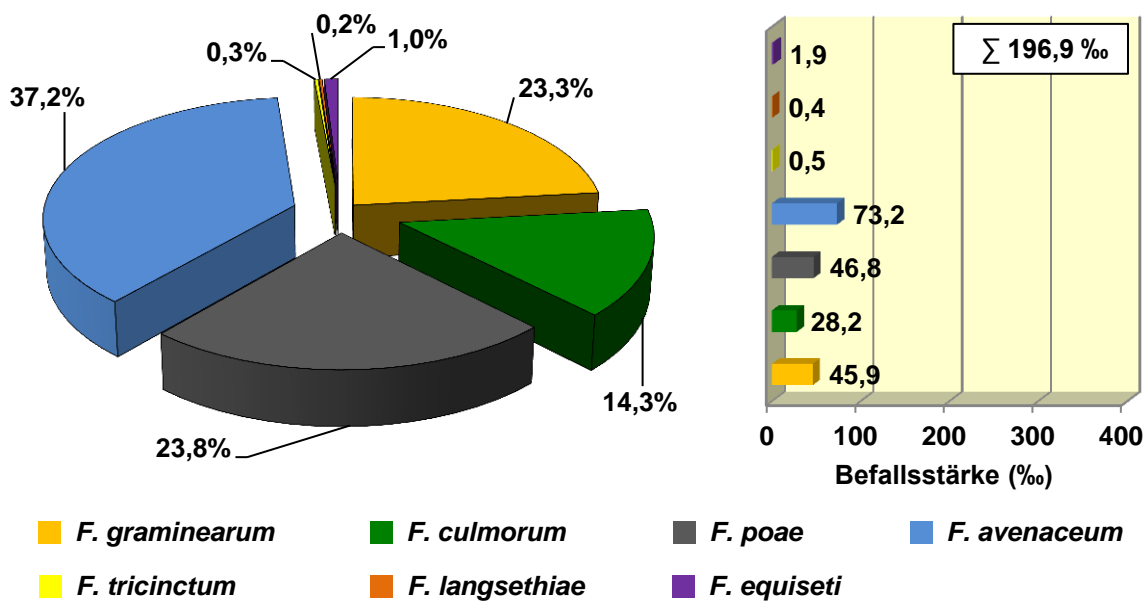


Abb. 78: Prozentualer DNA-Anteil nachgewiesener *Fusarium*-Arten an der Gesamt-*Fusarium*-DNA (Kreisdiagramm, links) sowie Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰; Balkendiagramm, rechts) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2012

Es wurden mit *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae*, *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten nachgewiesen. Während in 2011 *F. graminearum* und *F. culmorum* die dominierenden *Fusarium*-Arten darstellten, war im Versuchsjahr 2012 *F. avenaceum* mit einem prozentualen DNA-Anteil von 37,2 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA bzw. einer Befallsintensität von 73,2 ‰ die dominierende *Fusarium*-Art. *F. poae* und die DON- und ZEA-produzierende Art *F. graminearum* folgten in der quantitativen Bedeutung mit ähnlichen Befallsstärken von 46,8 und 45,9 ‰ bzw. einem DNA-Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 23,8 und 23,3 %. Schwächer vertreten war *F. culmorum* mit einem Anteil von 14,3 % bzw. einer Befallsintensität von 28,2 ‰. Auch wenn *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* an nahezu jedem Standort auftraten (Anhangtab. 7), so war die Bedeutung dieser Arten im Gesamt-*Fusarium*-Komplex mit prozentualen DNA-Anteilen an der Gesamt-*Fusarium*-DNA

4. Ergebnisse

von 0,3; 0,2 und 1,0 % (gesamt 1,5 %) verglichen mit den zuvor genannten Arten als sehr gering einzustufen.

Im Rahmen des nachgewiesenen *Fusarium*-Artenspektrums stellte *F. avenaceum* mit Ausnahme des Standortes Futterkamp, an dem *F. poae* am stärkste vertreten war, die dominierende Art an jedem der Monitoring-Standorte in Schleswig-Holstein dar (Abb. 79).



Abb. 79: Befallsstärken (Verhältnis *Fusarium*-DNA zu Pflanzen-DNA in ‰) der *Fusarium*-Arten *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. avenaceum* im Silomais der Sorte Lorado an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung

Am Standort Cecilienkoog mit pflugloser Bodenbearbeitung und Maismonokultur konnte der höchste Befallswert mit 139,0 ‰ festgestellt werden, an den anderen Standorten schwankte das Epidemieniveau von *F. avenaceum* zwischen 40,2 und 88,9 ‰. *F. poae* erreichte im Cecilienkoog und in Futterkamp mit 113,0 und 94,3 ‰ die höchsten Befallswerte. An den

anderen sechs Standorten wurden Befallsstärken von 12,6 bis 46,9 ‰ ermittelt. Für die ebenfalls an jedem Standort nachgewiesenen DON und ZEA produzierenden Arten *F. graminearum* und *F. culmorum* wurden Befallsintensitäten von 21,4 bis 71,0 ‰ bzw. 7,9 bis 70,0 ‰ ermittelt. Mit Ausnahme des Standortes Wotersen wurde wie in 2011 *F. graminearum* mit etwas höheren Befallsintensitäten nachgewiesen als *F. culmorum*. Die höchsten Befallsstärken von *F. graminearum* konnten am Standort Cecilienkoog mit 71,0 ‰ ermittelt werden, die geringsten an den Standorten Wallsbüll und Krumstedt mit 13,5 und 21,4 ‰. In Futterkamp, Hemdingen, Osterrönfeld und Wotersen konnten ähnliche *F. graminearum* DNA-Mengen von 54,5 ‰ (Osterrönfeld) bis 60,3 ‰ (Futterkamp) analysiert werden. In Wotersen und im Cecilienkoog wurde *F. culmorum* mit den höchsten Befallswerten von 62,5 und 70,0 ‰ diagnostiziert, wohingegen an den Standorten Tolk und Wallsbüll lediglich DNA-Mengen von 8,4 und 7,9 ‰ festgestellt werden konnten. Die höchsten aufsummierten Befallsintensitäten der beiden Arten waren an den Standorten Cecilienkoog (Maismonokultur und pfluglose Bodenbearbeitung) und Wotersen (Maismonokultur und Pflugsaat) mit 133,5 und 128,4 ‰ zu finden, die geringsten in Krumstedt und Wallsbüll (Fruchtfolge und Pflugsaat) mit 33,2 und 21,4 ‰. *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* spielten standortspezifisch mit 0,2 bis 1,5 ‰ bzw. 0,2 bis 1,0 ‰ bzw. 0,3 bis 4,7 ‰ ebenfalls wie in 2011 nur eine untergeordnete Rolle im *fusarium*spezifischen Befallsgeschehen. *F. tricinctum* und *F. langsethiae* konnten an sieben von acht Standorten erfasst werden, *F. equiseti* an allen Standorten (Anhangtab. 7).

Entsprechend den geringeren *Fusarium*-Befallsintensitäten konnten in 2012 ebenfalls geringere Mykotoxinbelastungen dokumentiert werden. An allen Standorten waren die Mykotoxine DON, NIV und ZEA nachweisbar (Abb. 80). Die höchsten Belastungen mit DON, NIV und ZEA waren am Standort Cecilienkoog festzustellen, an dem der Mais in Monokultur stand und eine pfluglose Bodenbearbeitung zur Saat durchgeführt wurde. Der Richtwert für DON von 5000 µg/kg TM wurde mit 3229 µg/kg TM unterschritten, während der für ZEA von 500 µg/kg TM mit 733 µg/kg TM überschritten wurde. Für dieses Versuchsjahr waren noch vergleichsweise höhere Mykotoxinmengen am Standort Wotersen, an dem der Mais in Monokultur stand, zu analysieren. Der DON-Richtwert wurde aber auch hier mit 1500 µg/kg TM deutlich unterschritten, wohingegen eine Überschreitung des ZEA-Richtwertes mit 540 µg/kg TM festgestellt werden konnten. An allen anderen Standorten wurden die Richtwerte für DON und ZEA nicht überschritten. In Tolk und Wallsbüll lagen die ermittelten DON- und NIV-Werte unterhalb der Quantifizierungsgrenze von 100 µg/kg TM.

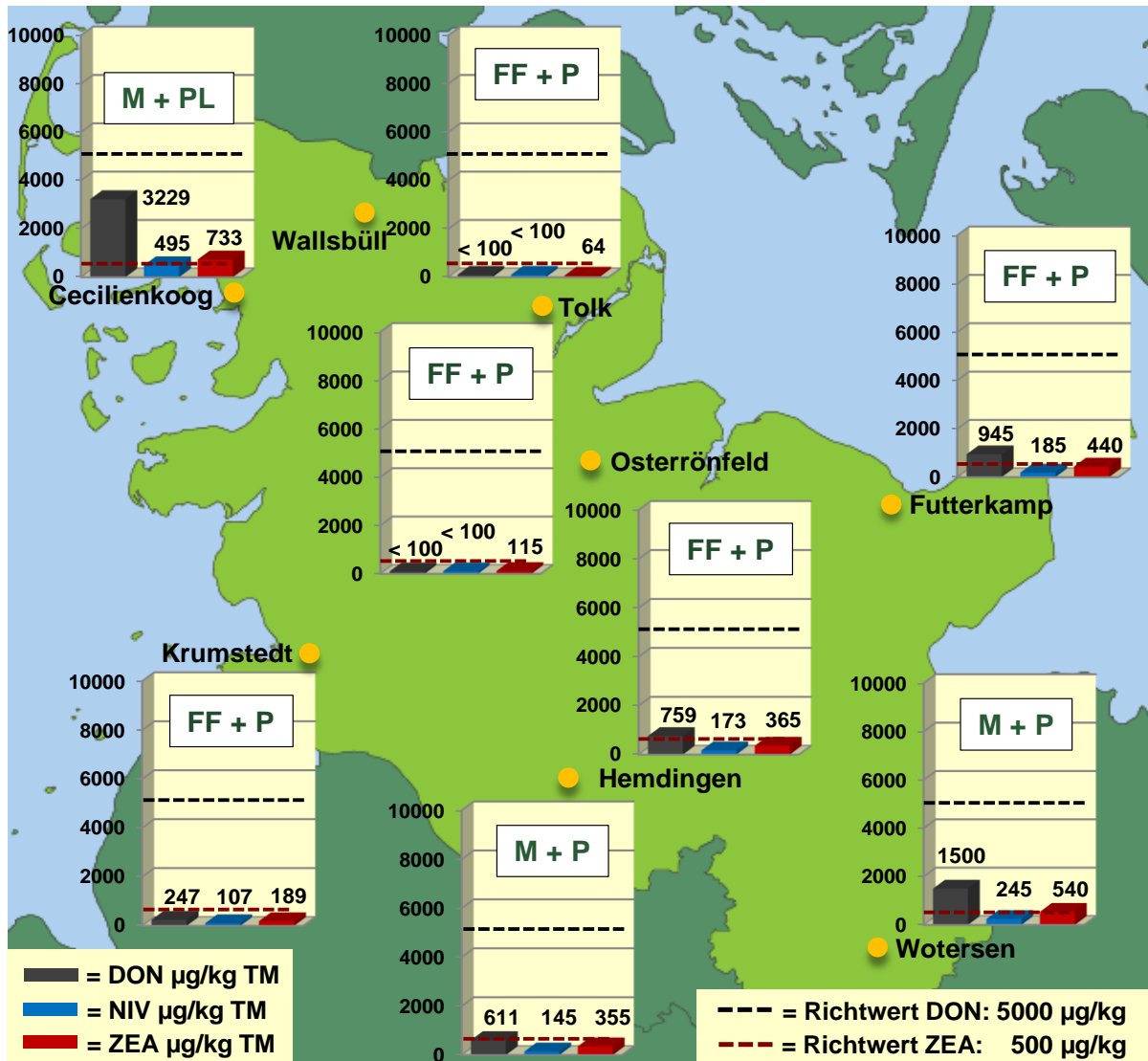


Abb. 80: DON-, NIV- und ZEA-Gehalte (µg/kg) im Silomais der Sorte Lorado an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung

4.3.2 Zusammenhang zwischen der Befallshäufigkeit und Befallsintensität nachgewiesener *Fusarium*-Arten im Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012

In Abbildung 81 ist vergleichend der Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (Befallshäufigkeit = BHB in %) und der Befallsintensität (‰) der verschiedenen nachgewiesenen *Fusarium*-Arten im Erntegut des Silomaises der Sorte Lorado als Mittel aller Standorte in den beiden Versuchsjahren 2011 und 2012 dokumentiert.

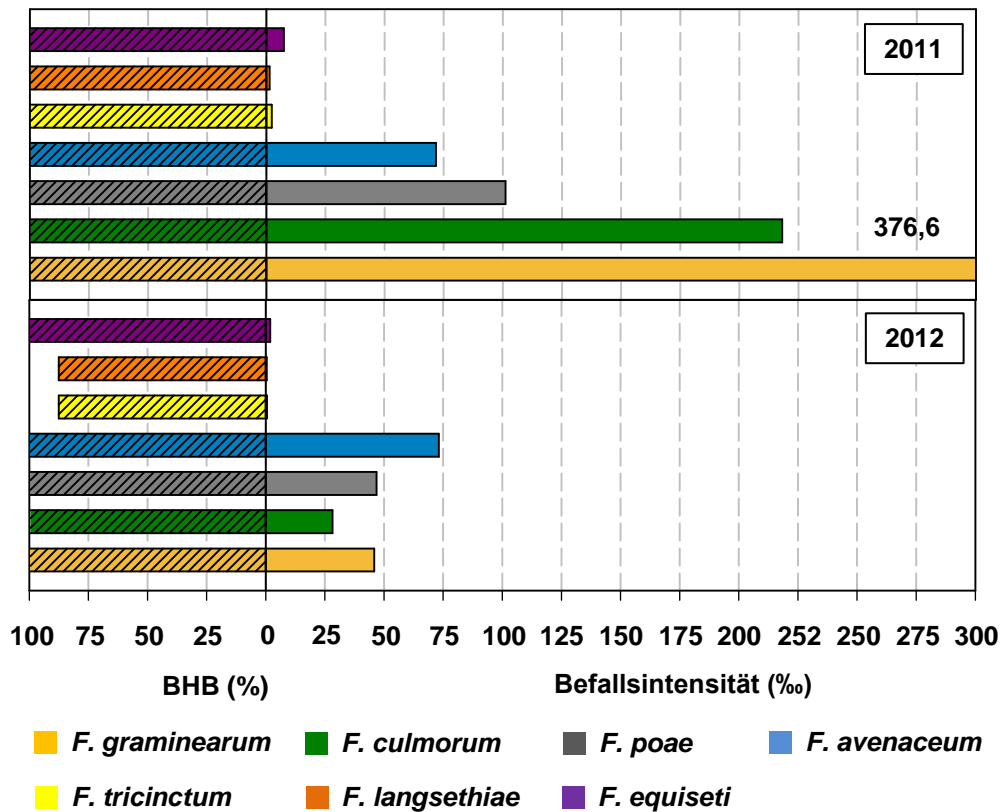


Abb. 81: Zusammenhang zwischen der Häufigkeit des Artenvorkommens (BHB = Befallshäufigkeit in %) und der Befallsintensität der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

In beiden Jahren konnten die *Fusarium*-Arten *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. poae*, *F. avenaceum* und *F. equiseti* mit einer Befallshäufigkeit von 100 % und *F. tricinctum* und *F. langsethiae* an nahezu allen Standorten (2011: 100 %, 2012: jeweils 94 % Befallshäufigkeit) analysiert werden. Jedoch unterschieden sich die absoluten Befallsintensitäten im jeweiligen Einzeljahr jedoch erheblich.

In 2011 konnte beispielsweise für *F. graminearum* (376,6 ‰) eine 170fach bzw. 280fach bzw. 50fach höhere DNA-Menge als für *F. tricinctum* (2,0 ‰), *F. langsethiae* (1,7 ‰) und *F. equiseti* (7,8 ‰) nachgewiesen werden, obwohl alle vier aufgeführten Arten mit einer Befallshäufigkeit von 100 % auftraten. Aber auch gegenüber *F. avenaceum* (72,2 ‰) und *F. poae* (105,7 ‰), die ebenfalls deutlich unterhalb der Befallsintensität von *F. graminearum* lagen (fünf- bzw. vierfach), waren *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* trotz gleicher Befallshäufigkeiten wesentlich schwächer vertreten.

Ein ähnliches Bild ergab sich für das Versuchsjahr 2012, in dem *F. avenaceum* (73,2 ‰) quantitativ am stärksten nachzuweisen war und deutlich stärkere Befallsintensitäten aufwies als *F. tricinctum* (0,5 ‰), *F. langsethiae* (0,4 ‰) und *F. equiseti* (1,9 ‰), welche überregional an allen bzw. nahezu allen Standorten vorzufinden waren. Die ebenfalls mit einer

Befallshäufigkeit 100 % diagnostizierten Arten *F. graminearum* (45,9 ‰), *F. culmorum* (28,2 ‰) und *F. poae* (46,8 ‰), die um das zwei- bis dreifache unterhalb der Befallsstärke von *F. avenaceum* lagen, wiesen gegenüber *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* deutlich höhere DNA-Mengen auf.

4.3.3 Zusammenhang zwischen der *Fusarium*-Befallsintensität und Mykotoxinbelastung des Silomaises in Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Die im Silomaiserntegut in den Versuchsjahren 2011 und 2012 gemessenen DON- und ZEA-Gehalte wurden ebenso wie im Winterweizen auf eine quantitative Beziehung mit den ermittelten *Fusarium*-Befallsintensitäten der DON- und ZEA bildenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* hin untersucht.

Wie aus Abbildung 82 hervorgeht, steht der gemessene DON-Gehalt im Zusammenhang zum quantitativen Nachweis der Pilz-DNA von *F. culmorum* und *F. graminearum*, was durch die dargestellte Regressionskurve beschrieben wird.

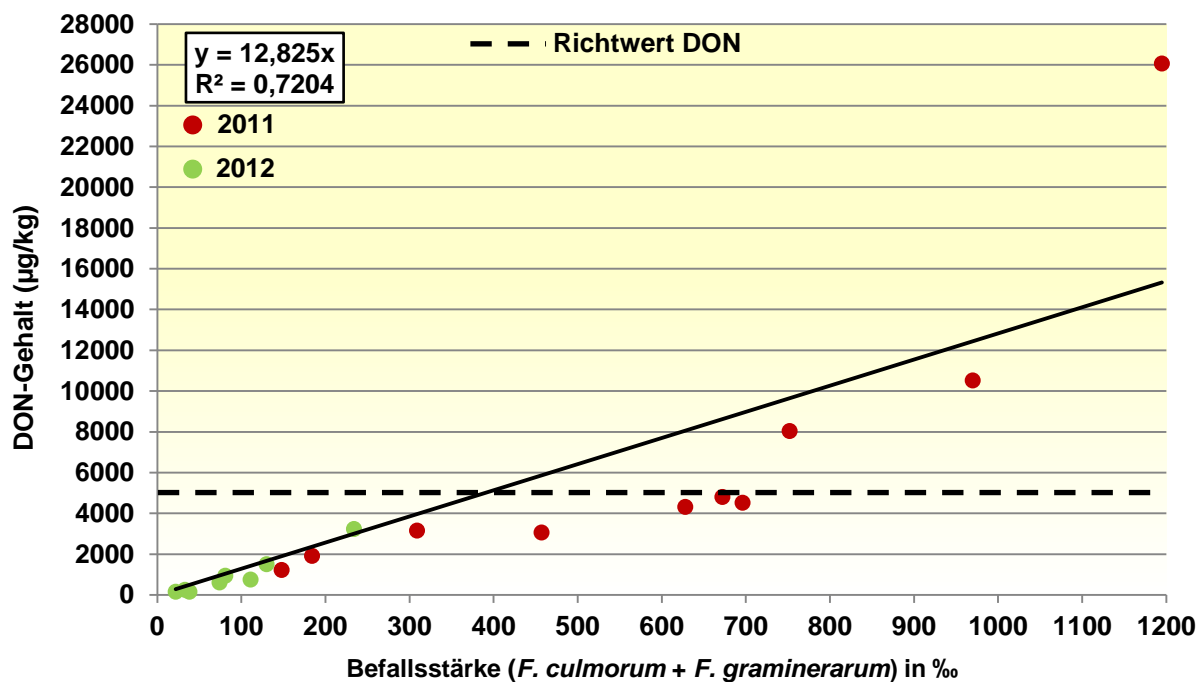


Abb. 82: Beziehung zwischen der Befallsstärke der DON-Produzenten *F. culmorum* und *F. graminearum* (‰ *Fusarium*-DNA) und dem DON-Gehalt (µg/kg) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Mit der Zunahme der pilzlichen Biomasse der beiden Arten nimmt der DON-Gehalt kontinuierlich zu. Die Streuung der Werte der beiden Versuchsjahre ist mit Ausnahme des DON-Wertes des Standortes Cecilienkoog mit 26068 µg/kg TM gering, was durch das Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,720$ dokumentiert wird. Die in 2011 (rote Punkte) erhobenen und in Vergleich zu 2012 (grüne Punkte) deutlich höheren DON-Gehalte resultierten aus den

höheren aufsummierten Befallsintensitäten der alleinigen DON-Produzenten *F. graminearum* und *F. culmorum*, wobei geringe *Fusarium*-Befallsstärken niedrigere bzw. gesteigerte Befallsintensitäten stärkere DON-Gehalte verursachten.

Der im Häckselgut der beiden Versuchsjahre bemessene ZEA-Gehalt steht ebenfalls in einem engen Zusammenhang zum molekularen, quantitativen DNA-Nachweis von *F. culmorum* und *F. graminearum*, was durch die in Abbildung 83 aufgezeigte Regression verdeutlicht wird.

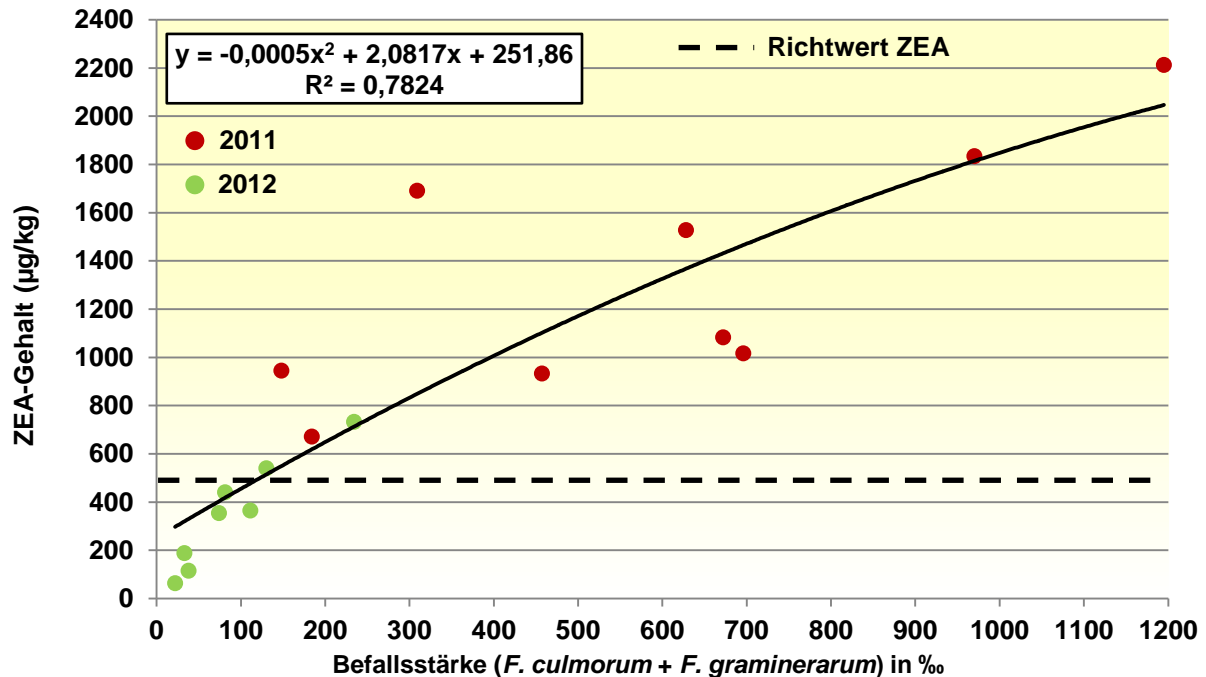


Abb. 83: Beziehung zwischen der Befallsstärke der *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* (%o *Fusarium*-DNA) und dem ZEA-Gehalt (µg/kg) im Silomais der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Die Güte der Beziehung zwischen der Befallsintensität von *F. culmorum* und *F. graminearum* und der ZEA-Belastung ist mit einem Bestimmtheitsmaß von $R^2 = 0,782$ als hoch anzusehen.

