

**Nachweis von Fumonisin-Biosynthesegenen  
in *Fusarium proliferatum*-Isolaten aus Spargel (*Asparagus officinalis* L.)**

O. Martinez, I. Schadock, S. von Barga, M. Goßmann und C. Büttner

Humboldt-Universität zu Berlin, Institut für Gartenbauwissenschaften,

Fachgebiet Phytomedizin, Lentzeallee 55 – 57, 14195 Berlin

phytomedizin@agrار.hu-berlin.de

*Fusarium proliferatum* ist ein bodenbürtiger Pilz, der weltweit an Spargel (*Asparagus officinalis* L.) als mitverursachendes Pathogen der Wurzel- und Kronenfäule gilt. *F. proliferatum* zählt zu den potentiellen Mykotoxinbildnern und bildet u. a. das Toxin Fumonisin B<sub>1</sub>. 2001 konnte in Deutschland erstmals eine natürliche Kontamination von Spargelstangen nach der Stechperiode mit diesem als kanzerogen geltenden Mykotoxin festgestellt werden [1]. Im Jahr 2003/04 wurde eine natürliche Kontamination an Spargelstangen österreichischer Anbaugelände während der Ernteperiode von Mai bis Juni nachgewiesen [2]. Aus diesen Erntestangen wurden *F. proliferatum* Isolate gewonnen, welche mit Hilfe molekularer Fingerprint-Techniken untersucht wurden. Dabei konnte eine genetische Heterogenität innerhalb der *F. proliferatum*-Isolate festgestellt werden. Genetisch unterschiedliche *F. proliferatum* Isolate wurden auf die Fumonisin-Bildung untersucht, indem die Gene für die initialen Enzyme des Fumonisin-Biosyntheseweges mittels PCR aus DNA und RNA-Ebene nachgewiesen wurden. Dabei gelang sowohl der Nachweis des *fum1*-Gens, welches für eine Polyketid-Synthase kodiert, als auch des *fum8*-Gens (Aminoacyltransferase) in diesen Pilzisolaten nach *in vitro* Kultur in PD-Medium. Weiterhin wurden die entwickelten *fum1*- und *fum8*-Primer dazu benutzt, die Expression dieser Gene mittels RT-PCR in *F. proliferatum* nachzuweisen und Teilbereiche exonkodierter cDNA zu sequenzieren. Gleichzeitig gelang es bei Pathogenitätsuntersuchungen von Spargeljungpflanzen, die mit *Fusarium proliferatum*-Isolaten infiziert worden waren, nachzuweisen, dass das Mykotoxin FB<sub>1</sub> bereits in den Wurzeln gebildet werden kann. Ziele zukünftiger Untersuchungen sind die Sequenzierung weiterer Bereiche der *fum1*- und *fum8*-Gene, sowie die Etablierung einer nested RT-PCR zum direkten Nachweis der Expression dieser essentiellen Gene der Fumonisin-Biosynthese *in vivo* an infizierten Spargelpflanzen.