4.3.4 Einfluss der Sortenwahl auf die Mykotoxinbelastung von Silomais in Schleswig-Holstein 2011 und 2012

Nachfolgend wird der Einfluss der Sorte auf die Kontamination mit den Mykotoxinen DON und ZEA im Silomais an den Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein der Erntejahre 2011 und 2012 dargestellt.

In den Abbildungen 84 und 85 finden die DON- und ZEA-Gehalte der vier, in ihrer Anfälligkeit gegenüber Fusarien unterschiedlichen Silomaissorten Lorado, LG 30222, P 8000 und Torres des Versuchsjahres 2011 Darstellung.

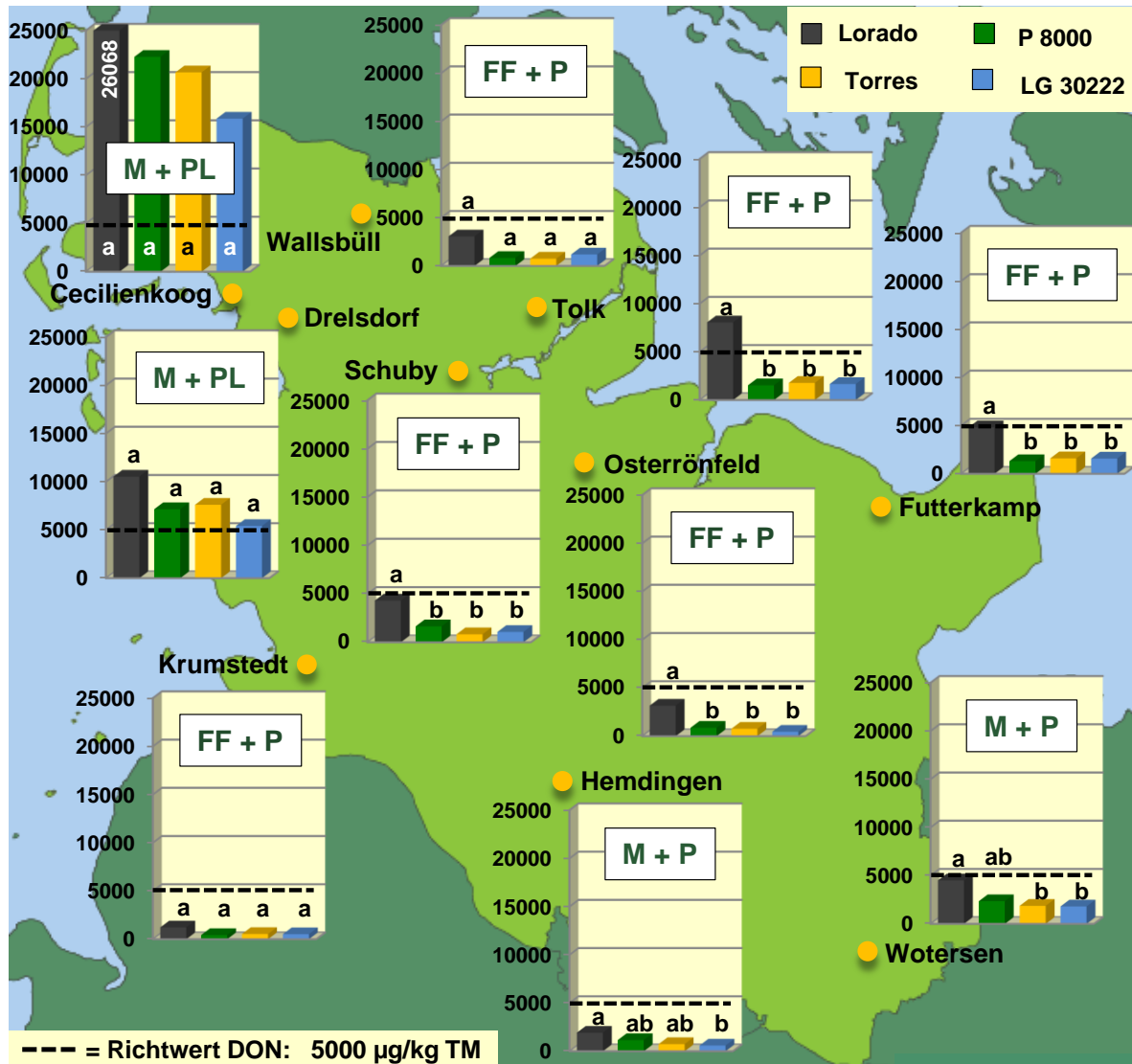


Abb. 84: DON-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)

In der durch das Bundessortenamt als hochanfällig gegenüber *Fusarium* spp. eingestuften Sorte Lorado (*Fusarium*-Anfälligkeit 7) konnte im Mittel aller Standorte des Versuchsjahres 2011 eine DON-Belastung von $6678 \mu\text{g}/\text{kg}$ TM analysiert werden (Abb. 84). Im Vergleich hierzu wurde in der als gering bis mittel anfällig eingestuft Sorten LG 30222 (*Fusarium*-Anfälligkeit 4) die DON-Belastung deutlich um 55 % auf einen durchschnittlichen Wert von $2887 \mu\text{g}/\text{kg}$ TM reduziert, während in den Sorten P 8000 und Torres, welche als gering anfällig einzustufen sind (*Fusarium*-Anfälligkeit 3), die Verminderung der DON-Kontamination gegenüber der Referenzsorte Lorado mit 45 % (Mittelwert P 8000: $3937 \mu\text{g}/\text{kg}$ TM) und 42 % (Mittelwert Torres: $4029 \mu\text{g}/\text{kg}$ TM) geringer war, als bei der Sorte LG 30222. Der Anbau der toleranteren Sorten P 8000, Torres und LG 30222 führte insgesamt an allen Standorten zu einer Reduktion der DON-Belastung im Vergleich zur Referenzsorte Lorado. Jedoch waren

diese Sorten an den Westküstenstandorten Cecilienoog und Dreisdorf mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais mitunter ähnlich stark belastet wie die Sorte Lorado, so dass der Richtwert von 5000 µg/kg TM an keinem der beiden Standorte und in keiner der Sorte unterschritten werden konnte (P8000: 22280 bzw. 7155 µg/kg TM; Torres: 20670 bzw. 9520 µg/kg TM; LG 30222: 15870 bzw. 5412 µg/kg TM). Dagegen führten an den übrigen Standorten der Anbau der toleranteren Sorten in Verbindung mit den bereits standortspezifisch beschriebenen Produktionsfaktoren (ausgewogene Fruchtfolge, wendende Bodenbearbeitung) unter diesen jahrespezifisch sehr befallsfördernden Bedingungen zu einer deutlichen DON-Minimierung unterhalb des Richtwertes von 5000 µg/kg TM. Im Mittel der acht Standorte Futterkamp, Hemdingen, Krumstedt, Osterrönfeld, Schuby, Tolk, Wallsbüll und Wotersen konnte gegenüber der Referenzsorte Lorado (3774 µg/kg TM) die DON-Kontamination in der Sorte LG 30222 durchschnittlich um 75 % (948 µg/kg TM), in der Sorte P 8000 um 67 % (1242 µg/kg TM) und in der Sorte Torres um 60 % (1516 µg/kg TM) vermindert werden.

Der Einfluss der Sortenwahl auf die ZEA-Belastung an den zehn Standorten wird aus der nachfolgenden Abbildung 85 deutlich. Durch die Sortenwahl konnten die ZEA-Gehalte gegenüber der Sorte Lorado deutlich reduziert werden. In den Sorten P 8000 und Torres wurden die ZEA-Gehalte um jeweils 70 % (P8000: 513 µg/kg TM; Torres: 526 µg/kg TM) und in der Sorte LG 30222 gar um 80 % (LG 30222: 361 µg/kg TM) vermindert. An den Standorten Cecilienkoog und Dreisdorf mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais waren die drei Sorten P 8000, Torres und LG 30222 mitunter ähnlich stark belastet wie die Sorte Lorado, so dass an diesen beiden Standorten der ZEA-Richtwert in allen Sorten überschritten wurde. An den anderen acht Standorten waren deutliche Minderungen der ZEA-Belastungen zu dokumentieren, so dass im Mittel dieser Standorte ZEA-Reduktionen gegenüber der Referenzsorte Lorado (1732 µg/kg TM) von durchschnittlich 86 % in der Sorte LG 30222 (244 µg/kg TM), 88 % in der Sorte P 8000 (230 µg/kg TM) und 84 % in der Sorte Torres (272 µg/kg TM) festgestellt werden konnten. Während in der Sorte Lorado an allen Standorten der ZEA-Richtwert überschritten wurde, war dies für die Sorten Torres und LG 30222 lediglich in Dreisdorf und im Cecilienkoog (Maismonokultur und pfluglose Bodenbearbeitung) der Fall. Eine Überschreitung des ZEA-Richtwertes war für die Sorte P 8000 neben den beiden zuvor genannten Standorten noch am Standort Schuby zu verzeichnen.

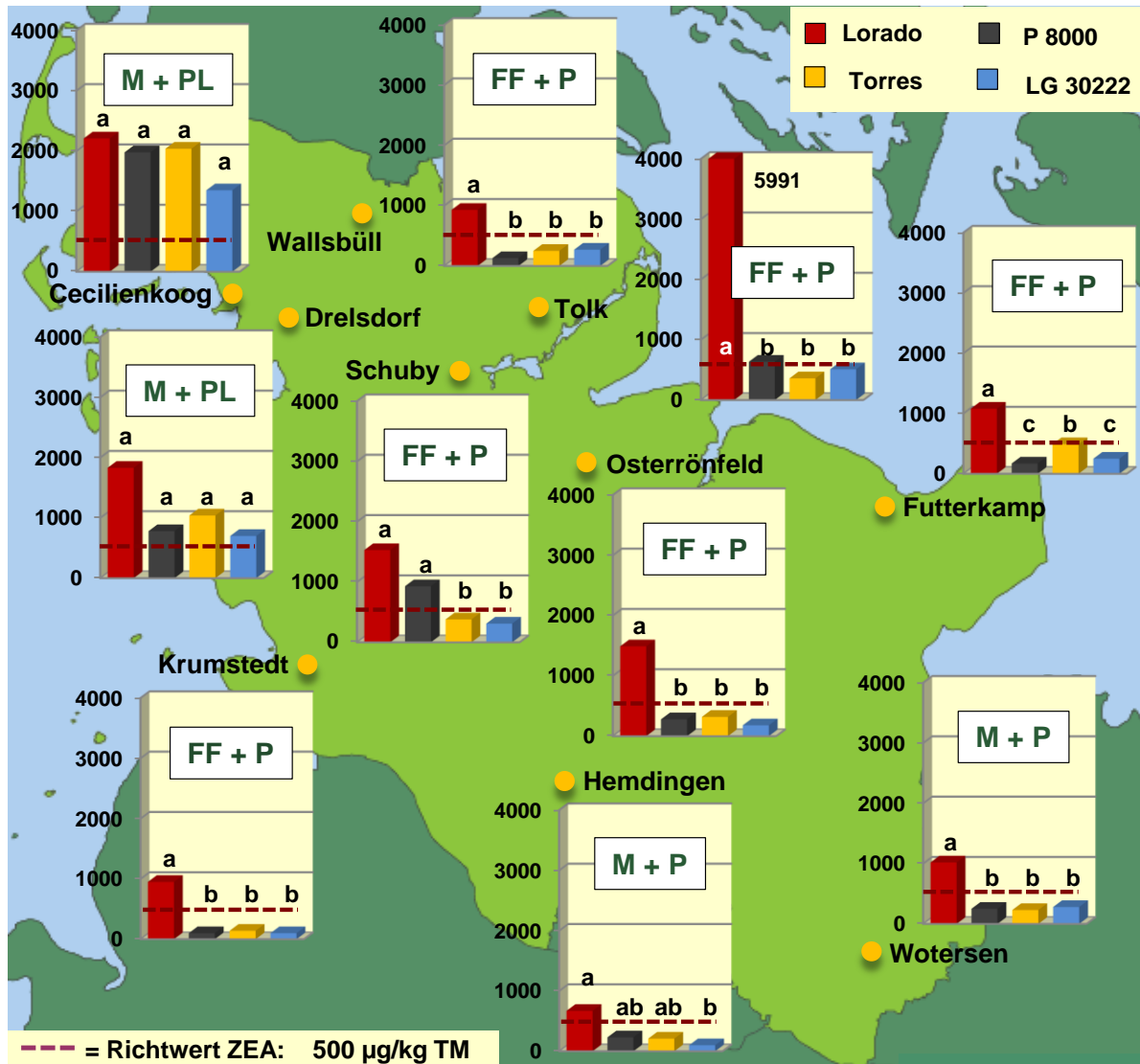


Abb. 85: ZEA-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den zehn Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2011. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW ($n = 4$), multipler Kontrasttest ($p \leq 0,05$)

Der Anbau von Sorten mit einer geringeren Anfälligkeit gegenüber Fusarien (LG 30222, P 8000, Torres) resultierte in einer deutlichen Reduktion der Mykotoxinbelastung. Jedoch waren selbst diese Sorten an Standorten mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais im Versuchsjahr 2011 ähnlich stark mit Mykotoxinen belastet wie die hoch anfällige Sorte Lorado. Die Ergebnisse zeigen weiter, dass der Anbau einer gering anfälligen Sorte, der Anbau von Mais in Fruchtfolgen sowie die Nutzung des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung wertvolle Werkzeuge darstellen, um die Mykotoxinbelastungen im Silomais zu reduzieren.

Im Versuchsjahr 2012 konnte in allen Sorten an den acht Standorten DON nachgewiesen werden (Abb. 86), jedoch waren die Belastungen der drei toleranten Sorten LG 30222,

4. Ergebnisse

P 8000 und Torres gegenüber der Referenzsorte Lorado geringer, wobei aber auch für die Sorte Lorado im Vergleich zu 2011 geringere DON-Werte analysiert wurden.

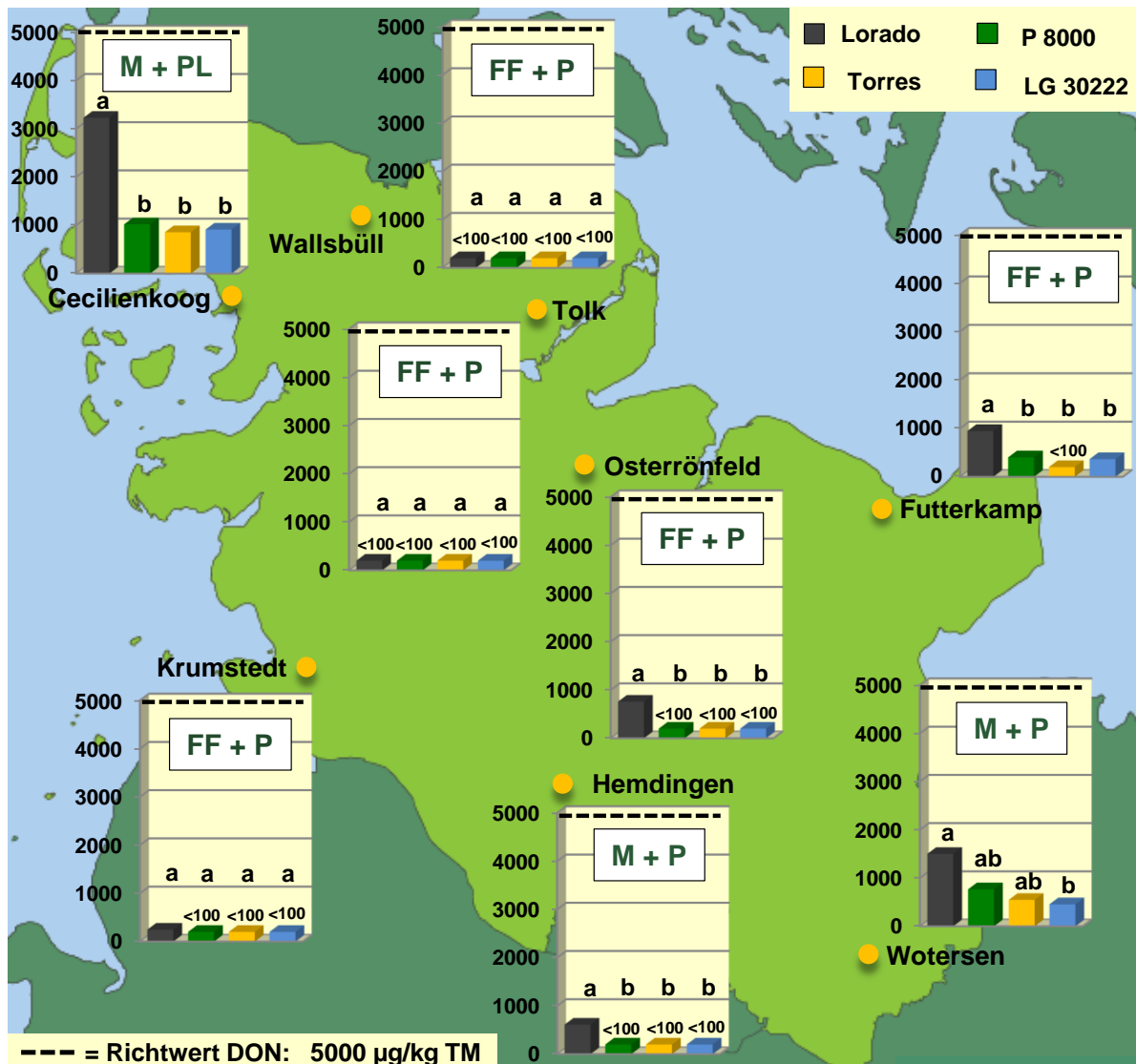


Abb. 86: DON-Gehalte (µg/kg) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW (n = 4), multipler Kontrasttest (p ≤ 0,05)

Der stärkste Sorteneffekt war am Standort Cecilienkoog (Maismonokultur und pfluglose Bodenbearbeitung) zu dokumentieren, an dem im Häckselgut der drei Sorten 68 bis 73 % geringere DON-Gehalte gegenüber der hoch anfälligen Sorte Lorado (3229 µg/kg TM) nachgewiesen wurden (LG 30222: 912 µg/kg TM, P 8000: 1021 µg/kg TM, Torres: 857 µg/kg TM). In Hemdingen, Krumstedt und Osterrönfeld wurden durch die Sorten LG 30222, P 8000 und Torres die DON-Gehalte unter die Quantifizierungsgrenze von 100 µg/kg TM vermindert, während diese in der Sorte Lorado Werte von 611 µg/kg TM (Hemdingen), 247 µg/kg TM (Krumstedt) und 759 µg/kg TM (Osterrönfeld) erreichten. An den

4. Ergebnisse

Standorten Tolk und Wallsbüll lagen in allen vier Sorten DON-Belastungen unterhalb von 100 µg/kg TM vor. Der DON-Richtwert wurde in keiner der vier Sorten an den acht Monitoring-Standorten überschritten.

Durch die Sortentoleranz der drei Maissorten LG 30222, P 8000 und Torres konnten die ZEA-Gehalte vergleichend zur Sorte Lorado (350 µg/kg TM) um durchschnittlich 63 % in der Sorte LG 30222 (129 µg/kg TM), 57 % in der Sorte P 8000 (150 µg/kg TM) und 71 % in der Sorte Torres (100 µg/kg TM) vermindert werden (Abb. 87).

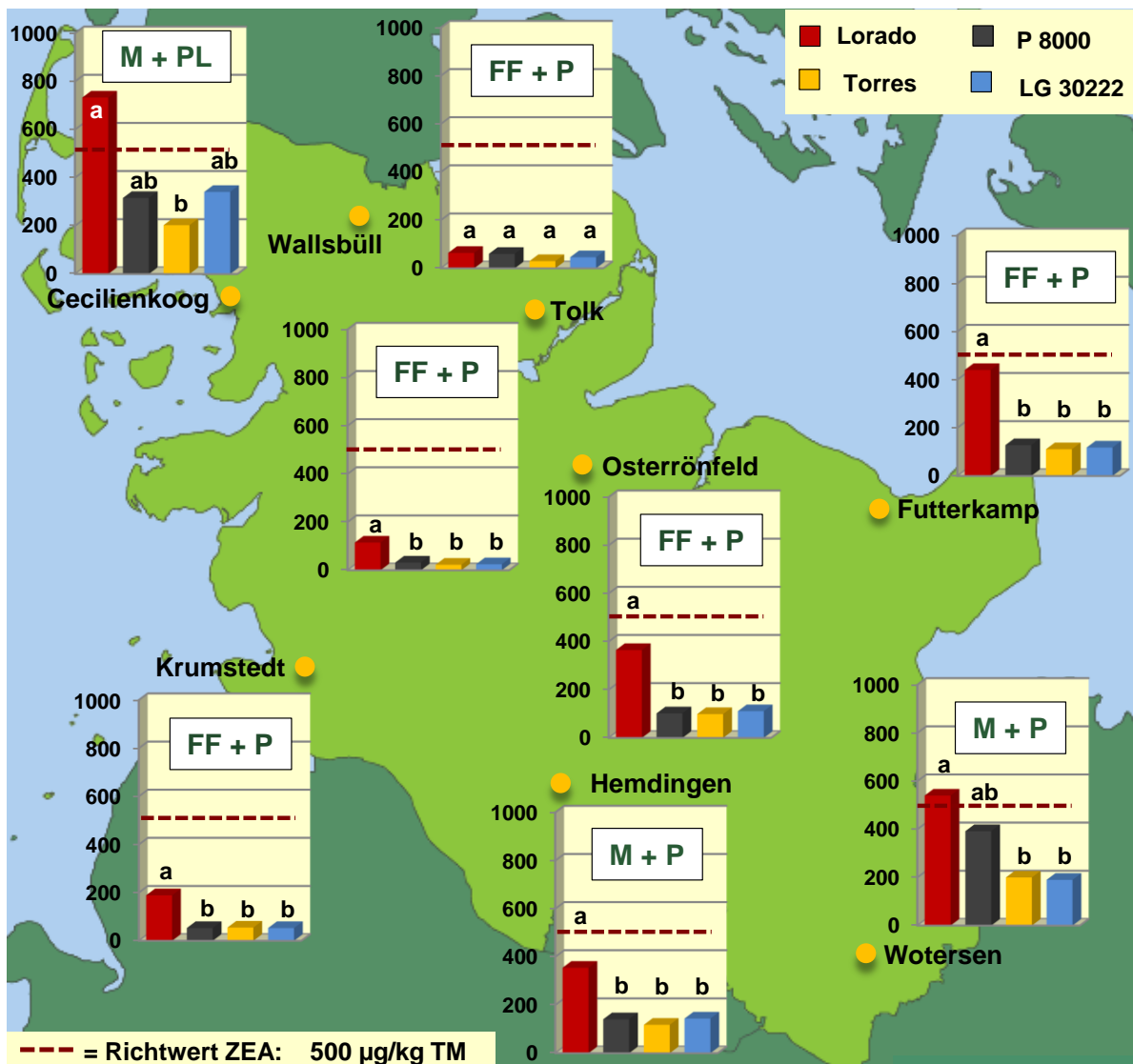


Abb. 87: ZEA-Gehalte (µg/kg) im Silomais der Sorten Lorado, P 8000, Torres und LG 30222 an den acht Mais-Monitoring-Standorten in Schleswig-Holstein 2012. FF = Fruchtfolge, M = Maismonokultur, P = Pflugsaat, PL = pfluglose Bodenbearbeitung. Daten sind MW (n = 4), multipler Kontrasttest (p ≤ 0,05)

An den Standorten Cecilienkook und Wotersen, an denen der ZEA-Richtwert von 500 µg/kg TM einzig in diesem Versuchsjahr überschritten wurde, konnte durch die drei toleranten Sorten die ZEA-Gehalte in dem Maße reduziert werden, dass eine Überschreitung des

Richtwertes für die Rinderfütterung verhindert wurde. Signifikante und annähernd gleiche ZEA-Minderungen zwischen den Sorten gegenüber der Sorte Lorado waren an den Standorten Futterkamp, Hemdingen, Krumstedt, Osterröfeld und Tolk festzustellen, so dass die ZEA-Gehalte der Sorten LG 30222, P 8000 und Torres sehr deutlich unterhalb des ZEA-Richtwertes lagen. Am Standort Wallsbüll erreichten alle vier Sorten ein nahezu identisches Niveau der ZEA-Belastung, wobei der Maximalwert von lediglich 64 µg/kg TM in der Sorte Lorado erreicht wurde.

4.4 *In vivo* Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener *Fusarium*-Arten im Winterweizen

Im Folgenden werden die Ergebnisse der *in vivo* Versuche dargestellt. Ziel der Untersuchungen war es, dass Mykotoxinmuster verschiedener von Mais und Weizen isolierter *Fusarium*-Arten zu bestimmen. Des Weiteren sollte der Frage nachgegangen werden, ob von Mais isolierte Fusarien in der Lage sind, den Winterweizen zu infizieren und das Erntegut (Körner) mit ihren spezifischen Mykotoxinen zu kontaminieren.

Tabelle 26 zeigt die analysierten Mykotoxinwerte der verschiedenen *Fusarium*-Arten, die für die Inokulation des Winterweizens im Gewächshaus genutzt wurden.

Von den vom Winterweizen und Mais isolierten *Fusarium*-Arten waren *F. graminearum*, *F. culmorum* und *F. sporotrichioides* in der Lage, Mykotoxine im Weizen zu bilden. Bei den vom Winterweizen isolierten Isolaten *F. culm* II 4 und *F. culm* VIII 18 der Art *F. culmorum* konnte die Bildung von ZEA festgestellt werden. Hinsichtlich der B-Trichothezene wurde für *F. culm* II 4 eine ausschließliche NIV-Bildung festgestellt, während sich *F. culm* VIII 18 als DON-Bildner erwies. Das dritte eingesetzte *F. culmorum*-Isolat *F. culm* Fu 13, welches von Mais isoliert wurde, war in der Lage den Winterweizen zu infizieren und die Körner mit DON und ZEA zu kontaminieren. Ebenso konnten die vom Mais isolierten *F. graminearum*-Isolate *F. gram* Ck 8 und *F. gram* To 5 den Weizen befallen und das Erntegut mit DON und ZEA belasten. Von den vom Winterweizen gewonnenen Isolaten *F. gram* III 1 und *F. gram* III 7 konnte *F. gram* III 1 als NIV- und *F. gram* III 7 als DON-Bildner identifiziert werden. Für beide konnte die ZEA-Synthese nachgewiesen werden. Die A-Trichothezene T2, HT2, DAS und NEO wurden ausschließlich von *F. sporotrichioides* Isolat *F. sporo* I 1 Fp gebildet, wohingegen die Bildung von B-Trichothezenen und ZEA nicht festgestellt werden konnte. Für die von Mais und Weizen isolierten Arten *F. avenaceum* und *F. poae* wurde keine Bildung von A- oder B-Trichothezenen sowie ZEA nachgewiesen. Ebenso war *F. tricinctum* nicht in der Lage, eines der untersuchten Mykotoxine zu synthetisieren.

Tab. 26: Mykotoxin-Gehalte ($\mu\text{g}/\text{kg}$) des Kornes, des mit verschiedenen von Mais und Weizen isolierten *Fusarium*-Isolaten inokulierten Winterweizens der Sorte Ritmo (*in vivo*)

<i>Fusarium</i> -Isolat	isoliert von	B-Trichothecene			A-Trichothecene				ZEA
		DON	NIV	Fus X	T2	HT2	DAS	NEO	
<i>F. avenaceum</i> <i>F. av</i> VI 4	Weizen	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. avenaceum</i> <i>F. av</i> To 8	Mais	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. culmorum</i> <i>F. culm</i> II 4	Weizen	0	233	0	0	0	0	0	1812
<i>F. culmorum</i> <i>F. culm</i> VIII 18	Weizen	5966	0	0	0	0	0	0	746
<i>F. culmorum</i> <i>F. culm</i> Fu 13	Mais	6382	0	0	0	0	0	0	2933
<i>F. graminearum</i> <i>F. gram</i> III 1	Weizen	0	461	0	0	0	0	0	3290
<i>F. graminearum</i> <i>F. gram</i> III 7	Weizen	7467	0	0	0	0	0	0	648
<i>F. graminearum</i> <i>F. gram</i> Ck 8	Mais	11595	0	0	0	0	0	0	1164
<i>F. graminearum</i> <i>F. gram</i> To 5	Mais	7968	0	0	0	0	0	0	1714
<i>F. poae</i> <i>F. poae</i> II 1 Fp	Weizen	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. poae</i> <i>F. poae</i> To 11	Mais	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. sporotrichioides</i> <i>F. sporo</i> I 1 Fp	Weizen	0	0	0	869	600	635	2457	0
<i>F. tricinctum</i> <i>F. tri</i> I 1	Weizen	0	0	0	0	0	0	0	0

Zur Überprüfung, ob die zur Inokulation verwendeten Isolate tatsächlich die erhobenen Symptome hervorriefen, wurden nach der Extraktion der DNA aus dem Erntegut eine PCR mit artspezifischen Primern durchgeführt. Für jede Kornprobe konnte die entsprechende Art identifiziert werden, so dass eine eindeutige Zuordnung des Mykotoxinmusters zu dem dazugehörenden Pilz vorgenommen werden konnte.

5. Diskussion

Pilze der Gattung *Fusarium* sind ubiquitär auftretende Schaderreger, die als Pflanzenkrankheiten weltweit ökonomisch bedeutender Kulturarten bekannt sind. Dies gilt insbesondere für Kulturarten der Familie *Poaceae*, zu denen Weizen (*Triticum aestivum*), Mais (*Zea mays*), Hafer (*Avena sativa*) und Gerste (*Hordeum vulgare*) gehören. Neben quantitativen Verlusten in Form von Ertragsverlusten, sind aber vor allem die qualitativen Verluste landwirtschaftlicher Erzeugnisse durch die Bildung von Mykotoxinen, die ein Gesundheitsrisiko für Mensch und Tier darstellen, von großer Bedeutung (Parry et al., 1995; Logrieco et al., 2003; Strange und Scott, 2005; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006; Trail, 2009).

Die fortlaufende Ausdehnung der Anbauflächen von Getreide und vor allem Mais zur Bioenergieerzeugung sowie stetig steigende Anteile der Maiskultur in den Anbaurotationen, mitunter in Monokulturen, das Fehlen von resistenten Sorten, die verstärkte Anwendung der reduzierten Bodenbearbeitung erhöhen die Brisanz des Auftretens der plurivoren Schaderreger der Gattung *Fusarium* durch erhöhte Infektionspotentiale im Getreide- und Maisanbau und damit auch das Risiko von *Fusarium*-Infektion und damit erhöhter Mykotoxinbelastungen. Aufgrund der Tatsache, dass Weizen und Mais zu den am stärksten mit Mykotoxinen belasteten Getreidearten zählen (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Logrieco et al., 2003; Strange und Scott, 2005; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006; Trail, 2009; Munkvold, 2003), muss die Verwendung von mit Mykotoxinen kontaminierten Partien für die Nahrungsmittelerzeugung bzw. Verfütterung als toxikologisch bedenklich angesehen werden (Placinta et al., 1998; Dänicke, 2001; Döll & Dänicke, 2011), zumal die EG-Verordnung Nr. 1126/2007 die Nutzung von Getreide, welches Toxingehalte oberhalb festgelegter Höchstmengen aufweist, untersagt.

Die gegenüber *Fusarium*-Arten anfälligen Kulturarten Weizen und Mais stellen mit über 60 % an der Gesamtackerfläche die wichtigsten Ackerkulturen in Schleswig-Holstein dar (Anonym, 2013b).

Ziel der vorliegenden Arbeit war es, im Rahmen einer überregionalen Untersuchung Hintergrundinformationen über das qualitative und quantitative Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten und deren Mykotoxinbildung in den Kulturarten Winterweizen und Mais (Nutzungsrichtung Silomais) in Schleswig-Holstein zu erarbeiten. Im Winterweizen wurden die Feldversuche der Versuchsjahre 2008 bis 2012 an acht, in den Hauptanbaugebieten für Winterweizen liegenden Anbaugebieten durchgeführt. Die Untersuchungen im Silomais erfolgten in den Anbaujahren 2011 und 2012 an insgesamt zehn Standorten. Ferner sollten unter Berücksichtigung von Anbausystemfaktoren wie Fruchtfolge, Vorfrucht, Bodenbearbeitung und Sortenwahl sowie chemisch therapeutischen Maßnahmen Veränderungen in der Zusammensetzung des Artenspektrums, Stärke des Befalls sowie

Kontamination des Ernteguts mit Mykotoxinen bestimmt werden, um so Strategien zur biologischen Kontrolle des Befallsgeschehens in der Weizen- und Maiskultur zu entwickeln. Eine weitere Zielsetzung war es, den Einfluss der übergeordneten Einflussgröße Witterung auf die Befallsstärke von *Fusarium*-Arten und die Mykotoxinbelastung zu analysieren. Vor dem Hintergrund des rasant angestiegenen Maisanbaus sollte des Weiteren der Frage nachgegangen werden, in wie weit von Mais isolierte *Fusarium*-Arten in der Lage sind, Winterweizen zu infizieren und das Erntegut mit ihren spezifischen Mykotoxinen zu kontaminieren.

Im Folgenden werden die im Winterweizen und Silomais erzielten Ergebnisse gemeinsam diskutiert.

Artenspektrum

Die Zusammensetzung des *Fusarium*-Erregerkomplexes wird durch die geografische Lage beeinflusst, wobei das Klima der Haupteinflussfaktor ist (Doohan et al., 2003; Bottalico und Perrone, 2002). Nach Osborne und Stein (2007) entscheiden die klimatischen Bedingungen auf kontinentaler und überregionaler Ebene darüber, welche *Fusarium*-Arten dort prinzipiell auftreten, während die Witterungsbedingungen auf regionaler und lokaler Ebene eine entscheidende Rolle für die aktuelle Befallsituation spielen. Diese regionalen und lokalen Einflüsse der übergeordneten Einflussgröße Witterung sowie von Anbausystemfaktoren (Bodenbearbeitung, Fruchtfolge, Vorfrucht und Sortenwahl) führen zu qualitativen und quantitativen Variationen des Auftretens von *Fusarium*-Arten auf lokaler und regionaler Ebene.

Alle untersuchten Winterweizenproben der acht Standorte in Schleswig-Holstein der fünf Versuchsjahre 2008 bis 2012 wiesen einen Befall mit mindestens vier bis maximal sieben verschiedenen *Fusarium*-Arten auf. Untersuchungen zum *Fusarium*-Artenspektrum von Parry et al. (1995), Schweyda (1996) und Doohan et al. (2003) bestätigen dies, wonach immer mehrere Arten gleichzeitig den Wirt besiedeln können und neben der Witterung die Konkurrenzfähigkeit der Pathogene darüber entscheidet, welche Art sich durchsetzt.

Im Getreideanbau Europas gelten *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. langsethiae*, *F. poae*, *F. sporotrichioides* und *F. tricinctum* als die am häufigsten auftretenden *Fusarium*-Arten. *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. avenaceum* sind zusammen mit *F. poae* die Arten, welche als Erreger der partiellen Taubährigkeit im Getreideanbau Europas dominieren (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Bottalico und Perrone, 2002; Waalwijk et al., 2003; Kosiak et al., 2003; loos et al., 2004; Shah et al., 2005; Xu et al., 2005; Büttner, 2006; Stepien et al., 2008; Nicolaisen et al., 2009; Yli-Mattila, 2010; Nielsen et al., 2011; Yli-Mattila, 2011).

In Schleswig-Holstein wurden in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. poae* mit den höchsten Befallshäufigkeiten und Befallsstärken analysiert, wobei aber *F. culmorum* und *F. graminearum* jahresübergreifend den Gesamt-*Fusarium*-Komplex deutlich dominierten. Diese Ergebnisse stehen im Einklang mit den Untersuchungen der zuvor genannten Autoren. *F. culmorum* konnte im Mittel der Jahre mit einem Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 65,9 % deutlich stärker nachgewiesen werden als *F. graminearum* mit 18,6 %. Diese Tatsache deckt sich mit den Ergebnissen anderer Untersuchungen, welche einen Befall des Weizens mit *F. culmorum* vorherrschend in den kühleren, maritim geprägten Teilen Mittel- und Nordeuropas beobachten konnten, während *F. graminearum* ebenso in diesen, aber vor allem in den wärmeren Regionen Europas zu finden ist (Parry et al., 1995; Botallico, 1998; Botallico et al., 2002; Brennan et al., 2005; Doohan et al., 2003; Kosiak et al., 2003). Kosiak et al. (2003) konnten beispielsweise für norwegische Getreideproben zeigen, dass *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum* und *F. culmorum* deutlich häufiger nachzuweisen waren als *F. graminearum*, *F. sporotrichioides* und *F. equiseti*, wohingegen im eher warm und kontinental geprägten Frankreich *F. graminearum*, *F. avenaceum* und *F. poae* den *Fusarium*-Erregerkomplex dominierten, während *F. culmorum* weitaus weniger häufig detektiert werden konnte (loos et al., 2004). Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Shah et al. (2005) in Italien und Büttner (2006) in Bayern, wo *F. graminearum* in den wärmeren und kontinental geprägten Regionen Europas stärker vertreten war als *F. culmorum*. Für *F. culmorum* sind abiotische Ansprüche von > 80 % Luftfeuchtigkeit und Temperaturen > 10 °C beschrieben (Meier, 2003), wobei optimales Wachstum nach Jajic et al. (2008) bei 21 °C, nach Sutton (1982) und Rossi et al. (2001) in einem Bereich von 18 bis 26,5 °C und nach Cook und Christen (1976) zwischen 20 und 25 °C erfolgt. Die Wärme liebende Art *F. graminearum* bevorzugt hingegen Temperaturen von bis zu 30 °C mit einem Optimum zwischen 25 und 30 °C (Cook und Christen, 1976; Parry et al., 1995; Bottalico und Perrone, 2002; Brennan et al., 2005) bzw. 28 bis 29 °C (Sutton, 1982; Rossi et al., 2001). In Anbetracht der Tatsache, dass zur Zeit der Blüte, dem sensibelsten Stadium der Weizenpflanze für eine Infektion mit *F. culmorum* und *F. graminearum* (Parry et al., 1995; Bartels und Rodemann, 2003; Bushnell et al., 2003; Champeil et al., 2004), durchschnittliche Temperaturen während der Blühphase von 17,1 °C (2008); 12,7 °C (2009), 14,3 °C (2010), 16,1°C (2011) und 14,2 °C (2012) gemessen wurden, liegt der Schluss nahe, dass sich *F. culmorum*, auch wenn die Optimaltemperaturen nicht erfüllt waren, aufgrund der besseren Anpassung an kühlere Temperaturen stärker durchsetzen konnte als *F. graminearum*. Diese These wird durch Untersuchungen von Brennan et al. (2005) gestützt. Die Autoren konnten bei ihren Inokulationsversuchen zur Weizenblüte mit *F. culmorum* und *F. graminearum* mit Temperaturen von 15 und 20 °C feststellen, dass mit *F. culmorum* inokulierte Weizenähren bei 15 und 20 °C die gleiche DNA-

Menge enthielten, wohingegen mit *F. graminearum* inokulierte Weizenähren bei Inokulationsbedingungen zur Blüte von 20 °C deutlich höhere DNA-Mengen enthielten, als dies bei 15 °C der Fall war, wodurch der höhere Temperaturanspruch von *F. graminearum* gegenüber *F. culmorum* noch einmal untermauert wird.

Neben den dominierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* sind häufig noch *F. avenaceum* und *F. poae* im stärkeren Umfang im *Fusarium*-Komplex als Erreger der partiellen Taubährigkeit vertreten (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Bottalico und Perrone, 2002; Waalwijk et al., 2002; Kosiak et al., 2003; Iosif et al., 2004; Shah et al., 2005; Xu et al., 2005; Büttner, 2006; Stepien et al., 2008; Yli-Mattila, 2008; Nicolaisen et al., 2009; Nielsen et al., 2011; Yli-Mattila, 2011). Diese Beobachtungen stimmen mit den vorliegenden Ergebnissen aus Schleswig-Holstein überein. *F. avenaceum* und *F. poae* erreichten jahresübergreifend mit einem DNA-Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 8,6 und 3,7 % die dritt- und viertgrößte Bedeutung im *Fusarium*-Erreger-Komplex. *F. poae* und *F. avenaceum* besitzen ein ähnliches Temperaturoptimum wie *F. culmorum* von 20 bis 25 °C (Brennan et al., 2003) und sind daher ebenfalls stärker im mittleren und vor allem nördlichen Europa vertreten (Parry et al., 1995; Nicholson et al., 1998; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Kosiak et al., 2003; Xu et al., 2005; Nicolaisen et al., 2009; Yli-Mattila, 2010; Nielsen et al., 2011; Yli-Mattila, 2011). Obwohl *F. avenaceum* und *F. poae* aufgrund der Adaption an maritime und kühlere Klimate im stärkeren Umfang zu finden sein müssten, erreichten die beiden Arten jahresübergreifend in Schleswig-Holstein jedoch nur Befallsstärken von 11,6 und 4,9 ‰, die deutlich hinter denen von *F. culmorum* und *F. graminearum* mit 25,1 und 88,8 ‰ lagen. Zu begründen ist dieses deutlich schwächere Auftreten mit der geringeren Konkurrenzkraft gegenüber anderen *Fusarium*-Arten. Nach Brennan et al. (2003), Fernandez und Chen (2005) und Xu et al. (2007) gelten *F. avenaceum* und *F. poae* als weniger pathogen als die dominant auftretenden und aggressiveren Arten *F. culmorum* und *F. graminearum*. Xu et al. (2007) konnte anhand von Inokulationsversuchen mit *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. poae* zeigen, dass sich bei Mischinokulationen aus *F. avenaceum*, *F. poae* und einem der B-Trichotheecen-Bildnern *F. culmorum* oder *F. graminearum* immer eine der beiden zuletzt genannten Arten durchsetzte bzw. deutlich größere DNA-Mengen dieser beiden Arten in den Weizenkörnern nachweisbar waren. Das dominierende und verstärkte Auftreten von *F. graminearum* und vor allem *F. culmorum* war unter den verhältnismäßig günstigen Infektionsbedingungen zur Winterweizenblüte der Versuchsjahre 2009, 2011 und 2012 gegenüber *F. avenaceum* und *F. poae* besonders deutlich zu beobachten. Die hohen Niederschlagsintensitäten zur Blüte der drei letztgenannten Jahre mit standortübergreifend 46,2 mm (2009), 37,9 mm (2011) und 28,1 mm (2012) Niederschlagsmengen begünstigten die *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* deutlich stärker als alle anderen Arten.

In 2009 machten beide Arten 85,4 % (*Fusarium*-Gesamtbefallsstärke: 186,1 ‰) der Gesamt-*Fusarium*-DNA aus, in 2011 sogar 91,0 % (*Fusarium*-Gesamtbefallsstärke: 318,0 ‰) und in 2012 74,3 % (*Fusarium*-Gesamtbefallsstärke: 134,3 ‰). *F. avenaceum* war in stärkerem Maße als *F. poae* vertreten, was mit den Beobachtungen von Xu et al. (2005) übereinstimmt, die bei Mischinfektionen von Weizen mit *F. avenaceum* und *F. poae* ein stärkeres Wachstum von *F. avenaceum* feststellen konnten. *F. poae* wird des Weiteren als sekundäres, ährenbefallendes Pathogen beschrieben, welches geschwächte Ähren, die beispielsweise durch *F. culmorum* und *F. graminearum* infiziert wurden, befällt (Audenaert et al., 2009).

Ebenfalls häufig, aber mit wesentlich geringeren prozentualen Anteilen an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 1,1 und 1,9 % waren *F. tricinctum* und *F. langsethiae* in Schleswig-Holstein zu detektieren. Nach Xu et al. (2005, 2008) tritt *F. tricinctum* mit den Arten *F. avenaceum* und *F. culmorum* generell in den kühl-maritimen Gebieten Europas auf. Dies gilt ebenso für die Art *F. langsethiae*, die als neue toxische *Fusarium*-Art beschrieben wurde (Torp und Nirenberg, 2004) und aus infizierten Hafer-, Gersten- und Weizenkörnern Nordeuropas isoliert werden konnten (Torp und Adler, 2004). Ähnlich den Arten *F. avenaceum* und *F. poae* gelten *F. langsethiae* und *F. tricinctum* als weniger konkurrenzstark gegenüber *F. culmorum* und *F. graminearum* (Torp und Nirenberg, 2004; Kulik, 2008), wodurch ihr geringeres Auftreten in Schleswig-Holstein begründet werden kann. Von allen *Fusarium*-Arten war *F. equiseti* über alle Versuchsjahre am schwächsten vertreten. Neben einer scheinbar schwächeren Konkurrenzkraft gegenüber den anderen Arten ist für *F. equiseti* ein hohes Temperaturoptimum von 26 bis 30 °C beschrieben (Punja et al., 2008), wodurch für diese Art nicht die optimalen Temperaturansprüche zur Weizenblüte in Schleswig-Holstein vorherrschten.

Ein Befall der Körner mit *F. sporotrichioides* konnte hingegen in keinem der fünf Versuchsjahre festgestellt werden, obwohl ein sporadisches Auftreten in der Weizenkultur in mittel- und nordeuropäischen Regionen nachgewiesen werden konnte (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Bottalico und Perrone, 2002; Kosiak et al., 2003; Levitin, 2001; Stepien et al., 2008; Yli-Mattila, 2010; Yli-Mattila, 2011). In Untersuchungen von Nicolaisen et al. (2009) wurde in dänischen Weizenproben *F. sporotrichioides* ebenfalls nicht detektiert, Nielsen et al. (2011) stellten nur geringe Kontaminationen mit dieser Art fest.

Die Arten *F. verticillioides*, *F. proliferatum* und *F. oxysporum*, die in wärmeren und trockeneren Gebieten im südlichen und südöstlichen Europa auftreten und mehr mit der Kolbenfäule im Mais assoziiert sind als mit der partiellen Taubährigkeit des Weizens (Marin et al., 1995; Bottalico, 1998; Bottalico und Perrone, 2002; Logrieco et al., 2003), konnten im Weizenanbau Schleswig-Holsteins 2008 bis 2012 nicht detektiert werden. In einigen Untersuchungen zum *Fusarium*-Artenkomplex ist jedoch von einem Auftreten dieser drei Arten im südeuropäischen Weizenanbau (Italien, Frankreich, Portugal, Griechenland, Türkei,

Tschechien, Kroatien) berichtet wurden (Srobarova, 1997; Botallico und Perrone, 2002; Schlang, 2009). In Deutschland konnte *F. proliferatum* im Rheinland von Weizen isoliert werden (Schlang, 2009; Sommer, 2011). *F. verticillioides* besitzt hohe Temperatursprüche mit einem Optimum von 27,5 °C, wobei das Wachstum aber zwischen 5 und 37,5 °C möglich ist (Nirenberg, 1976). Ebenfalls sehr hohe Temperatursprüche haben *F. proliferatum* und *F. oxysporum*, die sich optimal zwischen 25 bis 30 °C entwickeln (Groenewald, 2005). Nach Bottalico (1998), Botallico und Perrone (2002) sind gerade *F. proliferatum* und *F. verticillioides* in Südeuropa stark verbreitet, während ihr Auftreten in Nord- und Mitteleuropa sehr gering ist. Diese schon älteren Untersuchungen decken sich mit den Ergebnissen aus Schleswig-Holstein, wo in allen Versuchsjahren keine dieser Arten im Weizenanbau festgestellt werden konnte. Ebenso konnten Waalwijk et al. (2003), Nicolaisen et al. (2009) und Nielsen et al. (2011) *F. proliferatum* und *F. verticillioides* in niederländischen sowie dänischen Weizenproben nicht nachweisen. Die Temperaturbedingungen sind anscheinend für diese Arten in nordeuropäischen Raum nicht ausreichend erfüllt, um eine Infektion des Winterweizens zu begünstigen.

Im Maisanbau Schleswig-Holsteins konnte in den Versuchsjahren 2011 und 2012 vergleichend zum Winterweizen ein identisches *Fusarium*-Artenspektrum mit den Arten *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. langsethiae*, *F. poae* und *F. tricinctum* festgestellt werden. *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. graminearum* und *F. poae* wiesen die über beide Versuchsjahre gemittelten, höchsten prozentualen Anteile am Gesamt-*Fusarium*-Komplex mit 14,7 % (*F. avenaceum*); 25,6 % (*F. culmorum*), 42,8 % (*F. graminearum*) und 15,4 % (*F. poae*) auf. Alle untersuchten Silomaisproben waren mit sechs bis maximal sieben verschiedenen Arten befallen. Dies bestätigt die auch schon zuvor im Winterweizen belegte These, dass der Mais von einer Vielzahl von *Fusarium*-Arten befallen wird (Logrieco et al., 2002; Nicolaisen et al., 2009; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Dorn et al., 2011; Eckard et al., 2011; Marin et al., 2012). Zu den in der Maiskultur Europas auftretenden *Fusarium*-Arten zählen *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti* und *F. graminearum*, *F. oxysporum*, *F. poae*, *F. proliferatum*, *F. sporotrichioides*, *F. subglutinans*, *F. tricinctum*, *F. venenatum* und *F. verticillioides* (Logrieco et al., 2002; Nicolaisen et al., 2009; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Dorn et al., 2011; Eckard et al., 2011; Marin et al., 2012).

Eine große Anzahl von Studien belegt die Dominanz von *F. graminearum*, aber auch vor allem von *F. verticillioides* und *F. proliferatum* in der Maiskultur Europas (Bottalico, 1998; Logrieco et al., 2002; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Eckard et al., 2011; Musa et al., 2011; Marin et al., 2012). Somit widersprechen die eigenen Ergebnisse teilweise den hier genannten Quellen, da die Fumonisin-Bildner *F. verticillioides* und *F. proliferatum* in den beiden Versuchsjahren 2011 und 2012 nicht nachgewiesen werden konnten. Jedoch ist

hierbei anzumerken, dass *F. verticillioides* und *F. proliferatum* wie zuvor schon für den Winterweizen beschrieben, höhere Temperaturansprüche besitzt, die unter schleswig-holsteinischen Witterungsbedingungen nicht ausreichend erfüllt werden. Des Weiteren basieren die zuvor genannten Quellen auf Untersuchungen zum Auftreten von Fusarien an Mais in trockneren und wärmeren Regionen Mittel- und Südeuropas, in denen neben *F. graminearum* vor allem *F. proliferatum* und *F. verticillioides* das fusariumspezifische Befallsgeschehen in der Maiskultur dominieren, wie beispielsweise in Kroatien, Italien, Spanien (Marin et al., 2012).

Wie zuvor schon für den Winterweizen beschrieben, spielt *F. culmorum* im mittleren und südlichen Europa, also in den wärmeren und kontinental geprägten Gebieten Europas, eine untergeordnete Rolle im *Fusarium*-Artenkomplex, der im Maisanbau dieser Regionen zu finden ist (Bottalico, 1998; Logrieco et al., 2002; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Eckard et al., 2011; Musa et al., 2011). *F. graminearum*, einer der Hauptverursacher der *Fusarium*-Kolbenfäule im mittleren und südlichen Europa (Bottalico, 1998; Logrieco et al., 2002; Dorn et al., 2009; Görtz et al., 2010; Eckard et al., 2011; Musa et al., 2011), tritt aber auch verstärkt neben *F. culmorum*, *F. avenaceum* und *F. poae* im Maisanbau des nordeuropäischen Raumes auf (Bottalico, 1998; Nicolaisen et al., 2009; Görtz et al., 2010), was durch die eigenen Untersuchungen in Schleswig-Holstein bestätigt wird. Im Gegensatz zum Winterweizen war im Mittel der beiden Versuchsjahre nicht *F. culmorum*, sondern *F. graminearum* am stärksten im *Fusarium*-Artenkomplex nachzuweisen, was im Besonderen für das befallsstarke Versuchsjahr 2011 gilt. In diesem Jahr dominierten *F. graminearum* und *F. culmorum* deutlich mit einem prozentualen Anteil an der Gesamt-*Fusarium*-DNA von 76,0 % das fusariumspezifische Befallsgeschehen vor *F. avenaceum* und *F. poae* mit 9,1 und 13,4 %. Der Anteil von *F. graminearum* war mit 47,6 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA deutlich höher als der von *F. culmorum* mit 28,4 %. Gerade an den Standorten Cecilienkoog und Drelsdorf, an denen Mais in Monokultur angebaut und eine pfluglose Bodenbearbeitung durchgeführt wurde, waren deutlich höhere Befallsstärken mit *F. graminearum* als mit *F. culmorum* festgestellt worden. Ursächlich für die höheren Befallswerte mit *F. graminearum* könnte eine größere Freisetzung von flugfähigen Ascosporen der Hauptfruchtform *Gibberella zeae* zur Maisblüte Anfang August gewesen sein. Für die Entwicklung der Perithezien sowie Reifung und Freisetzung der darin enthaltenen Ascosporen sind neben einer hohen Luftfeuchte und Niederschlag vor allem Temperaturen zwischen 20 und 25 °C erforderlich (Doohan et al., 2003). Diese Temperaturansprüche sind vor allem im Juli und August besser erfüllt als in den Monaten Mai oder Juni, womit möglicherweise zur Maisblüte eine größere Zahl von flug- und infektionsfähigen Ascosporen vorhanden war als zur Blüte des Winterweizens Mitte Juni. Des Weiteren ist auf Maisstoppeln in der Regel auch ein deutlich höheres

Ausgangsinokulum zu finden als beispielsweise auf Weizenstroh und damit verbunden auch eine höhere Anzahl an Perithezien, in welchen die flugfähigen Ascosporen gebildet werden (Munkvold, 2003; Champeil et al., 2004).

Den Arten *F. avenaceum* und *F. poae* wird, wie im Winterweizen, eine größere Bedeutung im nord- und mitteleuropäischen Maisanbau zugesprochen (Logrieco et al., 2002; Logrieco et al., 2003; Nicolaisen et al., 2009; Görtz et al., 2010). Nach Shah et al. (2005) und Xu et al. (2005) scheinen diese beiden Arten weitaus flexibler gegenüber ihren abiotischen Ansprüchen zu sein als *F. culmorum* und *F. graminearum*, was auch die bessere Anpassung an trockenere Bedingungen einschließt. Gerade im Versuchsjahr 2012, in dem zur Maisblüte trockene Witterungsbedingungen vorherrschten, konnten sich diese beiden Arten vergleichend zu *F. graminearum* und *F. culmorum* stärker durchsetzen. In 2011 waren dagegen die beiden DON-Bildner *F. culmorum* und *F. graminearum* deutlich stärker vertreten, was durch die günstigeren, feuchten Infektionsbedingungen zur Maisblüte verursacht wurde. Das deutlich schwächere Auftreten von *F. avenaceum* und *F. poae* gegenüber *F. graminearum* und *F. culmorum* ist ähnlich wie im Winterweizen mit der geringeren Konkurrenzkraft zu erklären. Nach Brennan et al. (2003), Fernandez und Chen (2005) und Xu et al. (2007) gelten *F. avenaceum* und *F. poae* als weniger pathogen als die dominant auftretenden und aggressiveren Arten *F. culmorum* und *F. graminearum*.

Wie im Winterweizen spielten *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* nur eine sehr untergeordnete Rolle des am Silomais parasitierenden Gesamt-*Fusarium*-Artenspektrums. Die schon zuvor für den Winterweizen aufgeführten Gründe finden hier entsprechende Geltung.

Die Artenzusammensetzung und die Artenvielfalt in allen Versuchsjahren und an den Standorten in der Weizen- als auch in der Maiskultur variierten zwischen den Einzeljahren kaum. Im Winterweizen und Silomais konnten in allen Jahren *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. poae* und *F. tricinctum* nachgewiesen werden. *F. langsethiae* wurde mit Ausnahme des Versuchsjahres 2008 in den folgenden Jahren 2009 bis 2012 in den Erntekornproben festgestellt, während dies für *F. equiseti* nur in 2009, 2011 und 2012 der Fall war. In der Maiskultur war ein Nachweis der beiden zuletzt genannten Arten in beiden Versuchsjahren möglich. Variationen traten hingegen jahresspezifisch für beide Kulturarten in der Stärke des Befalls auf, was mit den Witterungsbedingungen zur Winterweizen- und Maisblüte zu erklären ist. Der Verlauf der nicht steuerbaren Einflussgröße Witterung zur Blüte ist Haupteinflussfaktor für einen *Fusarium*-Befall, welcher in Abhängigkeit von feuchtwarmen Bedingungen durch ausreichende Temperaturen und Niederschlagssummen stattfindet (Parry et al., 1995; Doohan et al., 2003; Brennan et al., 2005; Munkvold, 2003).

Gerade die Versuchsjahre 2008 und 2010 belegen eindrucksvoll die Bedeutung des Niederschlages zur Winterweizenblüte. Die nachgewiesenen Gesamt-*Fusarium*-

Befallsstärken lagen im Mittel der IPS-Winterweizen-Monitoring-Standorte mit 9,5 und 27,2 ‰ vergleichend zu 2009, 2011 und 2012 auf einem sehr geringen Niveau. Die Winterweizenblüte 2008 und 2010 verlief mit 3,2 (2008) bzw. 3,9 mm (2010) Niederschlag sehr trocken, wodurch ungünstige Infektionsbedingungen vorherrschten. In 2009, 2011 und 2012 konnten mit 46,2; 37,9 und 28,1 mm deutlich höhere Regenmengen während der Blühphase des Winterweizens aufgezeichnet werden, die in deutlich höheren Gesamt-*Fusarium*-Befallsstärken von 186,1 (2009), 318,0 (2011) und 134,3 ‰ (2012) resultierten. Neben dem Niederschlag ist aber auch die Temperatur zur Blüte von besonderer Bedeutung. Zwar fielen 2009 mit 46,2 mm vergleichend zu 2011 mit 37,9 mm höhere Niederschlagsmengen zur Blüte, doch resultierten hieraus nicht höhere *Fusarium*-Befallsstärken (siehe oben) bzw. Mykotoxinbelastungen. Mit einer Befallsstärke von 318,0 ‰ konnte in 2011 eine wesentlich stärkere Befallsprogression ermittelt werden als 2009 mit 186,1 ‰, was auf die in 2011 vorherrschenden, überregional um 3,4 °C höheren Temperaturen im Zeitraum der Weizenblüte zurückzuführen ist. Beim Vergleich dieser beiden Jahre kommen wiederum die unterschiedlichen Temperaturansprüche von *F. culmorum* und *F. graminearum* zur Geltung. Während in 2009 *F. graminearum* nur einen Anteil von 10,1 % an der Gesamt-*Fusarium*-DNA ausmachte, dominierte *F. culmorum* deutlich mit einem Anteil von 75,3 %. Im Versuchsjahr 2011, in dem wie zuvor beschrieben deutlich höhere Temperaturen zu Weizenblüte vorherrschten, nahm *F. graminearum* mit 21,7 % schon einen größeren Anteil am Gesamt-*Fusarium*-Komplex ein. *F. culmorum* dominierte in 2011 bei durchschnittlichen Temperaturen zur Blüte von 16,1 °C mit einem Anteil von 69,3 % in den Ernteproben immer noch das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen.

Aber auch innerhalb eines einzelnen Jahres waren regionale Unterschiede, hervorgerufen durch regional unterschiedliche Witterungsbedingungen zur Winterweizenblüte, festzustellen. Beispielsweise resultierten die in 2010 überregional nachgewiesenen geringen *Fusarium*-Befallsstärken aus den zur Zeit der Blüte vorherrschenden, geringen Niederschlagsmengen. Dennoch lagen in der nachgewiesenen Befallsstärke regionale Unterschiede vor, die mit der lokal variierenden Niederschlagsintensität zur Zeit der Blüte zu erklären sind. Während im mittleren und südlicheren Teil Schleswig-Holsteins kein bzw. nur wenige Millimeter Niederschlag zu verzeichnen waren, konnten im nördlichen Teil des Landes erhöhte Niederschlagsmengen von 10 Millimeter gemessen werden, welche regional erhöhte Befallssintensitäten vor allem mit *F. culmorum* und *F. graminearum* und dementsprechend erhöhte DON- und ZEA-Gehalte nach sich zogen. In 2011 konnte ebenfalls, wie in allen fünf Versuchsjahren, eine sehr enge Beziehung zwischen der Niederschlagsmenge zur Zeit der Blüte und dem zur Ernte in den Kornproben nachgewiesenen *Fusarium*-Befallsstärken, vor allem der dominierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum*, sowie DON- und ZEA-Mengen festgestellt werden, wobei die ermittelten, regional unterschiedlichen

Niederschlagsintensitäten zur Winterweizenblüte sich in den regional unterschiedlichen nachgewiesenen quantitativen pilzlichen DNA-Mengen und Mykotoxinbelastungen der Körner niederschlugen. Aus den erhöhten Niederschlagsintensitäten zur Weizenblüte an den Standorten Futterkamp und Klvensiek resultierten entsprechend erhöhte Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie DON- und ZEA-Belastungen vergleichend zu den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog. Während in 2011 durchschnittliche Niederschläge von nahezu 37,9 mm und Temperaturen von 16,1 °C während der Weizenblüte verantwortlich für die erhöhten *Fusarium*-Befallsstärken und daraus resultierenden Mykotoxinwerte waren, zogen die geringen durchschnittlichen Niederschlagsmengen von lediglich 3,9 mm in 2010 entsprechend geringere Befallsstärken mit einhergehend geringeren Mykotoxinbelastungen nach sich. Diese Ergebnisse bestätigen, dass die von Parry et al. (1995) und Lienemann (2002) beschriebenen lokale Witterungseinflüsse zum anfälligsten Stadium der Weizenblüte den entscheidenden Faktor bilden, der den Befall mit *Fusarium*-Arten beeinflusst. Neben der absoluten Niederschlagsmenge ist nach Obst und Fuchs (2000) aber auch die Niederschlagsverteilung im Zeitraum der Blüte für eine erfolgreiche *Fusarium*-Infektion der Ähre von entscheidender Bedeutung. Gerade im Versuchsjahr 2011 wird diese Erkenntnis bestätigt. Am Standort Kastorf setzen die Niederschläge erst zum Ende der Blüte ein, während an den Standorten Loit und Sönke-Nissen-Koog diese zur Vollblüte fielen. Trotz der nahezu identischen Niederschlagssummen von ca. 30 mm waren an den beiden zuletzt genannten Standorten deutlich höhere *Fusarium*-Befallsstärken und Mykotoxinbelastungen zu analysieren. Das Stadium der Vollblüte ist daher empfindlicher gegenüber *Fusarium*-Infektionen einzustufen, als der Blühbeginn oder das Ende der Blüte.

Zur Zeit der Maisblüte fielen im Versuchsjahr 2011 mit durchschnittlich 105,1 mm höhere Niederschläge als in 2012 mit 24,7 mm. Die erhöhten Niederschläge führten in 2011 zu deutlich erhöhten *Fusarium*-Gesamtbefallsstärken von 790,4 ‰ vergleichend zu 2012 mit 196,9 ‰. Während die gleichmäßig über die Maisblüte und Standorte verteilten Niederschläge des Versuchsjahres zu starken Infektionen mit *F. graminearum* und *F. culmorum* führten, konnten zur Blüte 2012 nur einzelne, sporadisch verteilte Niederschlagsereignisse festgestellt werden. Im Vergleich zum Vorjahr resultierten hieraus bedeutend geringere Infektionen mit *F. culmorum* und *F. graminearum*, woraus in diesem Jahr vergleichend zu den beiden zuvor genannten Arten stärkere Infektionen mit *F. avenaceum* und *F. poae* resultierten. Mit den in beiden Versuchsjahren ermittelten Niederschlagsmengen zur Maisblüte sind die unterschiedlichen Befallsstärken der einzelnen Arten zwischen den Standorten nicht zu erklären. Ursächlich hierfür waren unterschiedliche Anbausystemfaktoren, auf die später eingegangen wird.

Das Spektrum der *Fusarium*-Arten, die als Erreger der partiellen Taubährigkeit sowie *Fusarium*-Kolben- und Stängelfäule in Deutschland in den Versuchsjahren 2008 bis 2012 auftraten, bestätigt Berichte verschiedenster Autoren (Parry et al., 1995; Bottalico, 1998; Levitin, 2001; Bottalico und Perrone, 2002; Logrieco et al., 2002; Waalwijk et al., 2003; Kosiak et al., 2003; loos et al., 2004; Shah et al., 2005; Xu et al., 2005; Büttner, 2006; Stepien et al., 2008; Dorn et al., 2009; Nicolaisen et al., 2009; Görtz et al., 2010; Yli-Mattila, 2010; Nielsen et al., 2011; Yli-Mattila, 2011; Eckard et al., 2011; Musa et al., 2011), die eine Vielzahl von *Fusarium*-Arten als potentielle Erreger Getreide- und Maisanbau Europas beschreiben. Die Identifizierung eines derart umfangreichen Artenspektrums erfolgt vermehrt neben dem klassischen, mikroskopischen Nachweis mit molekularbiologischen Nachweismethoden. Während es für die mikrobiologische Identifizierung von *Fusarium* spp. einiger Erfahrung bedarf und nicht alle Sporenformen eindeutig einer Art zuzuweisen sind, wurde im Rahmen dieser Arbeit auf eine morphologische Identifizierung verzichtet und diese durch molekularbiologische Methoden, der qualitativen und quantitativen PCR, ersetzt. Mit der rein mikroskopischen Bestimmung sowie mit der qualitativen PCR ist lediglich die Ermittlung von Befallshäufigkeiten möglich, womit lediglich die Frage beantwortet werden kann, ob eine bestimmte Art in einer Probe oder an einem bestimmten Standort vorhanden ist. Über die letztendliche Befallsstärke einer Art, kann damit keinerlei Aussage gemacht werden. Wie für den Winterweizen und Silomais der fünf bzw. zwei Versuchsjahre gezeigt, besteht eine deutliche Diskrepanz zwischen den Befallshäufigkeiten der verschiedenen *Fusarium*-Arten und der letztendlichen Befallsstärke. In 2011 konnte beispielsweise für *F. culmorum* (220,4 ‰) eine 100fach bzw. 50fach höhere DNA-Menge als für *F. tricinctum* (2,2 ‰) bzw. *F. langsethiae* (2,3 ‰) bzw. *F. poae* (4,4 ‰) in den Winterweizenproben nachgewiesen werden, obwohl alle vier aufgeführten Arten an allen Standorten, also mit einer Befallshäufigkeit von 100 %, detektiert werden konnten. Um Aussagen darüber machen zu können, welche Arten wie stark in Proben oder an einem Standort vertreten sind, ist die teurere, quantitative PCR (qPCR) die Methode der Wahl.

Mykotoxingehalte

Eine Infektion mit *Fusarium*-Arten ist eng verbunden mit der Kontamination des entsprechenden Ernteguts mit Mykotoxinen. Vor allem Deoxynivalenol (DON) und Zearalenon (ZEA) werden als wichtige Toxine angesehen, welche durch bestimmte Vertreter der Gattung *Fusarium* gebildet werden können.

DON scheint als Virulenzfaktor bei der Infektion von Getreide und Mais eine entscheidende Rolle zu zukommen (Harris et al., 1999; Mc Cormick, 2003; Ludewig, 2005). Im Pflanzengewebe wirkt DON phytotoxisch und kann zu Welkeerscheinungen, Chlorosen und Nekrosen führen. Des Weiteren wirkt DON auf die Proteinbiosynthese in der Pflanze, was

vermutlich die Unterdrückung des pflanzlichen Abwehrsystems gegen pilzliche Angriffe zur Folge haben soll (Harris et al., 1999). Geninaktivierungsstudien zeigten, dass *Fusarium*-Mutanten, deren Trichothecen-Synthese gehemmt war, weniger Krankheitssymptome hervorriefen bzw. sich weniger im infizierten Wirtsgewebe ausbreiten konnten als deren Wildtypen (Proctor et al., 1995; Desjardins et al., 1996, Langevin et al., 2004). ZEA hingegen spielt weniger in der Pathogenese eine Rolle, sondern dient seinem Produzenten nach Ausbreitung in der Pflanze dem Schutz vor konkurrierenden Mikroorganismen (Kim et al., 2005; Utermark und Karlovsky, 2007).

Die Mykotoxine DON und ZEA wurden in vielen Untersuchungen zur partiellen Taubährigkeit im Getreide, aber auch im Maisanbau am häufigsten gefunden und werden daher auch als „Leitoxine“ verstanden (Parry et al., 1995; Desjardins, 2006; Döll und Dänicke, 2011). In allen Weizen- und Silomaisproben der fünf bzw. zwei Versuchsjahre wurden die Mykotoxine DON und ZEA nachgewiesen. Darüber hinaus konnte noch das B-Trichothecen NIV analysiert werden. DON wird nach Bottalico (1998), Desjardins (2006) und Leslie und Summerell (2006) ausschließlich durch die *Fusarium*-Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* gebildet. Neben diesen beiden Arten ist nur noch die in sehr geringen Mengen analysierte Art *F. equiseti* aus dem nachgewiesenen *Fusarium*-Artenspektrum in der Lage, ZEA zu bilden. NIV kann dagegen von *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. equiseti* und *F. poae* gebildet werden (Bottalico, 1998; Desjardins, 2006; Leslie und Summerell, 2006).

In den schleswig-holsteinischen Untersuchungen zur Mykotoxinbelastung von Weizen und Silomais stellte sich ZEA hinsichtlich der Lebensmittel- und Futtermittelsicherheit als das größere Problem dar. Obwohl ZEA im Vergleich zum DON insgesamt in geringeren Mengen nachgewiesen werden konnte, wurde der durch die EG-Verordnung Nr. 1126/2007 festgesetzte ZEA-Höchstgehalt von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide jahresübergreifend häufiger in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante des Winterweizens überschritten als der Höchstgehalt für DON von 1250 µg/kg. Eine Überschreitung des ZEA-Grenzwertes wurde an 51 % (20 von 39) der Standorte ermittelt, wohingegen der DON-Grenzwert an 23 % (9 von 39) der Standorte übertroffen wurde. Da in vielen Untersuchungen lediglich DON betrachtet wurde, ist es aufgrund der gesetzlich festgesetzten Höchstmengen für DON und ZEA zwingend erforderlich, neben DON auch die Menge an gebildeten ZEA in den Proben zu berücksichtigen. Auch im Silomais konnte jahresübergreifend eine Überschreitung des ZEA-Richtwertes an 67 % (12 von 18) der Standorte ermittelt werden, wohingegen eine Überschreitung des DON-Richtwertes lediglich an 17 % (3 von 18) der Standorte festgestellt werden konnte.

Die von den *Fusarium*-Arten *F. avenaceum* und *F. tricinctum* gebildeten Mykotoxine MON und BEA wurden nicht analysiert.

Generell ist das Ausmaß der Bildung von Mykotoxinen im Erntegut verknüpft mit der Stärke einer Infektion durch spezifische *Fusarium*-Arten (Waalwijk et al., 2004; Fredlund et al., 2008; Nicolaisen et al., 2009). Im Winterweizen konnten in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante sowie in der mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid behandelten Gesundvariante eine sehr enge Beziehung zwischen der in den Proben nachgewiesenen quantitativen DNA-Menge der DON und ZEA produzierenden Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie den analysierten Mykotoxinen DON und ZEA in den fünf Versuchsjahren festgestellt werden. Mit der Zunahme der pilzlichen Biomasse beider Arten nahm der DON- bzw. ZEA-Gehalt ebenfalls kontinuierlich zu. Die Streuung der Werte der einzelnen Versuchsjahre war hierbei sehr gering, was durch die in den Abbildungen 44, 45, 68 und 69 dargestellten Bestimmtheitsmaße dokumentiert wird. In den befallsschwachen Jahren 2008 und 2010 konnten aufgrund schwacher Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum* auch nur geringe DON- und ZEA-Belastungen nachgewiesen werden. Vergleichend hierzu resultierten die in 2009 und 2012 mitunter deutlich erhöhten DON- und ZEA-Gehalte aus den erhöhten Befallsintensitäten der Arten *F. culmorum* und *F. graminearum*, wobei geringe *Fusarium*-Befallsstärken niedrigere bzw. gesteigerte Befallsstärken höhere DON- und ZEA-Gehalte verursachten. In 2011 verstärkte sich dieser Zusammenhang zwischen dem quantitativen DNA-Nachweis und der DON- und ZEA-Belastung der Weizenkörner, so dass die in diesem Jahr analysierten Befallsstärken mit *F. culmorum* und *F. graminearum*, welche die höchsten aller fünf Versuchsjahre darstellten, auch die höchsten DON- und ZEA-Gehalte nach sich zogen. Der direkte Zusammenhang zwischen der DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* sowie dem DON- und ZEA-Gehalt wird dadurch untermauert, dass bei der gemeinsamen Betrachtung der quantitativen DNA-Mengen der beiden zuvor genannten Arten und der Mykotoxinbelastung der fungizidunbehandelten Kontrolle und der zur Weizenblüte mit einem *fusarium*spezifischen Triazolfungizid behandelten Gesundvariante ein sehr ähnlicher Zusammenhang zu finden ist als bei alleiniger Betrachtung der beiden Varianten separat. Die Güte der Regression, welche aus insgesamt 77 Fallstudien der fünf Versuchsjahre besteht, ist mit Bestimmtheitsmaßen von $R^2 = 0,950$ und $R^2 = 0,874$ für die Beziehungen DNA-Menge und DON-Gehalt (Abb. 70) bzw. DNA-Menge und ZEA-Gehalt (Abb. 71) sehr hoch. Waalwijk et al. (2004), Fredlund et al. (2008) und Nicolaisen et al. (2009) konnten ebenfalls eine sehr enge Beziehung zwischen der in Weizenproben nachgewiesenen DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* und dem DON-Gehalt feststellen, womit die in Schleswig-Holstein erzielten Ergebnisse bestätigt werden. Nach Schmidt-Heydt et al. (2008) unterliegt die Synthese der Mykotoxine durch Fusarien anderen Voraussetzungen als das Wachstum der Pathogene, womit optimale Bedingungen für das Mycelwachstum nicht gleichbedeutend mit den Optimalbedingungen für die Mykotoxinsynthese zu sein scheinen. Die Autoren

zeigten am Beispiel von *F. culmorum*, dass Abweichungen von den optimalen Wachstumsbedingungen des Pilzes in Bezug auf Temperatur, Wasseraktivität und pH-Wert zu einer Stressinduktion des Organismus führten und damit zu einer Hochregulierung der für die Mykotoxinsynthese verantwortlichen Gene, wodurch trotz gleichbleibender pilzlicher Biomasse höhere Mykotoxingehalte nachweisbar waren. Diese Ergebnisse können durch die eigenen Untersuchungen und Ergebnisse anderer Autoren (Waalwijk et al., 2004; Fredlund et al., 2008; Nicolaisen et al., 2009) für das Freiland nicht bestätigt werden. Es scheint, dass die Schwankungen der abiotischen Bedingungen in Schleswig-Holstein zwischen den einzelnen fünf Versuchsjahren im Zeitraum zwischen der Infektion zur Weizenblüte und der Ernte Mitte August zu gering waren, um den Pilz einem erhöhten Stress auszusetzen. Sogar die Applikation der *fusarium*spezifischen Triazole hatte keine zusätzlichen Stressbedingungen für den Pilz geschaffen, so dass im Verhältnis zur pilzlichen Biomasse, vor allem der von *F. culmorum* und *F. graminearum*, keine höhere Menge an DON bzw. ZEA gebildet wurde.

In der Maiskultur konnte ebenfalls eine enge Beziehung zwischen der mittels qPCR ermittelten DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* und den Mykotoxinen DON und ZEA festgestellt werden, wobei mit der Zunahme der pilzlichen Biomasse der beiden Arten der DON- und ZEA-Gehalt kontinuierlich zunahm. Das Bestimmtheitsmaß, welches ein Maß für die Streuung der Einzelwerte um die Regressionskurve darstellt, erreichte für die quantitative Beziehung zwischen der quantitativen DNA-Menge von *F. culmorum* und *F. graminearum* und dem DON- bzw. ZEA-Gehalt kleinere Werte als im Winterweizen, was mit der an sich heterogenen Proben im Mais (ganze Pflanze) im Vergleich zum Winterweizen (nur Körner) zu erklären sein könnte. In Untersuchungen von Görtz (2010) zum Auftreten von Fusarien im Körnermaisbau Deutschlands 2006 und 2007 wurde ebenfalls eine hoch signifikante Korrelation zwischen dem DON- bzw. ZEA-Gehalt und den in den Proben enthaltenden DNA-Gehalten von *F. culmorum* und *F. graminearum* festgestellt. Atoui et al. (2012) stellten ebenfalls eine enge Beziehung zwischen der in Maisproben enthaltenen ZEA-Belastung und der Befallsstärke von *F. culmorum* und *F. graminearum* fest.

Die A-Trichothecene T2, HT2, DAS und NEO konnten jahresübergreifend in keiner der untersuchten Winterweizen- und Silomaisproben festgestellt werden. Aus dem nachgewiesenen Artenspektrum bildet lediglich *F. langsethiae* alle vier genannten Toxine (Thrane et al., 2004). Nach Bottalico (1998) ist *F. poae* nicht in der Lage T2, HT2, DAS und NEO zu bilden, während nach Dejardins (2006) und Leslie und Summerell (2006) eine Bildung von T2 und DAS möglich sein soll. Von den durch Thrane et al. (2004) auf ihr Mykotoxinmuster untersuchten 50 *F. poae*-Isolaten waren lediglich drei imstande T2 und DAS zu bilden. Da in Schleswig-Holstein jahresübergreifend und in beiden Kulturarten keines der vier genannten A-Trichothecene analysiert werden konnte, ist davon auszugehen, dass

der Befall mit *F. langsethiae* zu gering war, um das Erntegut mit einer ausreichend hohen und damit nachweisbaren Menge an T2, HT2, DAS und NEO zu kontaminieren. Ähnliches könnte im Winterweizen für die Art *F. poae* zutreffen, welche nur mit geringfügig höheren Befallsstärken nachgewiesen wurde. Im Silomais konnten hingegen deutlich höhere Befallsstärken festgestellt werden, während ein Nachweis des T2-Toxins nicht möglich war. Es scheint, wie durch Thrane et al. (2004) beschrieben, eine T2-Bildung für die meisten in Schleswig-Holstein auftretenden *F. poae*-Isolate unwahrscheinlich zu sein. Zu ähnlichen Ergebnissen kamen Nicolaisen et al. (2009) und Nielsen et al. (2011), die in dänischen Weizenproben trotz des Nachweises von *F. langsethiae* und *F. poae* nur sehr geringe bzw. keine Belastungen mit den Mykotoxinen T2 und HT2 feststellen konnten. Des Weiteren konnte der typische A-Trichothecen-Bilder *F. sporotrichioides* nicht nachgewiesen werden. In Hinblick auf gesetzlich festgelegte Mykotoxinhöchstmengen kommt den sogenannten „maskierten“ Mykotoxinen eine besondere Bedeutung zu, da diese bei den Standardanalysemethoden keine Berücksichtigung finden und bei Vorhandensein dieser Metaboliten die Belastung des Ernteguts unterschätzt wird (Krska et al., 2001; Berthiller et al., 2003). Verantwortlich für die Umsetzung von DON zum nicht phytotoxischen D3G ist die pflanzeigene UDP-Glucosyltransferase, ein Enzym, welches den Transfer von einem Glucosemolekül der UDP-Glucose auf die Hydroxyl-Gruppe des dritten C-Atoms des DONs katalysiert, wodurch die reaktive Stelle des Moleküls blockiert und dieses inaktiviert wird (Poppenberger et al., 2003). In der hochanfälligen Sorte Ritmo lagen durchschnittlich 10 % des Gesamt-DON (DON + D3G) in der verzuckerten Form vor. Der Anteil von D3G war in der mittel bis stark anfälligen Sorte Inspiration mit 13 % ähnlich hoch wie in der Sorte Ritmo. In der toleranteren Sorte Dekan konnte mit einem Anteil des glucosylierten DONs am Gesamt-DON von 24 % der prozentual deutlich höchste Wert aller drei Sorten nachgewiesen werden. Während bei der Betrachtung der DON-Belastung ohne „maskiertes“ DON eine Überschreitung des DON-Höchstmengenwertes von 1250 µg/kg in 2012 lediglich einmal in der Sorte Ritmo festgestellt werden konnte, so wurde bei der Berücksichtigung von D3G dieser Grenzwert insgesamt dreimal überschritten. Ähnliche Anteile des D3G am Gesamt-DON konnten Berthiller et al. (2009) nachweisen. In den untersuchten Weizenproben lagen 7 bis 29 % des gesamten in den Proben enthaltenen DONs in der glucosylierten Form vor. Im Mais waren durchschnittlich 14 % des DON als D3G vorliegend, die Gehalte an D3G reichten dabei von 5 bis 46 %. Die Umwandlung von DON zu D3G durch pflanzeigene Enzyme scheint ein Toleranzmechanismus verschiedener Weizensorten zu sein, wobei standortübergreifend in der toleranteren Sorte Dekan die höchsten Verzuckerungsraten vergleichend zu den anfälligeren Sorten Inspiration und Ritmo ermittelt wurden. Die Analytik des D3G sollte im Hinblick auf die Lebensmittel- und Futtermittelsicherheit Bestandteil zukünftiger Analysemethoden werden, da ohne dessen Berücksichtigung die Gesamt-DON-

Belastung zu einem nicht unerheblichen Anteil unterschätzt wird, wie aus den eigenen Untersuchungen und denen anderer Autoren (Berthiller et al., 2005; Sasanya et al., 2008; Berthiller et al., 2009) hervorgeht.

Anbausystemfaktoren

Neben den Witterungsbedingungen beeinflusst eine Vielzahl weiterer Faktoren wie Fruchtfolge, Vorfruchtwahl, Art der Bodenbearbeitung oder Sortenwahl das Auftreten der partiellen Taubährigkeit im Getreide bzw. der *Fusarium*-Kolben- und Stängelfäule im Maisanbau (Pirgozliev et al., 2003; Munkvold, 2003; Bartels und Rodemann, 2003; Schaafsma et al., 2005; Beyer et. al, 2006; Maiorano et al., 2008).

Aufgrund der Bedeutung des Inokulumpotentials für die Infektion, kommt der Fruchtfolgegestaltung und im Besonderen der Vorfrucht eine zentrale Stellung für das Befallsgeschehen zu. Die Vorfrucht und deren Ernterückstände bestimmen zusammen mit der Form der Bodenbearbeitung das Ausgangsinokulum (Bartels und Rodemann, 2003). Es wurde häufig beobachtet, dass in getreidebetonten Fruchtfolgen, in der Weizen nach Mais als Nachfrucht angebaut wurde, hohe Belastungen mit Mykotoxinen nachgewiesen werden konnten. Somit kann sich durch zu enge Fruchtfolgen bzw. dem Anbau von Wirtspflanzen in Monokultur (z.B. Mais- oder Weizenmonokultur) die *Fusarium*-Problematik von Jahr zu Jahr verschärfen (Munkvold, 2003; Pirgozliev et al., 2003; Edwards, 2004; Schaafsma et al., 2005). Im Vergleich zu anderen Vorfrüchten besitzt Mais ein vielfach höheres Gefährdungspotential als zum Beispiel Weizen, Gerste, Raps oder Zuckerrüben (Bartels und Rodemann, 2003). Durch das Vorhandensein großer Mengen von Ernteresten an der Bodenoberfläche erhöht sich das Risiko eines Befalls und damit die Gefahr erhöhter Mykotoxin-Gehalte der Folgefrucht beträchtlich. In diesem Zusammenhang spielt auch die Intensität der Bodenbearbeitung eine entscheidende Rolle. Durch den Einsatz des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung werden die Ernterückstände der Vorfrucht in tiefere Bodenschichten verlagert und somit der Infektionsdruck für die Folgefrucht verringert. Durch die Minimalbodenbearbeitung resultieren in der Regel höhere Inokulumpotentiale und damit ein erhöhtes *Fusarium*-Befallsrisiko, da im Vergleich zum Pflugeinsatz deutlich größere Mengen organischen Materials an der Bodenoberfläche verbleiben (Munkvold, 2003; Bartels und Rodemann, 2003; Schaafsma et al., 2005; Beyer et. al, 2006; Maiorano et al., 2008; Musa et al., 2011).

Im Winterweizen wurde lediglich an den Standorten Loit und Klvensiek eine pfluglose Bodenbearbeitung zur Winterweizensaat durchgeführt. Jedoch wurde an diesen Standorten die Nichtwirtspflanze Winterraps als Vorfrucht angebaut, wodurch der negative Effekt der Minimalbodenbearbeitung nicht zum Tragen kam. An den Standorten Barlt, Elskop, Kastorf und Sönke-Nissen-Koog wurde als Vorfrucht die *Fusarium*wirtspflanze Weizen angebaut,

jedoch erfolgte an allen Standorten eine phytosanitär wirkende Bodenbearbeitung mit dem Pflug, wodurch an der Oberfläche befindliche Stroh- und Stoppelreste in tiefere Bodenschichten verlagert wurden. Die Vorfrucht Mais war an keinem der acht Standorte Bestandteil der Fruchtfolge. Im Winterweizen spielten primär die jahres- und standortspezifischen Witterungsverhältnisse zur Weizenblüte eine größere Rolle als die Vorfrucht bzw. Fruchtfolge und die Form der Bodenbearbeitung.

Im Silomais konnten hingegen aufgrund der unterschiedlichen Gestaltung von Anbausystemfaktoren deutliche Unterschiede in der Mykotoxinbelastung des Ernteguts ausgemacht werden. Dies soll anhand des befallsstarken Versuchsjahres 2011 dargestellt werden. An den zehn überregionalen Standorten insbesondere die an der Westküste gelegenen Standorte Cecilienkoog und Dreisdorf, an denen Mais in Monokultur angebaut und eine pfluglose Bodenbearbeitung durchgeführt wurde, die höchsten aufsummierten Befallsstärken mit *F. graminearum* und *F. culmorum* sowie hohe und deutlich über dem DON-Richtwert von 5000 µg/kg TM und ZEA-Richtwert von 500 µg/kg TM liegende Mykotoxinbelastungen auf. Dagegen konnte an dem ebenfalls an der Westküste gelegenen, südlicheren Standort Krumstedt deutlich reduzierte Mykotoxinwerte analysiert werden, was alleinig auf die phytosanitäre Nutzung der Anbauparameter Fruchtfolge und Pflugsaat zurückzuführen ist. Auch an den anderen Standorten Futterkamp, Osterröfeld, Schuby und Wallsbüll mit Fruchtfolge und Pflugsaat waren die Mykotoxinwerte ebenfalls deutlich reduziert, so dass der Richtwert für DON an den genannten Standorten nicht überschritten wurde, für ZEA jedoch eine mitunter deutliche Überschreitung, welche jedoch unterhalb der der Standorte Cecilienkoog und Dreisdorf lagen, festgestellt werden konnte. Eine Ausnahme stellte der Standort Tolk dar, bei dem trotz Fruchtfolge und Pflugsaat Weizen als Vorfrucht und somit als *Fusarium*-Wirtspflanze fungierte. In Hemdingen und Wotersen wurde zwar Maismonokultur als Anbausystem gewählt, jedoch war an diesen Standorten die pflanzenhygienisch wirkende wendende Bodenbearbeitung (Pflugsaat) Ursache für die geringeren Mykotoxinwerte. Der Einfluss von Anbausystemfaktoren zeigt hierbei deutlich, dass die Kombination von Monokultur Mais und pflugloser Bodenbearbeitung in den höchsten Mykotoxingehalten im Vergleich zum Maisanbau in Fruchtfolgen und wendender Bodenbearbeitung mit dem Pflug resultierten. Diese Ergebnisse stehen im Einklang mit Untersuchungen der oben genannten Autoren.

Neben der Vorfruchtwahl und der Form der Bodenbearbeitung stellt der Anbau von Sorten mit einer geringen Anfälligkeit gegenüber Fusarien einen wichtigen und kostengünstigen Parameter zur Vermeidung hoher Mykotoxinbelastungen, insbesondere bei engen Getreidefruchtfolgen und konservierender Bodenbearbeitung, dar (Bartels und Rodemann, 2003). Anhand von Resistenzbewertungen des Bundessortenamtes (2012) verschiedener

Weizen- und Maissorten ergibt sich, dass zurzeit keine *Fusarium*-resistenten Sorten zugelassen sind, wobei jedoch hinsichtlich der Anfälligkeit große Unterschiede zwischen den Sorten auftreten.

Die in ihrer Anfälligkeit gegenüber Fusarien unterschiedlichen Winterweizensorten Ritmo (*Fusarium*-Anfälligkeit 7), Inspiration (*Fusarium*-Anfälligkeit 6) und Dekan (*Fusarium*-Anfälligkeit 4) zeigten im Versuchsjahr 2012 deutliche Unterschiede hinsichtlich der Belastung mit den Mykotoxinen DON und ZEA. In der durch das Bundessortenamt als hochanfällig gegenüber *Fusarium* spp. eingestuften Sorte Ritmo (*Fusarium*-Anfälligkeit 7) konnte im Mittel aller Standorte des Versuchsjahres 2012 eine DON-Belastung von 807 µg/kg analysiert werden. Im Vergleich hierzu wurde in der als gering bis mittel anfällig eingestuften Sorte Dekan (*Fusarium*-Anfälligkeit 4) die DON-Belastung deutlich um 66 % auf einen durchschnittlichen Wert von 299 µg/kg reduziert, während in der Sorte Inspiration, welche als mittel bis stark anfällig einzustufen ist (*Fusarium*-Anfälligkeit 6), die Verminderung der DON-Kontamination gegenüber der Referenzsorte Ritmo mit 15 % bzw. einer mittleren Belastung von 694 µg/kg als geringer einzuordnen ist. Hinsichtlich der ZEA-Belastung konnte im hochanfälligen Ritmo eine ZEA-Belastung von 108 µg/kg erfasst werden, wohingegen im Inspiration die Gehalte um 38 % auf 66 µg/kg und im Dekan um 75 % auf 29 µg/kg reduziert wurden. Ähnliche Ergebnisse erzielten auch andere Autoren wie Beyer et al. (2006), die durch den Anbau gering anfälliger Winterweizensorten (Buteo und Dekan) im Vergleich zu einer anfälligen Sorte (Ritmo) unter gleichen Anbaubedingungen im norddeutschen Raum deutliche Reduktionen der DON-Gehalte um 75 % feststellen konnten. Die von Gödecke (2010) getesteten fünf, in ihrer Anfälligkeit gegenüber Fusarien unterschiedlich anfälligen Winterweizensorten, zeigten entsprechend ihrer Resistenzeinstufung stark unterschiedliche DON-Belastungen. Die hoch tolerante Sorte Centrum (*Fusarium*-Anfälligkeit 2) wies die geringsten DON-Gehalte auf, während für die hochanfällige Sorte Ritmo (*Fusarium*-Anfälligkeit 7) die höchsten Werte analysiert wurden. Für die als gering bis Mittel eingestuften Sorten KWS Erasmus, Julius und KWS Pius wurden mittlere Belastungen ermittelt.

Im Silomais konnte vergleichend zur hochanfälligen Sorte Lorado (*Fusarium*-Anfälligkeit 7) in der als gering bis mittel anfällig eingestuften Sorte LG 30222 (*Fusarium*-Anfälligkeit 4) die DON-Belastung deutlich um 55 % reduziert werden, während in den Sorten P 8000 und Torres, welche als gering anfällig einzustufen sind (*Fusarium*-Anfälligkeit 3), die Verminderung der DON-Kontamination gegenüber der Referenzsorte Lorado mit 45 % und 42 % geringer war, als bei der Sorte LG 30222. Der Anbau der toleranteren Sorten P 8000, Torres und LG 30222 führte insgesamt an allen Standorten zu einer Reduktion der DON-Belastung im Vergleich zur Referenzsorte Lorado. Jedoch waren diese Sorten an den Westküstenstandorten Cecilienoog und Drelsdorf mit pflugloser Bodenbearbeitung und

Monokultur Mais mitunter ähnlich stark belastet wie die Sorte Lorado, so dass der Richtwert von 5000 µg/kg TM an keinem der beiden Standorte und in keiner der Sorte unterschritten werden konnte. Dagegen führten an den übrigen Standorten der Anbau der toleranteren Sorten in Verbindung mit den bereits standortspezifisch beschriebenen Produktionsfaktoren (ausgewogene Fruchtfolge, wendende Bodenbearbeitung) unter diesen jahrespezifisch sehr befallsfördernden Bedingungen zu einer deutlichen DON-Minimierung unterhalb des Richtwertes von 5000 µg/kg TM. Im Mittel der acht Standorte Futterkamp, Hemdingen, Krumstedt, Osterrönhof, Schuby, Tolk, Wallsbüll und Wotersen konnte gegenüber der Referenzsorte Lorado die DON-Kontamination in der Sorte LG 30222 durchschnittlich um 75 %, in der Sorte P 8000 um 67 % und in der Sorte Torres um 60 % vermindert werden. Durch die Sortenwahl konnten ebenso die ZEA-Gehalte gegenüber der Sorte Lorado deutlich reduziert werden. An den Standorten Cecilienkoog und Dreisdorf mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais waren die drei toleranteren Sorten P 8000, Torres und LG 30222 mitunter ähnlich stark belastet wie die Sorte Lorado, so dass an diesen beiden Standorten der ZEA-Richtwert in allen Sorten überschritten wurde. An den anderen acht Standorten waren deutliche Minderungen der ZEA-Belastungen durch den Anbau der toleranteren Sorten zu dokumentieren, so dass der ZEA-Richtwert, der in der Sorte Lorado an allen Standorten überschritten wurde, nicht überschritten wurde. Der Anbau von Sorten mit einer geringeren Anfälligkeit gegenüber Fusarien (LG 30222, P 8000, Torres) resultierte in einer deutlichen Reduktion der Mykotoxinbelastung. Jedoch waren selbst diese Sorten an Standorten mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais im Versuchsjahr 2011 ähnlich stark mit Mykotoxinen belastet wie die hoch anfällige Sorte Lorado. Die Ergebnisse zeigen weiter, dass der Anbau einer gering anfälligen Sorte, der Anbau von Mais in Fruchtfolgen sowie die Nutzung des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung wertvolle Werkzeuge darstellen, um die Mykotoxinbelastungen im Silomais zu reduzieren.

Fungizidapplikation

Zur direkten Bekämpfung der partiellen Taubährigkeit wird die Applikation von triazolhaltigen Fungiziden empfohlen (Edwards et al., 2001; Mesterhazy et al., 2002; Edwards, 2004; Menniti et al., 2003). Die Effizienz einer solchen Behandlung hängt in großem Maße von der termingerechten Ausbringung der Fungizide ab. Die beste Kontrolle der Fusarien durch Fungizide wird während der Weizenblüte erreicht, wohingegen durch eine Applikation vor bzw. nach der Blüte die Effizienz rapide abnimmt. Die termingerechte Ausbringung zur Blüte sollte in einem Zeitfenster von etwa plus/minus zwei bis vier Tagen um den Infektionstermin herum erfolgen (Homdork et al., 2000; Bartels und Rodemann, 2003). Der Wirkungsgrad einer termingerechten Applikation hinsichtlich der Befalls- und DON-Reduktion liegt nach Mielke et al. (2000) dann bei 50 bis 60 %. Nach Suty und Mauler-Machnik (1996) kann schon

eine Abweichung um zwei Tage vom optimalen Applikationstermin zu Wirkungsverlusten von bis zu 20 % führen. Aus der Gruppe der Triazole sind die Wirkstoffe Tebuconazol, Metconazol und Prothioconazol besonders wirksam (Edwards et al., 2001; Menniti et al., 2002; loos et al., 2005; Krasjak et al., 2008). Edwards et al. (2001) konnten im Winterweizen nach künstlicher Infektion mit *F. culmorum* und *F. graminearum* DON-Reduktion von nahezu 80 % in den mit Metconazol und Tebuconazol zur Blüte behandelten Varianten gegenüber der Kontrollvariante feststellen. Menniti et al. (2002) wiesen für Tebuconazol hohe Reduktionen von *F. culmorum* und *F. graminearum* und DON von 50 % nach, während sich Epoxiconazol als weniger effektiv herausstellte, wobei ähnliche DON-Gehalte wie in der fungizidunbehandelten Kontrolle festgestellt wurden. In einer Studie von Krasjak et al. (2008) mit verschiedenen Fungiziden wurde mit der Kombination aus Tebuconazol + Prothioconazol die mit Abstand höchsten Befallsreduktionen festgestellt.

Im Winterweizen konnte mit den zur Winterweizenblüte eingesetzten Fungiziden Prosaro und Osiris mit den *fusarium*spezifischen Triazolen Tebu- und Prothioconazol (Prosaro) bzw. Metconazol (Osiris) hohe Bekämpfungserfolge erzielt werden. Im Mittel der Jahre und Standorte konnten in der fungizidbehandelten Gesundvariante durch den Einsatz der Fungizide zur Winterweizenblüte die Befallsstärken der Arten *F. culmorum* und *F. graminearum* deutlich um 49 bzw. 51 % und die DON-Gehalte im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle um 44 % reduziert werden. Diese Werte entsprechen denen der zuvor genannten Quellen. Die Wirkungsgrade der DON-Reduktion lagen jahresspezifisch in einem Bereich von 32 bis 59 %. Die deutlich höchsten Reduktionen wurden im befallsstarken Jahr 2011 mit durchschnittlich 59 % erzielt. Die geringsten DON-Minderungen waren im befallsschwachen Versuchsjahr 2010 mit 32 % auszumachen. Während in der fungizidunbehandelten Kontrollvariante in den Erntejahren 2008 bis 2012 insgesamt achtmal der DON-Höchstwert von 1250 µg/kg überschritten wurde, war dies in der fungizidbehandelten Variante jahresübergreifend an keinem der Standorte der Fall. Hinsichtlich der ZEA-Belastung konnten die Gehalte im Mittel der Jahre und Standorte um 38 bis 46 % vermindert werden, wobei ähnlich zum DON ein mittlerer Wirkungsgrad von 42 % erreicht wurde. Obwohl ZEA im Vergleich zum DON insgesamt in geringeren Mengen nachgewiesen und durch den Fungizideinsatz ähnliche Wirkungsgrade erzielt werden konnten, wurde der gesetzliche ZEA-Höchstgehalt von 100 µg/kg für unverarbeitetes Getreide jahresübergreifend trotz der *fusarium*spezifischen Fungizidapplikation insgesamt neunmal überschritten, wobei jedoch jahresbedingte Unterschiede auftraten. Während in den Versuchsjahren 2009 und 2012 in der Kontrollvariante der Grenzwert an acht bzw. an vier Standorten überschritten wurde, war dies in der fungizidbehandelten Variante nur noch an einem (2009) bzw. zwei Standorten (2012) der Fall. Im befallsstarken *Fusarium*-Jahr 2011 lagen trotz der optimal terminierten Fungizidapplikationen und der erzielten hohen

Wirkungsgrade von durchschnittlich 41 % die ZEA-Gehalte an allen sechs Standorten oberhalb des Grenzwertes von 100 µg/kg. Es zeigt sich am Beispiel des Versuchsjahres 2011, dass ein alleiniger Fungizideinsatz nicht ausreichend war, um die ZEA-Gehalte unterhalb des Höchstmengenwertes von 100 µg/kg zu senken. Es ist jedoch zu bedenken, dass die angebaute Sorte Ritmo als hoch anfällig gegenüber Fusarien eingestuft ist. Die Wahl einer weniger anfälligen Sorte in Kombination mit einer Fungizidapplikation zur Weizenblüte wäre in diesem Extremjahr 2011 die einzige Möglichkeit gewesen, um über dem Höchstmengenwert liegende ZEA-Gehalte zu vermeiden.

In vivo Versuche zur Mykotoxinbildung verschiedener *Fusarium*-Arten

Ziel dieser Untersuchungen war die Klärung der Frage, ob von Mais isolierte Fusarien in der Lage sind, den Winterweizen zu infizieren und das Erntegut (Körner) mit ihren spezifischen Mykotoxinen zu kontaminieren.

Die Ergebnisse zeigten, dass alle *Fusarium*-Arten, welche aus Mais isoliert wurden, sich als pathogen gegenüber dem Winterweizen erwiesen und Symptome an den Deck- und Hüllspelzen auslösen konnten. Des Weiteren waren *F. culmorum* und *F. graminearum* in der Lage, dass Erntegut mit ihren spezifischen Mykotoxinen (DON, NIV, ZEA) zu kontaminieren. Christ et al. (2011) konnten sogar mit aus Zuckerrüben isolierten *Fusarium*-Arten Weizen erfolgreich infizieren. Neben der Ausprägung von Symptomen konnten ebenfalls die artspezifischen Mykotoxine analysiert werden.

Die Tatsache, dass *Fusarium*pilze als plurivore Krankheitserreger neben Weizen auch an anderen Wirtspflanzen wie Mais, Durumweizen, Hafer, Triticale, Gerste und Roggen (in der Reihung des Befalls und der Mykotoxinbelastung abnehmend) parasitieren, ist von hoher epidemiologischer Bedeutung ist. Dies bedeutet, dass das bisherige Nebeneinander der Kulturen durch die zunehmende Maisanbauintensität (landes- und bundesweit) aufgrund der vermehrt gegebenen Übertragungsmöglichkeiten von *Fusarium*-Arten zwischen den genannten Wirtspflanzenarten die allgemeinen Infektionspotentiale deutlich zunehmen werden.

Die dargestellten Ergebnisse dokumentieren, dass unter primärer Nutzung phytosanitärer Produktionsfaktoren das Befallsrisiko ausgehend von *Fusarium*erregern deutlich minimiert werden kann. Insbesondere unter wiederkehrender jahres- und standortspezifischer, befallsfördernder Witterungsbedingungen gemäßiger Klimaregionen, darf auf eine derartige integrierte, pflanzenhygienische Maßnahmen keinesfalls verzichtet werden. Dies gilt insbesondere unter dem biologischen Sachverhalt wirtspflanzenübertragender, plurivorer Krankheitserreger der Gattung *Fusarium*. Zur Verhinderung warmblütertoxischer Mykotoxinbelastungen als wertmindernder Lebensmittelinhaltsstoffe biotischer Natur sind

neben der Einhaltung bzw. Gestaltung pflanzenhygienischer Anbausysteme gezielte Fungizidanwendungen unter befallsfördernden Bedingungen angezeigt.

6. Zusammenfassung

Der überregional vermehrte Maisanbau, mitunter in Monokulturen, führt insgesamt zu einem erhöhten Befallsdruck mit resultierend erhöhter Mykotoxinbelastung durch *Fusarium*-Pilze. Eine zusätzliche und zukünftig zu erwartende Problematik ergibt sich durch die Biologie der *Fusarium*-Pilze, welche nicht nur an der Maiskultur, sondern auch an Weizen parasitieren. Demnach erhöht der zunehmende Maisanbau auch das überregionale Infektionspotential einerseits für die Mais-, andererseits für die Weizenkultur.

In den Jahren 2008 bis 2012 wurden überregional Weizenkorn- (Sorte Ritmo, 2012 zusätzlich Inspiration und Dekan; unbehandelte Kontrolle und fungizide Gesundheitsvariante) sowie 2011 und 2012 Silomaisproben (Sorten Lorado, LG 30222, P 8000, Torres) von verschiedenen Standorten aus ganz Schleswig-Holstein auf das qualitative und quantitative Auftreten verschiedener *Fusarium*-Arten sowie deren Mykotoxinbelastung untersucht. Als Ergebnis der überregional unter den Bedingungen der Kulturführung und Umwelt durchgeführten Untersuchungen können Aussagen zur strategischen Nutzung verschiedener Anbausystemfaktoren (Sortenwahl, Fruchtfolge, Bodenbearbeitung) zur pflanzenhygienischen Befallskontrolle gegenüber den in Schleswig-Holstein auftretenden *Fusarium*-Arten abgeleitet werden.

Anhand der Bemessung der Pilz-DNA mittels molekularer, quantitativer PCR konnten im Weizenanbau Schleswig-Holsteins im Mittel aller Standorte und Jahre 2008 bis 2012 insgesamt sieben verschiedene *Fusarium*-Arten nachgewiesen werden. Dabei dominierten jährlich die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. culmorum* mit 65,5 % und *F. graminearum* mit 18,7 % (gesamt 84,2 %), gefolgt von *F. avenaceum* (11,6 %) und *F. poae* (4,9 %) das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen. Die ebenfalls detektierten Arten *F. langsethiae*, *F. tricinctum* und *F. equiseti* spielten nur eine untergeordnete.

Hinsichtlich der Mykotoxinbelastung konnten in allen Versuchsjahren die Mykotoxine Deoxynivalenol (DON), Nivalenol (NIV) und Zearalenon (ZEA) nachgewiesen werden, wobei deutliche jahresspezifische Unterschiede auftraten. Die höchsten Mykotoxingehalte wurden 2011 detektiert, wobei im Mittel aller Standorte 2126 µg DON/kg und 518 µg ZEA/kg festgestellt werden konnten. Der Grenzwert für DON (1250 µg/kg) bzw. ZEA (100 µg/kg) wurde an sechs bzw. allen Standorten in der unbehandelten Kontrolle mit Maximalwerten von bis zu 3182 bzw. 657 µg/kg mitunter überschritten. In 2009 und 2012 konnten dagegen mittlere bis hohe Belastungen von 1049 bzw. 807 µg DON/kg und von 158 bzw. 108 µg ZEA/kg festgestellt werden. Der Grenzwert für DON wurde dabei in beiden Jahren jeweils an zwei Standorten überschritten, wohingegen der ZEA-Grenzwert 2009 an jedem und in 2012 an 50 % der Standorte überschritten wurde. 2008 und 2010 stellten hingegen befallsschwächere Jahre mit geringen DON- (82 bzw. 173 µg/kg) und ZEA-Werten (7 bzw. 49 µg/kg) dar. Eine Überschreitung der gesetzlichen Höchstmenge für DON konnte dabei an

keinem und für ZEA lediglich an einem Standort festgestellt werden. Der Grenzwert für ZEA wurde häufiger überschritten wurde als der für DON. Ursächlich für diese unterschiedlichen Mykotoxin-Gehalte waren die jahrespezifischen Witterungsbedingungen während der Weizenblüte. Während in 2011 durchschnittliche Niederschläge von 37,9 mm und Temperaturen von 16,1 °C verantwortlich für die erhöhten Mykotoxinwerte waren, konnten diese hohen Werte trotz ähnlich hoher Niederschläge in 2009 (46,2 mm) und 2012 (28,1 mm) nicht diagnostiziert werden, was auf die niedrigeren durchschnittlichen Temperaturen während der Weizenblüte in diesen Jahren zurückzuführen war (2009: 12,7 °C; 2012: 14,2 °C). Die sehr geringen Niederschlagsmengen zur Weizenblüte in den Jahren 2008 und 2010 (3,2 mm bzw. 3,9 mm) bedingten entsprechend geringe Mykotoxingehalte.

Im Vergleich zur *fusarium*spezifisch hochanfälligen Sorte Ritmo konnte in der als gering anfällig eingestuft Sorte Dekan die DON- und ZEA-Belastungen deutlich um 66 % bzw. 75 % reduziert werden, während in der Sorte Inspiration, welche als mittel bis stark anfällig eingestuft ist, eine geringere Minderung der DON- und ZEA-Belastung vergleichend zur Referenzsorte Ritmo nachgewiesen wurde.

Durch den überregionalen Einsatz *fusarium*wirksamer Triazolfungizide zum Zeitpunkt der Blüte konnten die DON- bzw. ZEA-Belastungen des Winterweizens in Schleswig-Holstein 2008 bis 2012 überregional deutlich vermindert werden. Im Mittel der Jahre und Standorte konnten die DON-Gehalte im Vergleich zur unbehandelten Kontrolle erheblich, und zwar um 44 %, reduziert werden, wobei die Wirkungsgrade in einem Bereich von 32 % bis 59 % lagen. Die höchsten Reduktionen wurden im befallsstarken Jahr 2011 erzielt (59 %), wodurch die DON-Belastungen wie in allen Versuchsjahren überregional unterhalb des Höchstmengengrenzwertes von 1250 µg/kg lagen. Hinsichtlich der ZEA-Belastung konnten die Gehalte im Mittel der Jahre und Standorte um bis zu 38 % bis 46 % vermindert werden. Trotz der optimal terminierten Fungizidapplikationen und der erzielten hohen Wirkungsgrade lagen die ZEA-Gehalte in der anfälligen Sorte Ritmo mitunter oberhalb des Grenzwertes von 100 µg/kg, was standortübergreifend für das befallsstarke Jahr 2011 zutrifft.

Wie im Winterweizen dominierten im Maisanbau im Mittel der Jahre 2011 und 2012 die DON- und ZEA-produzierenden Arten *F. graminearum* und *F. culmorum* mit einem Anteil von 43,3 und 25,2 % das *fusarium*spezifische Befallsgeschehen, wobei beide Arten insgesamt 68,5 % der Gesamt-*Fusarium*-DNA ausmachten. *F. avenaceum* und *F. poae* erlangten nach *F. graminearum* und *F. culmorum* mit Anteilen von 14,9 und 15,2 % eine größere Bedeutung im Gesamt-*Fusarium*-Komplex. Die ebenfalls häufig detektierten Arten *F. tricinctum*, *F. langsethiae* und *F. equiseti* spielten mit Anteilen von 1,4 %; 0,9 % und 4,7 % nur eine untergeordnete Rolle im Gesamt-*Fusarium*-Komplex.

In den Silomaisproben konnten in beiden Versuchsjahren die Mykotoxine DON, NIV und ZEA detektiert werden. In der anfälligen Sorte Lorado wurden im Versuchsjahr 2011 DON-Gehalte von 1225 bis 26068 µg/kg TM und ZEA-Gehalte von 671 bis 5991 µg/kg TM analysiert, womit der Richtwert für DON von 5000 µg/kg an drei von zehn Standorten, der Richtwert für ZEA von 500 µg/kg an allen Standorten überschritten wurde. Der Einfluss von Anbausystemfaktoren zeigte hierbei deutlich, dass die Kombination von Monokultur Mais und pflugloser Bodenbearbeitung in den höchsten Mykotoxingehalten im Vergleich zum Maisanbau in Fruchtfolgen und wendender Bodenbearbeitung mit dem Pflug resultierten. Der Anbau von Sorten mit einer geringeren Anfälligkeit gegenüber Fusarien (LG 30222, P 8000, Torres) resultierte in einer deutlichen Reduktion der Mykotoxinbelastung. Jedoch waren selbst diese Sorten an Standorten mit pflugloser Bodenbearbeitung und Monokultur Mais ähnlich stark mit Mykotoxinen belastet wie die hoch anfällige Sorte Lorado. Die Ergebnisse zeigen, dass der Anbau einer gering anfälligen Sorte, der Anbau von Mais in Fruchtfolgen sowie die Nutzung des Pfluges zur wendenden Bodenbearbeitung wertvolle Werkzeuge darstellen, um die Mykotoxinbelastungen im Silomais zu reduzieren. In 2012 wurden deutlich geringere Mykotoxingehalte nachgewiesen, jedoch konnten an den Standorten mit Maismonokultur und pflugloser Bodenbearbeitung wiederum die höchsten Belastungen detektiert werden.

Die übergeordnete Einflussgröße Witterung, vor allem während der Blühphase, dominiert das Auftreten von *Fusarium*pilzen sowie die resultierende Mykotoxinbelastung. Als wichtigste Vermeidungsstrategie von Mykotoxinbelastungen in Futter- und Nahrungsmitteln ist auf eine unbedingte Einhaltung einer primären Nutzung pflanzenhygienischer Anbausystemfaktoren (Pflugsaat, Fruchtfolge, Wahl toleranter Sorte), sowie als letzte Konsequenz, eine *fusarium*spezifisch optimierte Fungizidgegenmaßnahme genannter Fungizide zur Zeit der Blüte zu achten.

7. Summary

The increased maize production leads to an increased risk of infestation and as consequence to an increased mycotoxin contamination by *Fusarium* fungi. An additional and future anticipated problem arises due to the biology of *Fusarium* fungi that infect not only maize, but also wheat. Thus, the increasing maize production also increases the infection potential for maize, on the other hand for the wheat culture.

In the period from 2008 to 2012 grains of wheat (cultivar Ritmo, in 2012 additional cultivars Inspiration and Dekan) from eight locations and maize samples (cultivars Lorado, LG 30222, P 8000, Torres) from ten locations all over Schleswig-Holstein were analyzed for the qualitative and quantitative occurrence of different *Fusarium* species and for their mycotoxin content. These results were combined with the potential influence of different cropping factors (cultivar, crop-rotation and cultivation), as well as climatic influences.

Seven different *Fusarium* species were detected from the wheat samples during the whole period from 2008 to 2012 in Schleswig-Holstein. The DON and ZEA synthesizing species *F. culmorum* (65.5 %) and *F. graminearum* (18.7 %) occurred in all years and at all locations as the most dominant species followed by *F. avenaceum* (11.6 %) and *F. poae* (4.9 %). The other species *F. langsethiae*, *F. tricinctum* and *F. equiseti* occurred at a clearly lower level and they were not even continuously present over all locations or years.

According to the dominance of B-trichothecene synthesizing *Fusarium* species only deoxynivalenol (DON) and nivalenol (NIV) as well as zearalenone (ZEA) could be detected from all samples. The highest amount of mycotoxins occurred in 2011 with a mean content of 2126 µg DON/kg and 518 µg ZEA/kg. The contamination of DON and ZEA exceeded the European limit for unprocessed grains (DON: 1250 µg/kg; ZEA: 100 µg/kg) at six and all locations, respectively. In 2009 and 2012 medium amounts with 1049 and 807 µg DON/kg and 158 and 108 µg ZEA/kg could be detected. The DON content in samples from two of eight locations was above the European limit for unprocessed grains, whereas the limit for ZEA was exceeded at 50 % of all locations in both years. In 2008 and 2010 very low amounts with 82 µg/kg and 173 µg/kg DON and 7 µg/kg and 49 µg/kg ZEA were analyzed.

The reason for these different mycotoxin levels were the year-specific weather conditions during wheat flowering. During the flowering stage in 2011 a precipitation of 37.9 mm and a mean temperature of 16.1 °C was present. In 2009 and 2012, the years with a medium amount of mycotoxins, 46.2 mm and 12.7 °C and 28.1 mm and 14.2 °C were present. The years 2008 and 2010 with the lowest amounts of mycotoxins had 3.2 mm and 3.9 mm precipitation. Thus high precipitation during flowering stage of wheat is essential for the occurrence of *Fusarium* mycotoxins.

Compared to the cultivar Ritmo, which is classified as highly susceptible, the DON and ZEA content in the cultivar Dekan were clearly reduced in a range from 66 % to 75 %. In the

variety Inspiration a lower reduction of DON and ZEA contents were detected comparing to reference cultivar Ritmo.

The application of a triazole fungicide at the recommended doses at flowering stage led into a distinct reduction of the contents of DON and ZEA at all locations in Schleswig-Holstein in the period from 2008 to 2012. The application of a triazole fungicide led into a distinct reduction of the contents of DON with a mean reduction of 44 % with a range of 32% to 59 %, respectively. The highest reductions were achieved in the year 2011 (59%). For ZEA the contents were reduced in a range from 38 % to 46 %.

Similar to wheat seven different *Fusarium* species were detected in maize silage in the middle of the years 2011 and 2012 with a dominance of the B-trichothecene synthesizing *Fusarium* species *F. graminearum* (43.3 %) and *F. culmorum* (25.2 %). *F. avenaceum* and *F. poae* obtained by *F. graminearum* and *F. culmorum*, with shares of 14.9 and 15.2 % greater importance in the overall *Fusarium* complex. The species *F. tricinctum*, *F. langsethiae* and *F. equiseti* with percentages of 1.4 %; 0.9 % and 4.7 % played only a minor role in the overall *Fusarium* complex.

Similar to wheat the mycotoxins DON, NIV and ZEA were detected in maize silage. The highest amount of mycotoxins occurred in 2011 in the as susceptible classified cultivar Lorado with DON contents from 1225 to 26068 µg/kg DM and ZEA contents from 671 to 5991 µg ZEA/kg DM. The contamination of DON and ZEA exceeded the European limit for feeding stuff (DON: 5000 µg/kg; ZEA: 500 µg/kg) at three and all locations, respectively. The effect of cropping systems showed that the combination of maize monoculture and conservation tillage resulted in the highest mycotoxin concentrations in comparison to crop-rotation and ploughing. The more tolerant cultivars (LG 30222, P 8000, Torres) showed a distinct lower mycotoxin contents. But at locations where conservation tillage and maize monoculture was used even in the more tolerant cultivars the mycotoxin contents were similar to the susceptible cultivar Lorado. The results demonstrated that the cultivation of low susceptible maize cultivars, crop-rotations and ploughing will be a tool to reduce mycotoxin contaminations in maize silage.

These results clearly indicate a strong impact of climatic factors during the flowering stage to the contamination with *Fusarium* mycotoxins of the harvested wheat grains and maize silage. The most important prevention strategy of mycotoxin contamination in feed and food is on a strict observance of a primary use of plant hygiene cropping system factors (conventional sowing, crop-rotation, the cultivation of low susceptible cultivar), as well as the last consequence a optimized fungicide application at flowering stage.

8. Literaturverzeichnis

Anonym (2006): Empfehlung der Kommission vom 17. August 2006 betreffend das Vorhandensein von Deoxynivalenol, Zearalenon, Ochratoxin A, T-2- und HT-2-Toxin sowie von Fumonisin in zur Verfütterung an Tiere bestimmten Erzeugnissen. Amtsblatt der Europäischen Union (2006/576/EG)

Anonym (2007): Verordnung (EG) Nr. 1126/2007 der Kommission vom 28. September 2007 zur Änderung der Verordnung (EG) Nr. 1881/2006 zur Festsetzung der Höchstgehalte für bestimmte Kontaminanten in Lebensmitteln hinsichtlich Fusarientoxinen in Mais und Maiserzeugnissen. Amtsblatt der Europäischen Union (L255/14)

Anonym (2010): Beschreibende Sortenliste Getreide, Mais, Öl- und Faserpflanzen, Leguminosen, Rüben, Zwischenfrüchte 2010. Bundessortenamt Hannover

Anonym (2012a): Bundesministerium der Justiz, 2012: Gesetz für den Vorrang Erneuerbarer Energien (Erneuerbare-Energien-Gesetz - EEG).
http://www.gesetze-im-internet.de/eeg_2009/BJNR207410008.html

Anonym (2013a): Deutsches Maiskomitee e.V. (DMK): Bedeutung des Maisanbaus in Deutschland.
<http://www.maiskomitee.de/web/public/Fakten.aspx/Statistik/Deutschland>

Anonym (2013b): Statistisches Amt für Hamburg und Schleswig-Holstein: Bodennutzung
<http://www.statistik-nord.de/publikationen/publikationen/statistische-berichte/landwirtschaft/>

Atoui, A., El Khoury, A., Kallassy, M., Lebrihi, A. (2012): Quantification of *Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum* by real-time PCR system and zearalenone assessment in maize. International Journal of Food Microbiology (154): 59 - 65

Audenaert, K., Landschoot, S., Vanheule, A., Waegeman, W., De Baets, B., Haesaert, G. (2009): Impact of fungicide timing on the composition of the *Fusarium* head blight disease complex and the presence of deoxynivalenol (DON) in wheat. www.intechopen.com

Bartels, G., Rodemann, B., (2003): Strategien zur Vermeidung von Mykotoxinen im Getreide. Gesunde Pflanzen. 55. Jahrg., Heft 5: 125 - 133.

Bateman, G. L. (2005): The contribution of ground-level inoculum of *Fusarium culmorum* to ear blight of winter wheat. *Plant Pathology* (54): 299 – 307

Berthiller, F., Schumacher, R., Buttinger, G., Freudenschuss, M., Adam, G., Krska, R. (2003): Synthesis of deoxynivalenol-glucosides and their characterization using a QTrap LC/MS/MS. *Mycotoxin Research* (19): 47 – 50

Berthiller, F., Dall'Asta, C., Schuhmacher, R., Lemmens, M., Adam, G., Krska, R. (2005): Masked mycotoxins: determination of a deoxynivalenol glucoside in artificially and naturally contaminated wheat by liquid chromatography tandem mass spectrometry. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (53): 3421 – 3425

Berthiller, F., Dall'asta, C., Corradini, R., Marchelli, R., Sulyok, M., Krska, R., Adam, G., Schuhmacher, R. (2009): Occurrence of deoxynivalenol and its 3- β -D-glucoside in wheat and maize. *Food Additives and Contaminants* (26): 507 – 511

Berthiller, F., Krska, R., Domig, K. J., Kneifel, W., Juge, N., Schuhmacher, R., Gerhard, A. (2011): Hydrolytic fate of deoxynivalenol-3-glucoside during digestion. *Toxicology Letters* (206): 264 – 267

Beyer, M., Roding, Verreet, J.-A. (2005): Germination of *Gibberella zeae* ascospores as affected by age of spores after discharge and environmental factors. *European Journal of Plant Pathology* (111): 381 – 389

Beyer, M., Klix, M.B., Klink, H., Verreet, J.-A. (2006): Quantifying the effects of previous crop, tillage, cultivar and triazole fungicides on the deoxynivalenol content of wheat grain - a review. *Journal of Plant Disease and Protection* (113): 241 - 246

Bottalico, A. (1998): *Fusarium* diseases of cereals: Species complex and related mycotoxin profiles in Europe. *Journal of Plant Pathology* (80): 85 – 103

Bottalico, A. und Perrone, G. (2002): Toxigenic *Fusarium* species and mycotoxins associated with head blight in small-grain cereals in Europe. *European Journal of Plant Pathology* (108): 611 - 624

Büttner, P. (2006): Das Artenspektrum der Gattung *Fusarium* an Weizen und Roggen in Bayern in den Jahren 2003 und 2004. *Gesunde Pflanzen* (58): 28 - 33

Bushnell, W. R., Hazen, B. H., Pritsch, H. (2003): Histology and Physiology of *Fusarium* head blight. In: *Fusarium head blight of wheat and barley*. Eds. Leonard, K., Bushnell, W. R., APS Press, St. Paul, ta, USA: 44 – 83

Brennan, J. M., Egan, D., Cooke, B. M., Doohan, F. M. (2005): Effect of temperature on head blight of wheat caused by *Fusarium culmorum* and *F. graminearum*. *Plant Pathology* (54): 156 - 160

Champeil, A., Dore, T., Fourbet, J. F. (2004): *Fusarium* head blight: epidemiological origin of the effects of cultural practices on head blight attacks and the production of mycotoxins by *Fusarium* in wheat grains. *Plant Science* (166): 1389 – 1415

Christ, D. S., Gödecke, R., von Tiedemann, Andreas, Varrelmann, M. (2011): Pathogenicity, symptom development and mycotoxin formation in wheat by *Fusarium* species frequently isolated from sugar beet. *Phytopathology* (101): 1338 - 1345

Cook R. J., Christen, A. A. (1976): Growth of cereal root rot fungi as affected by temperature-water potential interactions. *Phytopathology* (66): 193 - 197

Cotton, T. K., Munkvold, G. P. (1998): Survival of *Fusarium monilliforme*, *Fusarium proliferatum* and *Fusarium subglutinans* in Maize Stalk Residue. *Phytopathology* (88): 550 – 555

Dänicke S. (2001): *Fusariumtoxine* in der Tierernährung. *Lohmann Information* (4/2001): 1 – 10

Dejardins, A. E (2006): *Fusarium* Mycotoxins: Chemistry, Genetics, and Biology. St. Paul: American Physical Society Press

Dejardins, A. E, Proctor, R. H., Bai, G.-H., Mc Cormick, S. P., Shaner, G., Buechley, G., Hohn, T. M. (1996): Reduced virulence of Trichothecene-nonproducing mutants of *Giberella zeae* in wheat field tests. *Molecular Plant Microbe Interactions* (9): 775 - 781

Dexter, J. E., Clear, R. M., Preston, K. R. (1996): *Fusarium* head blight: Effect on the milling and baking of some Canadian wheats. *Cereal Chemistry* (73): 695 – 701

Diaz, G. J., Broermans, H. J. (1994): Fumonisin toxicosis in domestic animals: a review. *Veterinary and Human Toxicology* (36): 548 - 555.

Döll, S., Dänicke, S. (2011): The *Fusarium* toxins deoxynivalenol (DON) and zearalenon (ZEA) in animal feeding. *Preventive Veterinary Medicine* (102): 132 – 145

Doohan, F. M., Brennan, J., Cook, B. M. (2003): Influence of climatic factors on *Fusarium* species pathogenic to cereals. *European Journal of Plant Pathology* (109): 755-768

Dorn, B., Forrer, H.-R., Schuech, S., Vogelgsang, S. (2009): *Fusarium* species and mycotoxins in maize in Switzerland: occurrence, prevalence, impact and mycotoxins in commercial hybrids under natural infection. *Agrarforschung* (16): 232 - 237

Dorn, B., Forrer, H. R., Jenny, E., Wettstein, F. E., Bucheli, T. D., Vogelgsang, S. (2011): *Fusarium* species complex and mycotoxins in grain maize from maize hybrid trials and from grower's fields. *Journal of Applied Microbiology* (11): 693 – 706

Eckard, S., Wettstein, F. E., Forrer, H. R., Vogelgsang, S. (2011): Incidence of *Fusarium* Species and Mycotoxins in Silage Maize. *Toxins* (3): 949 – 967

Edwards, S. G. (2004): Influence of agricultural practices on fusarium infection of cereals and subsequent contamination of grain by trichothecene mycotoxins. *Toxicology Letters* (153): 29 – 35

Edwards, S. G., Pirgozliev, S. R., Hare, M. C., Jenkinson, P. (2001): Quantification of Trichothecene-producing *Fusarium* species in harvested grain by competitive PCR to determine efficacies of fungicides against *Fusarium* head blight of winter wheat. *Applied and Environmental Microbiology* (67): 1575 - 1580

Engelhardt, G., Zill, G., Wohner, B., Wallnöfer, P. R. (1988): Transformation of the *Fusarium* mycotoxin zearalenone in maize cell suspension cultures. *Naturwissenschaften* (75): 309 – 310

Fernandez, M. R., Chen, Y. (2005): Pathogenicity of *Fusarium* species on different plant parts of spring wheat under controlled conditions. *Plant Disease* (89): 164 - 169

Fredlund, E., Gidlund, A., Pettersson, H. Olsen, M. Börjesson, T. (2010): Real-time PCR detection of *Fusarium* species in Swedish oats and correlation to T-2 and HT-2 toxin content. *World Mycotoxin Journal* (3): 77 - 88

Glenn, A. E. (2007): Mycotoxygenic *Fusarium* species in animal feed. *Animal feed science and Technology* (137): 213 - 240

Gilbert, J., Fernando W. G. D. (2004): Epidemiology and biological control of *Gibberella zeae/Fusarium graminearum*. *Canadian Journal of Plant Pathology* (26): 464 – 472

Gödecke, R. (2010): Einflussfaktoren der Mykotoxinbildung durch Ährenbefall mit *Fusarium* spp. in verschiedenen Winterweizenfruchtfolgen. Dissertation. Georg-August-Universität Göttingen

Görtz, A., Zuehlke, S., Spiteller, M., Steiner, U., Dehne, H. W., Waalwijk, C., de Vries, I., Oerke, E. C. (2010): *Fusarium* species and mycotoxin profiles on commercial maize hybrids in Germany. *European Journal of Plant Pathology* (128): 101 – 111

Görtz, A. (2010): Auftreten der *Fusarium*-Kolbenfäule im Maisanbau in Deutschland und Maßnahmen zur Vermeidung der Mykotoxinbelastung in Maiskörnern. Dissertation. Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Groenewald, S. (2005): Biology, pathogenicity and diversity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubeense*. Dissertation University of Pretoria

Harris, L. J., Desjardins, A. E., Plattner, R. D., Nicholson, P., Butler, G., Young, J. C., Weston, G., Proctor, R. H., Hohn, T. M. (1999): Possible role of trichothecene mycotoxins in virulence of *Fusarium graminearum* in maize. *Plant disease* (83): 954 - 960

Hasler, M., Hothorn, L. A. (2008): Multiple contrast test in the presence of heteroscedasticity. *Biometrical Journal* (50): 793 - 800

Hoffmann, G. M., Schmutterer, H., (1999): Parasitäre Krankheiten und Schädlinge an landwirtschaftlichen Kulturpflanzen. Stuttgart: Ulmer Verlag

Hohmdork, S., Fehrmann, H., Beck, R. (2000): Effects of field application of tebuconazole on yield, yield components and the mycotoxin content of *Fusarium* infected wheat grain. *Journal of Phytopathology* (148): 1 – 6

Hurle, K., Mehrtens, J., Meinert, G., (2005): Mais - Unkräuter, Schädlinge, Krankheiten. Gelsenkirchen: Verlag Th. Mann.

Ioos, R., Belhadj, A., Menez, M. (2004): Occurrence and distribution of *Microdochium nivale* and *Fusarium* species isolated from barley, durum and soft wheat grains in France from 2000 to 2002. *Mycopathologia* (158): 351 – 362

Ioos, R., Belhadj, A., Menez, M., Faure, A. (2005). The effects of fungicides on *Fusarium* spp. and *Microdochium nivale* and their associated trichothecene mycotoxins in French naturally-infected cereal grains. *Crop Protection* (24): 894 - 902.

Jajić, I., Jurić, V., Glamočić, D., Abramović, B. (2008): Occurrence of Deoxynivalenol in maize and wheat in Serbia. *International Journal of Molecular Sciences* (9): 2114 - 2126

Jansen, C., v. Wettstein, D., Schäfer, W., Kogel, K. H., Felk, A., Maier, F. J. (2005): Infection patterns in barley and wheat spikes inoculated with wildtype and trichothecene synthesis gene disrupted *Fusarium graminearum*. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 102: 16892 -16897

Kim, Y. T., Lee, Y. R., Jin, J., Han, K. H., Kim, H., Kim, J. C., Lee, T., Yun, S. H., Lee, Y. W. (2005): Two different polyketide synthase genes are required for synthesis of zearalenone in *Gibberella zeae*. *Molecular Microbiology* (58): 1102 - 1113

Kosiak, B., Torp, M., Skjerve, E. (2003): The prevalence and distribution of *Fusarium* species in Norwegian cereals: a survey. *Acta Agriculturae Scandinavica Section B- Soil and Plant Science* (53): 168 - 176

Kostelanska, M., Hajslova, J., Zachariasova, M., Malachova, A. (2009): Occurrence of deoxynivalenol and its major conjugate, deoxynivalenol-3-glucoside, in beer and some brewing intermediates. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (57): 3187 – 3194

Kostelanska, M., Dzuman, Z., Malachova, A., Capouchova, I. (2011): Effects of milling and baking technologies on levels of deoxynivalenol and its masked form deoxynivalenol-3-glucoside. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (59): 9303 – 9312

Kulik, T. (2008): Detection of *Fusarium tricinctum* from cereal grain using PCR assay. *Journal of Applied Genetics* (49): 305–311

Krska, R., Baumgartner, S., Josephs, R. (2001): The state of the art in the analysis of type A- and B-trichothecene mycotoxins in cereals. *Fresenius Journal of Analytical Chemistry* (371): 285 - 299

Lancova, K., Hajslova, J., Poustka, J., Krplova, A. (2008): Transfer of *Fusarium* mycotoxins and 'masked' deoxynivalenol (deoxynivalenol-3-glucoside) from field barley through malt to beer. *Food Addit. Contam. A* (25): 732 – 744

Langevin, F., Eudes, F., Comeau, A. (2004): Effect of trichothecenes produced by *Fusarium graminearum* during *Fusarium* head blight development in six cereal species. *European Journal of Plant Pathology* (110): 735 - 746

Lepschy v. Geissenthal, J. (1992): Fusarientoxine in Getreide – ihre Entstehung und Vorbeugungsmaßnahmen. *Gesunde Pflanze* (44): 35 - 39

Leslie, J. F.; Summerell, B. A. (2006): *The Fusarium Laboratory Manual*. Blackwell Publishing: Ames IA, USA

Levitin, M. (2001): Distribution and toxicology of *Fusarium* species on cereals in Russia. In Logrieco A. (ed.) Occurrence of toxigenic fungi mycotoxins in plants, food and feed in Europe: 151 – 157

Lienemann, K. (2002): Auftreten von *Fusarium*-Arten an Winterweizen im Rheinland und Möglichkeiten der Befallskontrolle unter besonderer Berücksichtigung der Weizensorte. Dissertation, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Logrieco, A., Mulé, G., Moretti, A., Bottalico, A. (2002): Toxigenic *Fusarium* species and mycotoxins associated with maize ear rot in Europe. *European Journal of Plant Pathology* (108): 597 - 609

Logrieco, A., Bottalico, A., Mulé, G., Moretti, A., Perrone, G. (2003): Epidemiology of toxigenic fungi and their associated mycotoxins for some Mediterranean crops. *European Journal of Plant Pathology* 109: 645 – 667

Ludewig, A. (2003): Zur Bedeutung des Mykotoxins Deoxynivalenol im Wirt/Parasit-System Weizen/*Fusarium graminearum*. Dissertation. Christianniversität zu Kiel

Ma, L., shang, Y., Cao, A., Qi, Z., Xing, L. Chen, P., Liu, D., Wang, X. (2010): Molecular cloning and characterization of an up-regulated UDP-glucosyltransferase gene induced by DON from *Triticum aestivum* L. cv. Wangshuibai. *Molecular Biology Reports* (37): 785 - 795

Magan, N. (2006): Mycotoxin contamination of food in Europe: Early detection and prevention strategies. *Mycopathologia* (162): 245 - 253

Maiorano, A., Blandino, M., Reyneri, A., Vanara, F. (2008): Effects of maize residues on the *Fusarium* spp. infection and deoxynivalenol (DON) contamination of wheat grain. *Crop Protection* (27): 182 – 188

Malachova, A., Dzuman, Z., Veprikova, Z., Vaclavikova, M. (2011): Deoxynivalenol, deoxynivalenol-3-glucoside, and enniatins: the major mycotoxins found in cereal-based products on the Czech market. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (59): 12990 – 12997

Marin, S., Sanchis, S., Magan, N. (1995): Water activity, temperature and pH effects on growth of *Fusarium monilliforme* and *F. proliferatum* isolates from maize. *Canadian Journal of Microbiology* (41): 1063 – 1070

Marín, S., Sanchis, V., Ramos, A. J., Vinas, I., Magan, N. (1998): Environmental factors, *in vitro* interactions and niche overlap between *Fusarium monilliforme*, *F. proliferatum* and *F. graminearum*, *Aspergillus* and *Penicillium* species from maize grain. *Mycological Research* (102): 831 – 837

Marin, S., Ramos, A. J., Cano-Sancho, G., Sanchis, V. (2012): Reduction of mycotoxins and toxigenic fungi in the Mediterranean basin maize chain. *Phytopathologia Mediterranea* (51): 93 – 118

Mc Cormick, S. (2003): The role of DON in pathogenicity. In: *Fusarium head blight of wheat and barley*. Eds. Leonard, K. Bushnell. W. R., APS Press, St. Paul, Minnesota, USA: 165 - 183

Mc Mullen, M., Jones, R., Gallenberg, D. (1997): Scab of wheat and barley: A reemerging disease of devastating impact. *Plant Disease* (81): 1340 - 1348

Meier, A. (2003): Zur Bedeutung von Umweltbedingungen und pflanzenbaulichen Maßnahmen auf den *Fusarium*-Befall und die Mykotoxinbelastung von Weizen. Dissertation. Rheinische Friedrich-Wilhelm-Universität Bonn

Menniti, M., Pancaldi, D., Maccaferri, M. Casalini, L. (2003): Effect of fungicides on *Fusarium* head blight and Deoxynivalenol content in durum wheat grain. *European Journal of Plant Pathology* (109): 109 – 115

Mesterhazy, A., Bartok, T., Lamper, C. (2002): Influence of wheat cultivar, species of *Fusarium*, and isolate aggressiveness on the efficacy of fungicides for control of *Fusarium* head blight. *Plant disease* (87): 1107 – 1115

Mielke H., Rodemann B., Bartels G. (2000): Ährenfusariosen im Weizenbau. *Getreidemagazin* (6): 104 - 108.

Miller, J. D., Young, J. C. (1985): Deoxynivalenol in an experimental *Fusarium graminearum* infection of wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology* (7): 132 – 134

Mishra, P.K., Fox, R.T.V., Culham, A. (2003): Development of a PCR-based assay for rapid and reliable identification of pathogenic Fusaria. *FEMS Microbiology Letters* (218): 329 – 332

Mulé, G., Susca, A., Stea, G. Moretti, A. (2004a): Specific detection of the toxigenic species *Fusarium proliferatum* and *Fusarium oxysporum* from asparagus plants using primers based on calmodulin gene sequences. *FEMS Microbiology Letters* (230): 235 - 240

Mulé, G., Susca, A., Stea, G. Moretti, A. (2004b): A species-specific PCR assay based on the calmodulin partial gene for identification of *Fusarium verticillioides*, *Fusarium proliferatum* and *Fusarium subglutinans*. *European Journal of Plant Pathology* (110): 495 – 502

Munkvold, G. P., Mc Gee, D. C., Carlton, W. M. (1997): Importance of different pathways for maize kernel infection by *Fusarium moniliforme*. *Phytopathology* (87): 209 - 217

Munkvold, G. P. (2003): Epidemiology of *Fusarium* diseases and their mycotoxins in maize ears. *European Journal of Plant Pathology* (109): 705 - 713

Musa, T., Jenny, E. Forrer, H.R., Vogelgsang, S. (2011): Fusarien und Mycotoxine in der Schweiz. *Agrarforschung Schweiz* 2: 520 – 525

Nicholson, P., Simpson, D. R., Weston, G., Rezanoor, H. N., Lees, A. K., Parry, D. W., Joyce, D. (1998): Detection and quantification of *Fusarium culmorum* and *Fusarium graminearum* in cereals using PCR assays. *Physiological and Molecular Plant Pathology* (53): 17 - 37

Nicolaisen, M., Suproniene, S., Nielsen, L. K., Lazzaro, I., Spliid, N. H., Justesen, A. F. (2009): Real-time PCR for quantification of eleven individual *Fusarium* species in cereals. *Journal of Microbiological Methods* 76 (2009) 234 – 240

Nielsen, L. K., Jensen, J. D., Nielsen, G. C., Jensen, J. E., Spliid, N. H. H., Thomsen, I. K., Justesen, A. F., Collinge, D. B., Jørgensen, L. N. (2011): *Fusarium* Head Blight of cereals in Denmark: Species complex and related mycotoxins. *Phytopathology* (101): 960 - 969

Nightingale, M. J., Marchylo, B. A., Clear, R. M., Dexter, J. E., Preston, K. R. (1999): *Fusarium* head blight: Effect of fungal proteases on wheat storage proteins. *Cereal Chemistry* (76): 150 - 158.

Obst, A., Gehring, K., (2002): *Getreide – Krankheiten, Schädlinge, Unkräuter*. Gelsenkirchen-Buer: Verlag Th. Mann.

Oleskevich, C., Shamoun, S. F., Vesonder, R. F., Punja, Z. K. (1998): Evaluation of *Fusarium avenaceum* and other fungi for potential as biological control agents of invasive *Rubus species* in British Columbia. *Canadian Journal of Phytopathology* (20): 12 - 18

Osborne, L. E., Stein, J. M. (2007): Epidemiology of *Fusarium* head blight on small-grain cereals. *International Journal of Food Microbiology* (119): 103 – 108

Parry, D. W., Jenkinson, P., McLeod, L. (1995): *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals – a review. *Plant Pathology* 44: 207 – 238

Parry, D. W., Nicholson, P. (1996): Development of a PCR assay to detect *Fusarium poae* in wheat. *Plant Pathology* (45): 383 - 391

Patino, B., Mirete, S., Gonzalez - Jaén, M.T, Mulé, G., Rodríguez, M.T., Vázquez, C. (2004): Research Note: PCR detection assay of fumonisin - producing *Fusarium verticillioides* strains. *Journal of Food Protection* (67): 1278 – 1283

Pirgozliev, S., Edwards, S.G., Hare, M.C., Jenkinson, P. (2003): Strategies for the control of *Fusarium* head blight in cereals. *European Journal of Plant Pathology* (109): 731-742

Placinta, C. M., D’Mello, J. F. P., Macdonald, A. M. C. (1998): A review of worldwide contamination of cereal grains and animal feed with *Fusarium* mycotoxins. *Animal Feed Science and Technology* (78): 21 – 37

Plasencia, J., Mirocha, C. J. (1991): Isolation and characterization of zearalenone sulfate produced by *Fusarium* spp. *Applied and Environmental Microbiology* (57): 146 - 150

Poppenberger, B., Berthiller, F., Lucyshyn, D., Sieberer, T., Schuhmacher, R., Krska, R., Kuchler, K., Glössl, J., Luschig, C., Adam, G. (2003): Detoxification of the *Fusarium* mycotoxin deoxynivalenol by an UDP-glucosyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. *The Journal of Biological Chemistry* (278): 47905 – 47914

Poppenberger, B., Berthiller, F., Bachmann, H., Lucyshyn, D. (2006): Heterologous expression of Arabidopsis UDP-glucosyltransferases in *Saccharomyces cerevisiae* for production of zearalenone-4-O-glucoside. *Applied and environmental microbiology* (72): 4404 – 4410

Prelusky, D. B., Rotter, B. A., Rotter, R. G. (1994): Toxicology of mycotoxins. In: Miller, J. D., Trenholm, H. L.: *Mycotoxins in grain: Compounds other than aflatoxins*. Eagan Press, St. Paul, MN: 359-403.

Proctor, R. H., Desjardins, A. E., Mc Cormick, S. P. (1995): Reduced virulence of *Gibberella zeae* caused disruption of Trichothecene toxin biosynthetic gene. *Molecular Plant Microbe Interactions* (8): 593 - 601

Punja, Z. K., Wan, A., Rahman, M., Goswami, R. S., Barasubiye, T., Seifert, K. A., Lévesque, C. A. (2008): Growth, population dynamics, and diversity of *Fusarium equiseti* in ginseng fields. *European Journal of Plant Pathology* (173): 173 – 184

Rodemann, B. (1999): Mykotoxine in Getreide. Forschungsreport für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (2): 6 - 9

Rodemann, B. und Bartels, G. (2004): *Fusarium*-Befall – Schadbild und Ausbreitung. *Zeitschrift Mais* (1): 4 – 7

Rossi, V., Ravenetti, A., Patteri, E., Giousue, S. (2001): Influence of temperature and humidity on the infection of wheat spikes by some fungi causing *Fusarium* head blight. *Journal of Plant Pathology* (83): 189 - 198

Sasanya, J. J., Hall, C., Wolf-Hall, C. (2008): Analysis of deoxynivalenol, masked deoxynivalenol, and *Fusarium graminearum* pigment in wheat samples, using liquid chromatography-UV-mass spectrometry. *Journal of Food Protection* (71): 1205 – 1213

Savard, M. E. (1991): Deoxynivalenol fatty acid and glucoside conjugates. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (39): 570 – 574

Schaafsma, A. W., Tamburic-Ilicic, L., Hooker, D. C. (2005): Effect of previous crop, tillage, field size, adjacent crop and sampling direction on airborne propagules of *Gibberella zeae*/*Fusarium graminearum*, *Fusarium* head blight severity and Deoxynivalenol accumulation in winter wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology* (27): 217 – 224

Schlang, N. (2009): Auftreten der partiellen Taubährigkeit in Weizenbeständen – räumliche Verteilung der *Fusarium*-Arten und assoziierter Mykotoxine. Dissertation, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

Schlüter, K., Kropf, U., Karlovsky, P., (2006): Untersuchungen zur systemischen Infektion von *Fusarium culmorum* an Winterweizen in Schleswig-Holstein. *Gesunde Pflanzen*. DOI 10.1007/s10343-006-0119-x.
<http://www.fh-kiel.de/fileadmin/data/landbau/Projektberichte/Untersuchungen.pdf>

Schmidt-Heydt, M., Magan, N., Geisen, R. (2008): Stress induction of mycotoxin biosynthesis genes by abiotic factors. *FEMS Microbiology Letters* (284): 142 - 149

- Schneweis, I., Meyer, K., Engelhardt, G., Bauer, J.** (2002): Occurrence of zearalenone-4-beta-D-glucopyranoside in wheat. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (50): 1736 – 1738
- Sewald, N., Lepschy von Gleissenthall, J., Schuster, M., Müller, G., Aplin, R. T.** (1992): Structure elucidation of a plant metabolite of 4-deoxynivalenol. *Tetrahedron* (3): 953 – 960
- Schweyda, H.-J.** (1996): Pathogene und fakultativ pathogene samenbürtige Pilze auf Saatgetreide aus Baden-Württemberg: Biologie-Befallssituation-Konsequenzen. Dissertation. Universität Karlsruhe
- Shah, D. A., Pucci, N., Infantino, A.** (2005): Regional and varietal differences in the risk of wheat seed infection by fungal species associated with *Fusarium* head blight in Italy. *European Journal of Plant Pathology* (112): 13 – 21
- Snijders, C. H. A., Krechting, C. F.** (1992): Inhibition of deoxinivalenol translocation and fungal colonization in *Fusarium* head blight resistant wheat. *The Canadian Journal Botany* (70): 1570 - 1576
- Sommer, C. M. E.** (2012): Mikroskalige Variabilität des *Fusarium*-Befalls und der Mykotoxinbelastung von Weizenkörnern. Dissertation. Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
- Srobarova, A.** (1997): Occurrence of *Fusarium* spp. from Slovakia maize kernels. *Cereal Research Communications* (25): 617 – 618
- Stepien, L., Popiel, D., Koczyk, G., Cehlakowsky, J.** (2008): Wheat-infecting *Fusarium* species in Poland – their chemotypes and frequencies revealed by PCR assay. *Journal of Applied Genetics* (49): 433 - 441.
- Strange, P. N., and Scott, P. R.** (2005): Plant disease: A threat to global food security. *Annual Review of Phytopathology* (43): 83 – 116
- Sutton, J. C.** (1982): Epidemiology of wheat head blight and maize ear rot caused by *Fusarium graminearum*. *Canadian Journal of Plant Pathology* (4): 195 - 209.

- Tanaka, T., Hasegawa, A., Yamamoto, S., Lee, U., Sugiura, Y., Ueno, Y.** (1988): Worldwide contamination of cereals by *Fusarium* mycotoxins nivalenol, deoxynivalenol and zearalenone. 1st survey of 19 countries. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (36): 979 - 983.
- Thrane, U., Adler, A., Clasen, P.-E., Galvano, F., Langseth, W., Lew, H., Logrieco, H., Nielsen, K. F., Ritieni, A.** (2004): Diversity in metabolite production by *Fusarium langsethiae*, *Fusarium poae* and *Fusarium sporotrichioides*. *International Journal of Food Microbiology* (95): 257 – 266
- Torp, M., Nirenberg, H. I.** (2004): *Fusarium langsethiae* sp. nov. on cereals in Europe. *International Journal of Food Microbiology* (95): 247– 256
- Torp, M. and Adler, A.,** (2004): The European *Sporotrichiella* Project: a polyphasic approach to the biology of new *Fusarium* species. *International Journal of Food Microbiology* (95): 257 - 266.
- Trail, F., Gaffoor, I., Vogel, S.** (2005): Ejection mechanics and trajectory of the ascospores of *Gibberella zeae* (anamorph *Fusarium graminearum*). *Fungal Genetics and Biology* (42): 528-533
- Trail, F.** (2009): For blighted waves of grain: *Fusarium graminearum* in the Postgenomics era. *Plant Physiology* (149): 103 - 110
- Tran, S. T., Smith, T. K., Girgis, G. N.** (2011): A survey of free and conjugated Deoxynivalenol in the 2008 corn crop in Ontario, Canada. *Journal of the Science of Food and Agriculture* (92): 37 – 41
- Turner, A. S., Lees, A. K., Rezanoor, H. N., Nicholson, P.** (1998): Refinement of PCR-detection of *Fusarium avenaceum* and evidence from DNA marker studies for phenetic relatedness to *Fusarium tricinctum*. *Plant Pathology* (47): 278 – 288
- Utermark, J., Karlovsky, P.** (2007): Role of zearalenone lactonase in protection of *Gliocladium roseum* from fungitoxic effects of the mycotoxin zearalenone. *Applied and Environmental Microbiology* (73): 637 – 642.

Vendl, O., Crews, C., MacDonald, S., Krska, R., Berthiller, F. (2010): Occurrence of free and conjugated *Fusarium* mycotoxins in cereal-based food. *Food Addit. Contam. A* (27): 1148 – 1152

Waalwijk, C., Kastelein, P., de Vries, I., Kerényi, Z., van der Lee, T., Hesselink, T., Köhl, J., Kema, G. (2003): Major changes in *Fusarium* spp. in wheat in the Netherlands. *European Journal of Plant Pathology* (109): 743 – 754

Waalwijk, C., Van Der Heide, R., De Vries, I., Van Der Lee, T., Schoen, C., Costrel-De Corainville, G., Häuser-Hahn, I., Kastelein, P., Köhl, J., Lonnet, P., Demarquet, T., Kema G. H. J. (2004). Quantitative detection of *Fusarium* species in wheat using TaqMan. *European Journal of Plant Pathology* (110): 481 - 494

Xu, X.-M., Parry, D. W., Nicholson, P., Thomsett, M. A., Simpson, D., Edwards, S. G., Cooke, B. M., Doohan, F. M., Brennan, J. M., Moretti, A., Tocco, G., Mule, G., Homok, L., Giczey, G., Tatnell, J. (2005): Predominance and association of pathogenic fungi causing *Fusarium* ear blight in wheat in four European countries. *European Journal of Plant Pathology* (112): 143 – 154

Xu, X.-M., Monger, W., Ritieni, A., Nicholson, P. (2007): Effect of temperature and duration of wetness during initial infection periods on disease development, fungal biomass and mycotoxin concentrations on wheat inoculated with single or combinations of *Fusarium* species. *Plant Pathology* (56): 943 – 956

Xu, X.-M., Nicholson, P., Thomsett, M. A., Simpson, D., Cooke, B. M., Doohan, F. M., Brennan, J. M., Monaghan S., Moretti, A., Mule, G., Hornok, L., Beki, E., Tatell, J., Ritieni, A., Edwards, S. G. (2008): Relationship between the fungal complex causing *Fusarium* head blight of wheat and environmental conditions. *Phytopathology* (98): 69 - 78

Yli-Mattila, T. (2010): Ecology and evolution of toxigenic *Fusarium* species in cereals in northern Europe and Asia. *Journal of Plant Pathology* (92): 7 – 18

Yli-Mattila, T. (2011): Detection of Trichothecene-producing *Fusarium* species in cereals in Northern Europe and Asia. *Agronomy Research* (9; Special Issue II): 521 – 526

Yoder, W. T., Christianson, L. M. (1998): Species-specific primers resolve members of *Fusarium* section *Fusarium*: Taxonomic status of the edible "Quorn" fungus reevaluated. *Fungal Genetics and Biology* (26): 68 - 80

Young, J. C., Fulcher, R. G., Hayhoe, J. H., Scott, P. M., Dexter, J. E. (1984): Effect of milling and baking on deoxynivalenol (vomitoxin) content of eastern Canadian wheats. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (32): 659 – 664

9. Anhang

Tab. 1: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2008

<i>Fusarium</i> -Art	Barlt	Birkenmoor	Eiskop	Futterkamp	Kastorf	Kluvensiek	Loit	Sönke-Nissen-Koog
<i>F. graminearum</i>	2,5	0,8	4,4	1,4	0,9	1,1	1,2	1,4
<i>F. culmorum</i>	12,1	2,7	2,7	1,7	0	0	0,5	0,5
<i>F. poae</i>	2,1	1,8	6,9	2,9	1,3	0,5	1,3	6,6
<i>F. avenaceum</i>	2,6	2,7	2,2	1,4	1,1	1,2	3,1	0,9
<i>F. langsethiae</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. equiseti</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. sporotrichioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	1,6	0,6	0,8	0	0	0	0	0,4
<i>F. verticillioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 2: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2009

<i>Fusarium</i> -Art	Barlt	Birkenmoor	Elskop	Futterkamp	Kastorf	Kluvensiek	Loit	Sönke-Nissen-Koog
<i>F. graminearum</i>	10,0	20,9	16,5	11,4	17,9	26,0	26,3	21,9
<i>F. culmorum</i>	67,9	104,7	109,5	219,0	120,3	225,0	146,4	127,9
<i>F. poae</i>	2,3	7,3	8,6	3,5	7,3	4,1	4,4	11,9
<i>F. avenaceum</i>	10,4	15,3	16,9	14,6	13,4	19,8	15,2	15,6
<i>F. langsethiae</i>	4,3	1,2	3,2	2,6	3,1	2,1	2,6	2,8
<i>F. equiseti</i>	1,5	1,0	0,7	3,0	2,3	0,8	1,7	3,0
<i>F. sporotrichioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	1,0	1,1	2,7	1,0	3,0	0,3	0,7	1,1
<i>F. verticillioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 3: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2010

<i>Fusarium</i> -Art	Barlt	Birkenmoor	Elskop	Futterkamp	Kastorf	Kluvensiek	Loit	Sönke-Nissen-Koog
<i>F. graminearum</i>	3,5	4,5	3,0	2,8	1,9	6,4	6,5	5,3
<i>F. culmorum</i>	7,2	11,5	2,9	9,1	5,8	20,6	15,1	30,9
<i>F. poae</i>	6,0	2,6	5,2	3,7	8,6	2,5	2,0	10,8
<i>F. avenaceum</i>	1,6	2,5	1,2	1,9	1,4	1,2	2,7	2,7
<i>F. langsethiae</i>	2,0	2,3	2,1	1,7	1,2	2,1	1,7	7,1
<i>F. equiseti</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. sporotrichioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	0,5	0,2	0,3	0,3	0,4	0,2	0,3	2,0
<i>F. verticillioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 4: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2011

<i>Fusarium</i> -Art	Barlt	Birkenmoor	Elskop	Futterkamp	Kastorf	Kluvensiek	Loit	Sönke-Nissen-Koog
<i>F. graminearum</i>	74,3		102,8	56,5	58,0	70,3	56,1	64,4
<i>F. culmorum</i>	223,7		130,2	322,9	118,7	277,4	204,6	265,2
<i>F. poae</i>	5,8		2,2	6,5	2,8	5,6	3,9	4,2
<i>F. avenaceum</i>	15,0		12,7	32,0	11,8	26,5	19,0	13,6
<i>F. langsethiae</i>	2,3		3,0	1,3	2,8	2,8	2,5	1,7
<i>F. equiseti</i>	1,1		1,0	4,7	0	0	0	1,3
<i>F. sporotrichioides</i>	0		0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	3,2		4,0	1,9	1,3	0,8	2,2	2,1
<i>F. verticillioides</i>	0		0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0		0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0		0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0		0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0		0	0	0	0	0	0

Tab. 5: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Erntegut des Winterweizens der unbehandelten Kontrolle der Sorte Ritmo im überregionalen IPS-Winterweizen-Monitoring Schleswig-Holstein 2012

<i>Fusarium</i> -Art	Barlt	Birkenmoor	Elskop	Futterkamp	Kastorf	Kluvensiek	Loit	Sönke-Nissen-Koog
<i>F. graminearum</i>	35,7	17,5	80,4	35,8	26,4	18,9	26,8	25,7
<i>F. culmorum</i>	25,7	9,6	61,9	29,7	32,9	12,0	211,3	137,8
<i>F. poae</i>	8,0	2,7	9,2	6,6	9,7	4,2	3,1	4,5
<i>F. avenaceum</i>	16,1	22,5	14,7	18,9	10,5	12,5	37,4	29,1
<i>F. langsethiae</i>	6,3	3,0	8,9	6,6	5,0	3,4	3,9	4,4
<i>F. equiseti</i>	0	0,8	0	0	0	0	1,9	0,5
<i>F. sporotrichioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	4,0	1,8	4,9	3,2	3,0	1,7	2,0	1,4
<i>F. verticillioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 6: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2011

<i>Fusarium</i> -Art	Cecilienkoog	Dreisdorf	Futterkamp	Hemdingen	Krumstedt	Osterrönfeld	Schuby	Tolk	Wallsbüll	Wotersen
<i>F. graminearum</i>	901,7	694,8	379,5	91,1	78,8	133,5	351,5	482,3	208,7	444,1
<i>F. culmorum</i>	292,8	275,1	291,7	93,2	69,0	175,9	277,4	269,8	248,0	251,6
<i>F. poae</i>	319,4	164,2	83,0	14,0	7,8	46,0	83,0	91,0	80,0	169,0
<i>F. avenaceum</i>	116,8	92,2	77,5	22,0	22,7	53,0	90,3	98,9	90,5	58,0
<i>F. langsethiae</i>	2,3	2,2	2,7	1,3	0,3	0,3	0,8	1,1	0,2	5,9
<i>F. equiseti</i>	2,8	6,0	3,3	19,2	3,5	6,9	10,4	7,4	9,4	8,8
<i>F. sporotrichioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	9,1	4,4	1,3	0,3	0,2	0,2	2,2	0,4	1,4	0,3
<i>F. verticillioides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Tab. 7: Befallsstärken der nachgewiesenen *Fusarium*-Arten (dargestellt als Verhältnis der *Fusarium*-DNA zur Pflanzen-DNA in ‰) im Silomaiserntegut der Sorte Lorado im überregionalen Mais-Monitoring Schleswig-Holstein 2012

<i>Fusarium</i> -Art	Cecilienkoog	Dreisdorf	Futterkamp	Hemdingen	Krumstedt	Osterrönfeld	Schuby	Tolk	Wallsbüll	Wotersen
<i>F. graminearum</i>	71,0		60,3	57,7	21,4	54,5		30,0	13,5	58,4
<i>F. culmorum</i>	62,5		21,5	16,4	11,8	27,0		8,4	7,9	70,0
<i>F. poae</i>	113,0		94,3	12,6	46,9	17,9		38,3	13,9	37,5
<i>F. avenaceum</i>	139,0		57,0	63,6	47,6	73,2		76,0	40,2	88,9
<i>F. langsethiae</i>	0,2		0,5	1,0	0,3	0,4		0,4	0,6	0,2
<i>F. equiseti</i>	4,7		2,4	2,8	3,7	0,5		0,5	0,6	0,3
<i>F. sporotrichioides</i>	0		0	0	0	0		0	0	0
<i>F. tricinctum</i>	1,5		0,7	0,3	0,6	0,0		0,6	0,4	0,2
<i>F. verticillioides</i>	0		0	0	0	0		0	0	0
<i>F. proliferatum</i>	0		0	0	0	0		0	0	0
<i>F. subglutinans</i>	0		0	0	0	0		0	0	0
<i>F. venenatum</i>	0		0	0	0	0		0	0	0
<i>F. oxysporum</i>	0		0	0	0	0		0	0	0

Danksagung

Mein aufrichtiger Dank gilt meinem Doktorvater Prof. Dr. J.-A. Verreet, der mir mit der Möglichkeit am Institut für Phytopathologie meine Promotion anzufertigen zu dürfen, einen großen Wunsch erfüllt hat. Für sein in mich gestztes Vertrauen sowie den großen gewährten Freiraum bei der Bearbeitung des Projektes möchte ich mich ganz besonders bedanken.

Des Weiteren danke ich Herrn Dr. Holger Klink für seine konstruktive Kritik sowie stetige Diskussions- und Hilfsbereitschaft. Herrn Dr. Jürgen Knott danke ich für die Unterstützung im analytischen Bereich.

Ein herzliches Dankeschön geht an die Mitarbeiter der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein (Abteilung Pflanzenschutz und Pflanzenbau) für die stets freundliche und entgegenkommende Zusammenarbeit.

Der Stiftung Schleswig-Holsteinische Landschaft möchte ich für die finanzielle Unterstützung ganz herzlich danken.

Ein großer Dank gilt Bettina, Susanne K., Susanne H., Michael und Frau Ulrich, die meine Arbeit stets hilfsbereit unterstützt haben.

Meinen Kondoktoranden Wanja, Christiane, Christoph, Georg, Barah, Gesine, Kathrin, Franziska, Wolfgang, Henning und Nina danke ich hezlich für die gute und freundschaftliche Zusammenarbeit. Besonderer Dank gilt meinem Kondoktoranden Christian, der mich im Rahmen des gemeinsam betreuten IPS-Winterweizen-Monitorings Schleswig-Holstein stets konstruktiv unterstützt hat und jederzeit mit Rat und Tat zur Seite stand.

Nicht unerwähnt dürfen die langjährigen HIWI´s Lena Nicke und Julia Gifhorn bleiben, deren Fleiß und Zuverlässigkeit wesentlich zum gelingen dieser umfangreichen Arbeit beigetragen haben. Dafür herzlichen Dank.

Meinen Eltern und meinen Schwestern Ines und Lia danke ich für die stetige Unterstützung und Motivation während meines gesamten Studiums und der Promotionszeit.

Curriculum vitea

Persönliche Daten:

Name: Tim Birr
Anschrift: Schütterwiese, 24327 Blekendorf
Geburtsdatum: 16.09.1980
Geburtsort: Eutin
Familienstand: ledig
Staatsangehörigkeit: deutsch

Schulischer Werdegang:

1987 bis 1991 Grundschule Blekendorf
1991 bis 2001 Schulzentrum Hoffmann von Fallersleben zu Lütjenburg
Schulabschluss: allgemeine Hochschulreife

Wehrdienst:

09/2001 bis 09/2003 Zeitsoldat; Ausbildung zum Reserveoffizier

Hochschulausbildung/Promotion:

10/2003 bis 03/2008 Bachelorstudium der Agrarwissenschaften, Fachrichtung
Nutzpflanzenwissenschaften, Christian-Albrechts-Universität
zu Kiel
03/2008 Abschluss Bachelor of Science
Titel der Bachelorthesis: "Netzfleckenkrankheit der Gerste-
Biologie und Bekämpfung"
04/2008 bis 07/2010 Masterstudium der Agrarwissenschaften Fachrichtung
Nutzpflanzenwissenschaften, Christian-Albrechts-Universität
zu Kiel
07/2010 Abschluss Master of Science
Titel der Masterthesis: "Epidemiologie und Ertragsrelevanz von
Weizenpathogenen in Schleswig-Holstein 2009 und Effekte
einer schwellenorientierten Bekämpfung auf die Populations-
und Schadensdynamik"
08/2010 bis 11/2013 Promotionsstudium, Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

Ausbildung und Beschäftigungen:

2004 bis 2008 jährlich wiederkehrende dreimonatige Praktika auf landwirt-
schaftlichen Betrieben in Schleswig-Holstein
10/2006 bis 03/2007 Erlangung der Ausbildereignung für den Beruf Landwirt nach
§ 67 AEVO (Ausbildereignungsverordnung)
04 bis 08/2009, wissenschaftliche Hilfskraft am Institut für Phytopathologie
04 bis 07/2010 der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
08/2010 bis 11/2013 wissenschaftlicher Mitarbeiter am Institut für Phytopathologie
der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel