Abschlussbericht

Zuwendungsempfänger: KWS LOCHOW GMBH Ferdinand-von-Lochow Str.5 29303 Wohlde/Bergen	**Förderkennzeichen: 28AIN02G20**
Vorhabenbezeichnung: Monitoring der Fusariumarten und Entwicklung genomischer Werkzeuge zur effektiveren Züchtung von Saathafer (FUGE) - Teilprojekt A	
Laufzeit des Vorhabens: 15.12.2020 bis 14.06.2024	
Berichtszeitraum: 15.12.2020 bis 14.06.2024	

II. Eingehende Darstellung

1. Durchgeführte Arbeiten

Das Verbundprojekt im Projekt FUGE bestand aus fünf Forschungspartnern und drei Pflanzenzüchtungsunternehmen sowie administrativer Unterstützung durch die GFPi und hatte eine Reihe von Haupt- und Nebenzielen, die vier Arbeitspaketen zugeordnet waren, wie im Folgenden beschrieben.

Arbeitspaket 1 (AP1) Monitoring und Detoxifikation (GAU, Züchter)

Von 25 Prüforten der Länderdienststellen, Bundessortenamt und Züchtern wurden Kornproben der Sorte Max aus unbehandelten Versuchen der Jahre 2020, 2021 und 2022 eingeschickt und in Göttingen auf Fusariumbefall und Mykotoxingehalt untersucht. Dabei wurde primär die in der Arbeitsgruppe vor kurzem etablierte DNA-analytische Methode genutzt, die auf der Analyse von hochauflösenden Schmelzkurven von PCR-Amplifikaten basiert (Schiwek *et al.*, 2020). Die Biomasse von den im Pflanzenmaterial identifizierten Fusarium-Arten wurde mit Hilfe von qPCR-Tests bestimmt (Brandfaß und Karlovsky 2006; Brandfaß und Karlovsky 2008; Nutz *et al*. 2011; Beule *et al*. 2019). Verglichen mit der Gewinnung und taxonomischen Bestimmung von Reinkulturen, die im vorausgegangenen Monitoring eingesetzt wurde, reduziert diese Strategie deutlich den Stichprobenfehler, der ansonsten durch die hohe Probenzahl und begrenzte Laborkapazität bedingt wäre. Für die Gewinnung von Reinkulturen und als Kontrolle werden aus ausgewählten Proben nach einer Oberflächensterilisation durch Auslegen auf teilweise selektive Nährmedien Einzelkolonieisolate gewonnen (Winter *et al*. 2013) und anhand der Sporenmorphologie taxonomisch charakterisiert (Leslie & Summerell,

2006). Neben mikromorphologischen Untersuchungen und artspezifischer PCR wird bei Bedarf der taxonomisch informative Bereich des Gens *tef*1_ sequenziert (Pfordt *et al*. 2020).

Zur Bestimmung der Detoxifikation von DON wurden in Anlehnung an die Arbeiten von Tucker *et al*. (2019) von den 25 Sorten von AP 2 an einem ausgewählten Standort jeweils Kornproben zur Teigreife und zur Vollreife auf Toxingehalte mittels HPLC-MS/MS (Beule *et al*. 2019) untersucht. Die Konzentration von DON und DON3G gibt Auskunft über Unterschiede in der Glykosylierung von DON in den untersuchten Sorten. Ausgewählte Proben mit hohem NIV-Gehalt wurden außerdem auf NIV-Glycosid untersucht.

Arbeitspaket 2 (AP 2) Kreuzresistenz und Trichomtypen (JKI, Züchter, GAU)

Für die Resistenzprüfung mit den drei Arten *F. graminearum, F. sporotrichioides* und *F. poae* wurden 25 Sorten über zwei Jahre an vier Standorten geprüft, jeweils als Blockanlage mit drei Wiederholungen für jede der drei Fusariumarten. Von jeder der drei Arten wurden verschiedene Isolate mit definiertem Chemotyp bei der Inokulation eingesetzt. Bei der Sortenauswahl wurde auf annähernd gleiche Wuchshöhe und Blühzeit geachtet, um Effekte seitens dieser Merkmale auf die Infektionsstärke, gemessen an der Pilz-DNA-Menge, zu minimieren. Da über den Infektionsweg von *F. poae* wenig bekannt und nicht sicher war, ob *F. poae* wie *F. graminearum* und *F. sporotrichioides* bevorzugt über die Blüte infiziert, wurde die Spreuinokulation angewendet, wodurch ein Inokulumdruck von der Bestockung bis zur Reife erzeugt wird. Zu diesem Zweck wurden von jeder Fusariumart jeweils 10 g je m^2 inokulierte Haferkörner in den Prüfparzellen in BBCH30 verteilt. Die Parzellen wurden mittels Mähdrusch geerntet und von den grob gereinigten Kornproben wurde über artspezifische qPCR die Pilz-DNA-Menge bestimmt (GAU, Prof. Karlovsky). Von einem Teil der Proben wurde über HPLC-MS/MS der Mykotoxingehalt zum Vergleich mit der Pilz-DNA-Menge bestimmt. Von ausgewählten resistenten (z. B. Keely, Odal, Zorro, Schenkenfeldener) und anfälligen Sorten (z. B. Bessin, Scorpion, Poseidon, Winterhafersorten) wurden ferner die Trichomtypen und die Trichomdichte an den Blättern und den Deck- und Vorspelzen (Unter- und Oberseite sowie Ränder) in Anlehnung an die Methoden bei Imboden *et al*. (2018) und Duba *et al*. (2019) mikroskopisch untersucht, um Unterschiede zu finden und den Zusammenhang zu Resistenzunterschieden zu prüfen.

Arbeitspaket 3 (AP3) Genomsequenzierung und Genomannotation (IPK, HMGU)

Im Rahmen des FUGE-Projektes sollten für moderne deutsche Hafersorten und eine Winterhafersorte (Delfin, Lion und Rhapsody) Referenzgenomsequenzen erstellt werden. Die noch junge Sorte Delfin aus dem Zuchtprogramm der Nordsaat verfügt aktuell über das höchste Ertragspotenzial bei sehr guten Qualitätseigenschaften im deutschen Sortiment sowie eine stabile Mehltauresistenz, die aus einer diploiden Wildart eingekreuzt wurde. Bei der Sorte

Lion, 2018 in Deutschland zugelassen, liegt eine besonders deutliche positive Transgression für geringen Spelzenanteil vor, bei zugleich sehr guten anderen agronomischen Eigenschaften und einer hohen genetischen Divergenz zu Delfin. Da Lion aus Kreuzungen mit Max stammt schließt sie den Hafergenpool der Saatzucht Bauer in Teilen mit ein. Mit der dritten Sorte Rhapsody wird eine zu den beiden Sommerhafersorten sehr divergente Sorte sequenziert. Mitteleuropäisches Hafermaterial ist bislang nicht Teil der geplanten Sequenzierungsauswahl im internationalen PanOat Genomprojekt. Die Integration dieser Sorten in das internationale Sortiment ermöglicht die vergleichende Analyse und erschließt das genetische Potential dieser Haferlinien. Die Genomsequenzierung der Hafersorten erfolgte nach der TRITEX-Methode (Monat *et al*. 2018). Anschliessend wurden die Daten zur Annotation von genetischen Elementen aller Genomassemblies aus PanOat am Helmholtz Zentrum München (PGSB, Dr. Manuel Spannagl), verwendet. Die Arbeiten zur Annotation der im Projekt entstehenden Genomsequenzen umfasste die Vorhersage von proteinkodierenden Genen wie auch von repetitiven Elementen und Transposons. Die vergleichenden Analysen auf der Ebene von annotierten Genomsequenzen erlaubten Einsichten in strukturelle Variation (z.B. Translokationen und Inversionen), genische Kopienzahlvariation und das mögliche Vorhandensein von Introgressionen aus verwandten Wildarten.

Arbeitspaket 4 (AP4) Phase I eines RGS-Programms (JKI, JLU, Züchter)

Für diese erste Phase wurden aus einem Kreuzungsprogramm zwischen 5 resistenten, zum Teil älteren Sorten, und 5 Leistungseltern Nachkommen erzeugt, die zunächst (Vorarbeit JKI) zur F4 über Speedbreeding entwickelt wurden. Die F5 aus der Einzelpflanzenernte der F4 wurde im Winter 2020/21 auf Teneriffa als Vorleistung der Nordsaat vermehrt und 2021 einortig auf Ertrag geprüft und zugleich vermehrt. Parallel dazu erfolgte 2021 die erste zweiortige Prüfung der Fusariumresistenz (KWL, SZB) von 250 F6-Linien. An den daraus geernteten Proben wurden die Gehalte an DON und T-2 mittels ELISA bestimmt. Diese Prüfung der Fusariumresistenz und Mykotoxinbestimmung wurde 2022 an vier Orten wiederholt. Die ELISA wurden im Nordsaat-Labor durchgeführt, da dort die größte Erfahrung mit hochkontaminierten Proben und der Probenaufbereitung vorliegt. Neben der Fusariumresistenz wurden agronomische Eigenschaften der 250 Linien in 2022 an Standorten der beteiligten Zuchtunternehmen (SZB, KWL, NOSA) und des JKI geprüft. In 2022 wurden die 250 F7 in der Arbeitsgruppe von Martin Mascher (IPK) via Genotyping by Sequencing genotypisiert. Die in den Prüfungen 2021 und 2022 gewonnenen phänotypischen Daten wurden mit den genomischen Daten zusammen zur genomweiten Effektschätzung in der aus den 250 Inzuchtlinien bestehenden Basispopulation genutzt. Die Effektschätzung wurde für jedes der erhobenen agronomischen Merkmale, insbesondere für den Ertrag, sowie für die Fusariumresistenz und die Mykotoxinbelastung durchgeführt. Diese Berechnungen erfolgten

an der Justus-Liebig-Universität Gießen in Kooperation mit Prof. Matthias Frisch und Frau Dr. Zenke-Philippi, die das Projekt als assoziierte Partner ohne Förderung begleiten. Anschließend wurden die geschätzten Markereffekte verwendet, um die aussichtsreichsten Kreuzungen zu identifizieren. Mit Hilfe von Computersimulationen wurde zunächst die den größten Erfolg versprechende Kreuzungs- und Selektionsstrategie ermittelt. Basierend auf den errechneten Ergebnissen wurde ein erneutes Kreuzungsprogramm unter den aussichtsreichen F8-Linien erstellt. Die Kreuzungen wurden 2023 ausgeführt (JKI) und stellen den Ausgangspunkt für den nächsten Zyklus der rekurrenten genomischen Selektion dar, die im Rahmen eines Folgeprojektes fortgesetzt werden sollen.

2. Verwendung der Zuwendung und erzielte Ergebnisse

Wie die anderen beteiligten Zuchtunternehmen war die KWS LOCHOW GmbH (KWL) an den folgenden Arbeitspaketen beteiligt:

- AP2 zur Kreuzresistenz von 25 vorselektierten Hafersorten auf die drei Fusarium-Arten *graminearum, F. poae* und *F. sporotrichioides*
- AP4 zur Rekurrenten Genomischen Selektion

AP2 Aktivitäten

Entsprechend dem finanziellen Zwischennachweis beliefen sich die Kosten der geplanten Arbeiten bei KWS-L auf insgesamt 66.046,92€ wovon je 50% aus Bundesmitteln bzw. als Eigenanteil finanziert wurden. Die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises der KWS-L entstanden aus Kosten für die Durchführung der umfangreichen Feldversuche sowie deren Auswertung, ausschließlich Personalkosten und ein geringer Anteil an Reisekosten.

Für die Ermittlung möglicher Kreuzresistenzen der 25 Hafersorten gegenüber *Fusarium graminearum, F. poae* und *F. sporotrichioides* wurden in Wohlde jeder Genotyp in Form von 6er Reihen mit 115 cm Länge ausgedrillt. Die Mikroparzellen erlauben eine maschinelle Ernte im Gegensatz zum Sicheln oder der Einzelrispen-Ernte, die sich in früheren Arbeiten des JKI als statistisch weniger tauglich erwiesen hatte. Um die maschinelle Ernte und die klare Trennung zwischen den Mikroparzellen bei der Ernte zu garantieren wurde ein etwas größerer Abstand zwischen den Parzellen belassen. Ebenfalls wurde ein Mindestabstand von 10 m zwischen den verschieden inokulierten Parzellen gewährt, um eine Vermischung der Fusarium-Arten zu vermeiden. Die 25 Genotypen wurden nach vorgegebener Randomisierung ausgebracht, so dass jeder der 25 Genotypen 3-fach je Inokulierung mit einem der drei Fusarium-Arten am Standort Wohlde vorhanden war.

Abb. 1 Inokulationsblock für AP2

Abb.1 Blick auf die 3-fach wiederholten 25 Genotypen im Entwicklungsstadium wenige Tage vor der Inokulation mit einem der drei Fusariumarten. Links und rechts am Bildrand sind die beiden anderen Blöcke erkennbar, die mit den anderen beiden Fusariumarten inokuliert wurden.

Abb. 2 Inokulation der Versuchsparzellen

Abb.2 Tatsächliche Inokulation der Parzellen durch Mitarbeiter des JKI, die definierte Mengen an myzel-infizierten Getreidekörnern zwischen die Parzellen streuen.

Dieselben Versuche wurden in Wohlde für zwei Vegetationsperioden angelegt, 2021 und 2022. Alle Parzellen wurden maschinell mit dem Drescher geerntet und nach Groß Lüsewitz versendet. Jedes Jahr wurden so 225 Proben für AP2 generiert, die dann vom JKI und

Universität Göttingen zur Bestimmung des Infektionsgrades und der Toxinbildung untersucht wurden. Die entsprechenden Messwerte zum Pilzbefall des Ernteguts aller Standorte und Jahre finden sich im Bericht des JKI.

In den beiden Jahren 2021 und 2022 gab es starke Unterschiede hinsichtlich der klimatischen Bedingungen am Standort Wohlde und den meisten Regionen in Deutschland. Während es in 2021 kurz nach der Inokulation regnete und es so zu einer guten Infektion der Pflanzenbestände kam, war die Sommersaison in 2022 sehr trocken und mehrere Wochen nach Inokulation kam es zu keinem wesentlichen Niederschlag.
Der Niederschlag in 2022 betrug etwa ¾ der für die Region üblichen Menge, 570 mm anstelle von 730 mm. Bei den stark sandigen Böden mit sehr niedriger Wasserhaltekapazität führte dies bei allen Kulturen zu Trockenstress. Besonders waren die Sommerfrüchte betroffen, die den Wassermangel früh in der Entwicklungsphase erfuhren.
Die unterschiedlichen klimatischen Bedingungen in den beiden Jahren spiegelten sich auch in den Messungen der Fusariumkonzentration in dem Erntegut wieder. Diese Erfahrung bestätigt wie wichtig mehrjährige Versuche unter natürlichen Bedingungen sind, nicht nur aus statistischen Gründen sondern überhaupt, um ein Gelingen der Feldversuche zu garantieren.
In 2022 kam es zu einem Drillfehler, der aber mittels Genotypisierungen des Ernteguts aufgeklärt werden konnte. Diese Arbeiten wurden aus KWS-Eigenmitteln finanziert.

AP4 Aktivitäten

Zeitgleich mit dem Material für die Kreuzresistenz in AP2 wurden in 2021 und 2022 auch die Kreuzungsnachkommen für die rekurrente Genomische Selektion ausgesät. Dabei handelte es sich in 2021 um 225 Genotypen bzw. 250 Genotypen in 2022, die je in zwei Wiederholungen als Mikroparzellen (6er Reihen zu je 115 cm Länge) ausgesät wuden und mit einer Mischung der beiden Fusarium-Arten *F. poae* und *F. sporotrichoides* inokuliert wurden. Die unterschiedliche Anzahl an Genotypen in 2021 und 2022 war der geringeren Verfügbareit an Saatgut in 2021 geschuldet.

Abb. 3 Mikroparzellen der Population zur Verwendung in der rekurrenten Genomischer Selektion für Fusarium-Resistenz

Insgesamt zeigte sich der Hafer am Standort Wohlde als sehr gesund und robust; keine Schäden durch biotische oder abiotische Faktoren waren offensichtlich. Lager trat nur in sehr wenigen Fällen auf (3%).

In 2021 war der Befall im Erntegut aus AP2 und AP4 Material und die Entwicklung von Fusarium-Myzel und Toxin deutlich nachweisbar (siehe Bericht der Projektpartner JKI und der Univ. Göttingen), was zeigt, dass allein durch eine Feldbonitur Fusarium nicht wirklich bewertet werden kann und es molekularer und weiterer Labor-Analysen bedarf, um resistentes Material gegen diese Krankheiten zu identifiziern und züchterisch zu nutzen.

Wie in AP2 wurden auch in AP4 alle Mikroparzellen jedes Jahr komplett geerntet und das Erntegut, zusammen mit phenologischen Daten in elektronischer Form, an den Projektpartner JKI, Groß Lüsewitz, versendet. Eine Zusammenfassung der Infektions- und Toxin-Auswertung findet sich im Bericht des JKI und der Universität Göttingen.

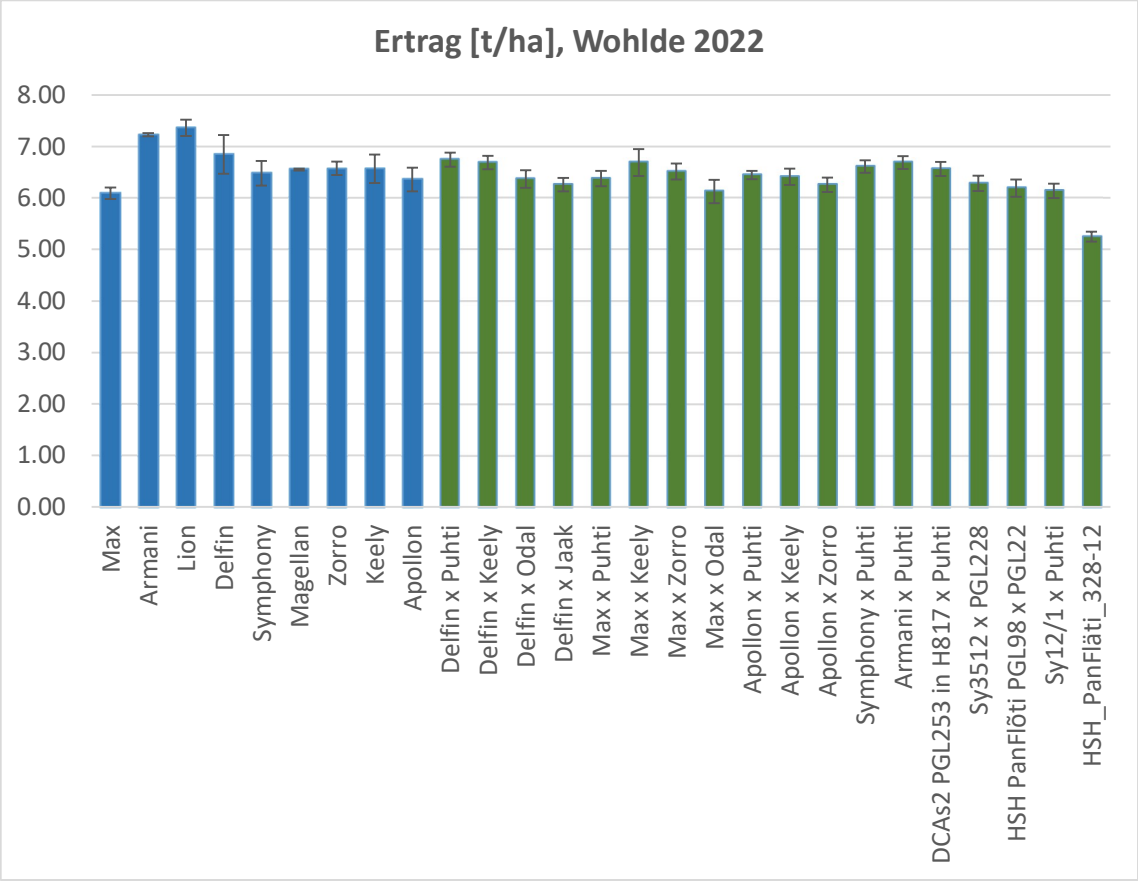
Abb. 4 Ertragsparzellen der 2x 250 Genotypen in AP4 im frühen Stadium der Abreife mit deutlich sichtbarer Variation in Reife, Wuchshöhe und auch Kornfärbung, 12.07.2022

Die 250 Genotypen, die in Mikroparzellen zur Untersuchung der Resistenzen ausgesät wurden, wurden auch für Ertragsmessungen ausgesät, ebenfalls in Wiederholung, insgesamt 2x 250 Ertragsparzellen (Abb. 4). Die Aussaat und Ernte verlief nach Plan. Das Material wurde zeitgleich mit den Inokulationsexperimenten geerntet, das Parzellengewicht erfaßt und die Daten dem JKI übermittelt.

Das geerntete Material in AP2 sowie aus den Inokulationen des Materials in AP4 wurden am Ende jeder Saison an das JKI versand. Die Felddaten der Ertragsversuche in AP4 wurden ebenfalls an den Partner JKI weitergegeben zur Verrechnung mit den Versuchen an den anderen Standorten; über die Ergebnisse wird im Abschlussbericht des Projektkoordinators (JKI) berichtet.

Trotzdem hier eine vereinfachte Übersicht der adjustierten Ertragswerte (t/ha) in Abb.5 wobei die Kontrollen (Hafersorten), die z.T. auch Eltern der Linien in AP4 sind, sowie die Mittelwerte der verschiedenen Kreuzungsfamilien mit jeweils demselben Pedigree dargestellt sind.

Abb. 5 Mittelwerte der Erträge (t/ha) Familien mit demselben Pedigree sowie der reinen Sorten, Standort Wohlde in 2022; jede der 250 Linien wurde wiederholt am Standort angebaut.



3. Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Arbeit

Die Förderung zur Durchführung dieses Verbundvorhabens hat zu Ergebnissen geführt, die ein Wirtschaftsunternehmen alleine nicht durchgeführt hätte können. Sowohl der Umfang der Arbeiten als auch die Zusammenarbeit zwischen Industrie und öffentlicher Forschung haben es ermöglicht, dass Untersuchungen durchgeführt werden konnten, die züchterischen Unternehmen in dieser Form nicht zugänglich sind. Durch die Kollaboration zwischen privaten Unternehmen und öffentlichen Instituten, wie der Universität Göttingen und dem JKI in Groß Lüsewitz wurden neue Erkenntnisse für alle Teilnehmer geschaffen.

4. Voraussichtlicher Nutzen im Sinne des Verwertungsplans

Da Hafer zunehmend zur menschlichen Ernährung eingesetzt wird, ist der Ansatz zum besseren Verständnis von Resistenz gegenüber Fusariumbefall bzw. der Toxinbildung sehr zeitgemäß. Hafersorten der Zukunft verfügen idealerweise nicht nur über Resistenz gegenüber einer Fusariumart sondern eine breite Resistenz gegen die Gattung Fusarium.

Die Linien, die in AP4 untersucht wurden, stellen Genetik dar, die für die Nutzung von Zuchtmaterial interessant sein können. In mehrortigen Versuchen wurde das Potential des Materials untersucht und es werden Grundlagen zur Genomischen Selektion geschaffen, beides von Interesse für Zuchtprogramme.

5. Bekanntgewordener Fortschritt bei anderen Stellen

Folgende Veröffentlichungen sind für die Diskussion der Projektergebnisse relevant:

Meyer, Jens Chr., Inga Hennies, Detlev Wessels & Karin Schwarz (2021): Survey of mycotoxins in milling oats dedicated for food purposes between 2013 and 2019 by LC–MS/MS, Food Additives & Contaminants: Part A, DOI: 10.1080/19440049.2021.1950931

Edwards, S.G., and Stancic, T. (2022) Susceptibility of UK oat (*Avena sativa*) varieties to infection by Fusarium species and subsequent HT-2 and T-2 toxin contamination. Plant Breed. 2022; 1–7. https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbr.13067

Daud, N., Currie, V., Duncan, G., Filipe, J.A.N., Yoshinari, T., Stoddart, G., Roberts, D., Gratz, S.W. (2023). Free and Modified Mycotoxins in Organic and Conventional Oats (Avena sativa L.) Grown in Scotland. TOXINS, 15(4), 247. DOI:10.3390/toxins15040247

Khairullina, A.; Micic, N.; Jørgensen, H.J.L.; Bjarnholt, N.; Bülow, L.; Collinge, D.B.; Jensen, B. Biocontrol Effect of Clonostachys rosea on Fusarium graminearum Infection and Mycotoxin Detoxification in Oat (Avena sativa). Plants 2023, 12, 500. DOI:10.3390/plants12030500

Robinson KA, St-Jacques AD, Shields SW, Sproule A, Demissie ZA, Overy DP, Loewen MC. Multiple Clonostachys rosea UDP-Glycosyltransferases Contribute to the Production of 15-Acetyl-Deoxynivalenol-3-O-Glycoside When Confronted with Fusarium graminearum. J Fungi (Basel). 2023 Jul 2;9(7):723. DOI:10.3390/jof9070723.

Gil-Serna, J., Patiño, B., Verheecke-Vaessen, C., Vázquez, C., & Medina, Á. (2022). Searching for the Fusarium spp. Which Are Responsible for Trichothecene Contamination in Oats Using Metataxonomy to Compare the Distribution of Toxigenic Species in Fields from Spain and the UK. Toxins, 14(9), 592. DOI:10.3390/toxins14090592

Hofgaard, I. S., Brodal, G., Almvik, M., Lillemo, M., Russenes, A. L., Edwards, S. G., & Aamot, H. U. (2022). Different Resistance to DON versus HT2 + T2 Producers in Nordic Oat Varieties. Toxins, 14(5), 313. DOI:10.3390/toxins14050313

Kuchynková, H., Pexová Kalinová, J. Influence of variety and growing conditions on *Fusarium* occurrence, mycotoxicological quality, and yield parameters of hulled oats. *CEREAL RESEARCH COMMUNICATIONS* **49**, 577–585 (2021). https://doi.org/10.1007/s42976-021-00133-5

Khanal, R.; Hudson, K.; Foster, A.; Wang, X.; Brauer, E.K.; Witte, T.E.; Overy, D.P. Pathogenicity and Metabolomic Characterization of *Fusarium graminearum* and *Fusarium poae* Challenge in Barley under Controlled Conditions. *J. Fungi* **2024**, *10*, 670. https://doi.org/10.3390/jof10100670

Mesterhazy, A. What Is Fusarium Head Blight (FHB) Resistance and What Are Its Food Safety Risks in Wheat? Problems and Solutions—A Review. Toxins 2024, 16, 31. https://doi.org/10.3390/toxins16010031

Meyer, Jens C., Tim Birr, Inga Hennies, Detlev Wessels & Karin Schwarz (2022) Reduction of deoxynivalenol, T-2 and HT-2 toxins and associated Fusarium species during commercial and laboratory de-hulling of milling oats, Food Additives & Contaminants: Part A, 39:6, 1163-1183, DOI: 10.1080/19440049.2022.2059576

6. Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen der Ergebnisse

Von seitens KWS-L planen wir keine Veröffentlichungen. Veröffentlichungen unter Nutzung unserer Ergebnisse aus AP2 und AP4 sind aber unter Federführung des Projektkoordinators zu erwarten, der die verschiedenen Daten aller Standorte zur Verfügung hat.

Literatur

Alassane-Kpembi, I.; Schatzmayr, G.; Taranu, I.; Marin, D.; Puel, O.; Oswald, I.P. (2017). Mycotoxins co-contamination: Methodological aspects and biological relevance of combined toxicity studies. Crit. Rev. Food Sci. Nutr., 57, 3489–3507.

Arruda M. P.. A. E. Lipka; P. J. Brown; A. M. Krill; C. Thurber; G. Brown-Guedira; Y. Dong; B. J. Foresman; F. L. Kolb (2016). Comparing genomic selection and marker-assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat (Triticum aestivum L.).Molecular Breeding, 2016, Volume 36, Number 7, Page 1

Beule, L., Lehtsaar, E., Rathgeb, A., and Karlovsky, P. (2019). Crop diseases and mycotoxin accumulation in temperate agroforestry systems. Sustainability 11, 2925.

Bjørnstad Å, He X, Tekle S, Klos K, Huang Y, Tinker NA, Dong Y, Skinnes H (2017). Genetic variation and associations involving Fusarium head blight and deoxynivalenol accumulation in cultivated oat (Avena sativa L.). Plant Breed 136:620–636. https://doi.org/10.1111/pbr.12502

BLE 2019 Bericht zur Markt- und Versorgungslage, Getreide 2019, https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/Landwirtschaft/KritischeInfrastrukturenLandwirtschaft/MarktVersorgung/BerichtGetreide2016.pdf?__blob=publicationFile&v=3

Brandfass, C., and Karlovsky, P. (2006). Simultaneous detection of Fusarium culmorum and F. graminearum in plant material by duplex PCR with melting curve analysis. BMC Microbiology 6, 4.

Brandfass, C.; Karlovsky, P. (2008). Upscaled CTAB-based DNA extraction and real-time PCR assays for Fusarium culmorum and F. graminearum DNA in plant material with reduced sampling error. Int. J. Mol. Sci. 9, 2306–2321, doi:10.3390/ijms9112306.

Daud, N., Currie, V., Duncan, G., Filipe, J.A.N., Yoshinari, T., Stoddart, G., Roberts, D., Gratz, S.W. (2023). Free and Modified Mycotoxins in Organic and Conventional Oats (Avena sativa L.) Grown in Scotland. TOXINS, 15(4), 247. DOI:10.3390/toxins15040247

Divon, H. H., Razzaghian, J., Udnes-Aamot, H. & Klemsdal, S.S. (2012). Fusarium langsethiae (Torp and Nirenberg), investigation of alternative infection routes in oats. European Journal of Plant Pathology, 132, 147-161.

Divon, H. H.; L. Bøe, M.M.N. Tveit, and S.S. Klemsdal. (2019). Infection pathways and penetration modes of Fusarium langsethiae. European Journal of Plant Pathology 154 (2):259–271. DOI: 10.1007/s10658-018-01653-3.

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

Edwards, S.G. (2009). Fusarium mycotoxin content of UK organic and conventional oats. Food Additives and Contaminants, 26, 1063–1069.

Edwards, S.G., and Stancic, T. (2022) Susceptibility of UK oat (Avena sativa) varieties to infection by Fusarium species and subsequent HT-2 and T-2 toxin contamination. Plant Breed. 2022; 1–7. https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbr.13067

Edwards, S.G., Barrier-Guillot, B., Clasen, P.E., Hietaniemi, V. & Pettersson, H. (2009). Emerging issues of HT-2 and T-2 toxins in European cereal production. World Mycotoxin Journal, 2, 173–179.

Edwards, S.G., Imathiu, S.M., Ray, R.V., Back, M. & Hare M.C. (2012). Molecular studies to identify the Fusarium species responsible for HT-2 and T-2 mycotoxins in UK oats. International Journal of Food Microbiology, 156, 168–175.

EFSA CONTAM Panel (EFSA Panel on Contaminants in the Food Chain), (2013). Scientific Opinion on risks for animal and public health related to the presence of nivalenol in food and feed. EFSA Journal 2013;11(6):3262, 119 pp. doi:10.2903/j.efsa.2013.3262

Foresman, B.J.; Oliver, R.E.; Jackson, E.W.; Chao, S.; Arruda, M.P.; Kolb, F.L. (2016). Genome-wide association mapping of Barley yellow dwarf virus tolerance in spring oat (Avena sativa L.). PLoS ONE, 11, e0155376.

Gil-Serna, J., Patiño, B., Verheecke-Vaessen, C., Vázquez, C., & Medina, Á. (2022). Searching for the Fusarium spp. Which Are Responsible for Trichothecene Contamination in Oats Using Metataxonomy to Compare the Distribution of Toxigenic Species in Fields from Spain and the UK. Toxins, 14(9), 592. DOI:10.3390/toxins14090592

Gunnaiah, R.; Kushalappa, A.C.; Duggavathi, R.; Fox, S.; Somers, D.J. (2012). Integrated metabolo-proteomic approach to decipher the mechanisms by which wheat QTL (Fhb1) contributes to resistance against Fusarium graminearum. PLoS ONE, 7, e40695.

Hjelkrem, A. G. R., Aamot, H. U., Brodal, G., Strand, E. C., Torp, T., Edwards, S. G., Dill-Macky, R., & Hofgaard, I. S. (2018). HT-2 and T-2 toxins in Norwegian oat grains related to weather conditions at different growth stages. European Journal of Plant Pathology, 151(2), 501–514. https://doi.org/10.1007/s10658-017-1394-3

Hofgaard, I. S., Brodal, G., Almvik, M., Lillemo, M., Russenes, A. L., Edwards, S. G., & Aamot, H. U. (2022). Different Resistance to DON versus HT2 + T2 Producers in Nordic Oat Varieties. Toxins, 14(5), 313. DOI:10.3390/toxins14050313

Imathiu, S.M. (2008). Fusarium langsethiae infection and mycotoxin production in oats. PhD Thesis. Newport: Harper Adams University College.

Imathiu, S.M., Hare, M.C., Ray, R. V., Back, M., & Edwards, S.G. (2010). Evaluation of pathogenicity and aggressiveness of F. langsethiae on oat and wheat seedlings relative to known seedling blight pathogens. European Journal of Plant Pathology, 126, 203–216.

Imathiu, S.M., Ray, R.V., Back, M.I., Hare, M.C. & Edwards, S.G. (2013). A survey investigating the Infection of Fusarium langsethiae and production of HT-2 and T-2 mycotoxins in UK oat fields. Journal of Phytopathology, 161, 553–561.

Janssen, E.M.; Liu, C.; Van der Fels-Klerx, H.J. (2018). Fusarium infection and trichothecenes in barley and ist comparison with wheat. World Mycotoxin J., 11, 33–46.

Jia HY, Zhou JY, Xue SL, Li GQ, Yan HS, Ran CF, Zhang YD, Shi JX, Jia L, Wang X, Luo J, Ma ZQ (2018) A journey to understand wheat Fusarium head blight resistance in the Chinese wheat landrace Wangshuibai. Crop J 6:48–59

Jia Y, Jannink J-L (2012). Multiple-trait genomic selection methods increase genetic value prediction accuracy. Genetics 192:1513–1522. https ://doi.org/10.1534/genet ics.112.14424

Kang Z, Buchenhauer H, Huang L, Han Q, Zhang H: (2008). Cytological and immunocytochemical studies on responses of wheat spikes of the resistant Chinese cv. Sumai 3 and the susceptible cv. Xiaoyan 22 to infection by Fusarium graminearum. European Journal of Plant Pathology. 120: 383-396. 10.1007/s10658-007-9230-9

Kang, Z. & Buchenauer, H. (2000). Cytology and ultrastructure of the infection of wheat spikes by Fusarium culmorum. Mycological Research, 104, 1083–1093.

Kaukoranta, T., Hietaniemi, V., Rämö, S. et al. (2019). Eur J Plant Pathol 155: 93. https://doi.org/10.1007/s10658-019-01752-9

Khairullina, A.; Micic, N.; Jørgensen, H.J.L.; Bjarnholt, N.; Bülow, L.; Collinge, D.B.; Jensen, B. Biocontrol Effect of Clonostachys rosea on Fusarium graminearum Infection and Mycotoxin Detoxification in Oat (Avena sativa). Plants 2023, 12, 500. DOI:10.3390/plants12030500

Khanal, R.; Hudson, K.; Foster, A.; Wang, X.; Brauer, E.K.; Witte, T.E.; Overy, D.P. Pathogenicity and Metabolomic Characterization of *Fusarium graminearum* and *Fusarium poae* Challenge in Barley under Controlled Conditions. *J. Fungi* **2024**, *10*, 670. https://doi.org/10.3390/jof10100670

Klemsdal et al. (2010). Fusarium in oats – infection routes and interaction between species. Report at european oat conference: more oats 1 - 3 september 2010, Ystad, Sweden.

Kuchynková, H., Pexová Kalinová, J. Influence of variety and growing conditions on *Fusarium* occurrence, mycotoxicological quality, and yield parameters of hulled oats. *CEREAL RESEARCH COMMUNICATIONS* **49**, 577–585 (2021). https://doi.org/10.1007/s42976-021-00133-5

Langseth, W. & Rundberget, T. (1999). The occurrence of HT-2 toxin and other trichothecenes in Norwegian cereals. Mycopatholgia, 147, 157-165.

Leslie J.F., B.A. Summerell (2006). The Fusarium Laboratory Manual. Wiley-Blackwell. Oxford, UK, 388 Pages, ISBN: 978-0-813-81919-8.

Liu, W., Langseth, W., Skinnes, H., Elen, O.N. & Sundheim, L. (1997). Comparison of visual head blight ratings, seed infection levels, and deoxynivalenol production for assessment of resistance in cereals inoculated with Fusarium culmorum. European Journal of Plant Pathology 103, 589–595.

Lyagin, I. und Efremenko, E., (2019). Enzymes for detoxification of various mycotoxins: origins and mechanisms of catalytic action. Molecules 2019, 24(13), 2362; https://doi.org/10.3390/molecules24132362

Mesterhazy, A. (2024). What Is Fusarium Head Blight (FHB) Resistance and What Are Its Food Safety Risks in Wheat? Problems and Solutions—A Review. Toxins 16, 31. https://doi.org/10.3390/toxins16010031

Mesterházy, A., (1995). Types and components of resistance against Fusarium head blight of wheat. Plant Breeding 114, 377-386.

Meyer, Jens C., Tim Birr, Inga Hennies, Detlev Wessels & Karin Schwarz (2022) Reduction of deoxynivalenol, T-2 and HT-2 toxins and associated Fusarium species during commercial and laboratory de-hulling of milling oats, Food Additives & Contaminants: Part A, 39:6, 1163-1183, DOI: 10.1080/19440049.2022.2059576

Meyer, Jens Chr., Inga Hennies, Detlev Wessels & Karin Schwarz (2021): Survey of mycotoxins in milling oats dedicated for food purposes between 2013 and 2019 by LC–MS/MS, Food Additives & Contaminants: Part A, DOI: 10.1080/19440049.2021.1950931

Miller, J.D., Young, J.C. & Sampson, R.D., (1985). Deoxynivalenol and Fusarium head blight resistance in spring cereals. Phytopathologishe Zeitschrift, 113, 359–367.

Monat, C., Padmarasu, S., Lux, T. et al. (2019a). TRITEX: chromosome-scale sequence assembly of Triticeae genomes with open-source tools. Genome Biol 20, 284. https://doi.org/10.1186/s13059-019-1899-5

Monat, C., Schreiber, M., Stein, N. et al., (2019b). Prospects of pan-genomics in barley. Theor Appl Genet 132, 785–796. https://doi.org/10.1007/s00122-018-3234-z

Nagashima, H. and H. Nakagawa, (2014). Differences in the toxicities of trichothecene mycotoxins, Deoxynivalenol and nivalenol, in cultured calls. JARQ 48 (4), 393-397

Nutz, S., Doell, K., and Karlovsky, P., (2011). Determination of the LOQ in real-time PCR by receiver operating characteristic curve analysis: application to qPCR assays for Fusarium verticillioides and F. proliferatum. Anal. Bioanal. Chem. 401, 717–726.

Opoku, N., Back, M. & Edwards, S.G., (2013). Development of Fusarium langsethiae in commercial cereal production. European Journal of Plant Pathology, 136, 159–170.

Osborne, L.E.; Stein, J.M., (2007). Epidemiology of Fusarium head blight on small-grain cereals. Int. J. Food Microbiol. 119, 103–108.

Pfordt, A.; Ramos Romero, L.; Schiwek, S.; Karlovsky, P.; von Tiedemann, A., (2020) Impact of environmental conditions and agronomic practices on the prevalence of Fusarium species associated with ear- and stalk rot in maize. Pathogens 9, 236, doi: 10.3390/pathogens 9030236.

Placinta C.M., J.P.F. D'Mello, A.M.C. Macdonald, (1999). A review of worldwide contamination of cereal grains and animal feed with Fusarium mycotoxins. Anim. Feed Sci. Technol., 78, pp. 21-37

Rassat, A.R., (2019). Fusarium poae and Fusarium langsethiae in an oat field - time point of infection and possible inoculum sources. Master thesis, Norwegian University of Life Science. http://hdl.handle.net/11250/2599571

Rawat, N.; Pumphrey, M.O.; Liu, S.; Zhang, X.; Tiwari, V.K.; Ando, K.; Trick, H.N.; Bockus,W.W.; Akhunov, E.; Anderson, J.A., (2016). Wheat Fhb1 encodes a chimeric lectin with agglutinin domains and a pore-forming toxin-like domain conferring resistance to Fusarium head blight. Nat. Genet., 48, 1576–1580.

Robinson KA, St-Jacques AD, Shields SW, Sproule A, Demissie ZA, Overy DP, Loewen MC. Multiple Clonostachys rosea UDP-Glycosyltransferases Contribute to the Production of 15-Acetyl-Deoxynivalenol-3-O-Glycoside When Confronted with Fusarium graminearum. J Fungi (Basel). 2023 Jul 2;9(7):723. DOI:10.3390/jof9070723.

Schiwek, S.; Beule, L.; Vinas, M.; Pfordt, A.; von Tiedemann, A.; Karlovsky, P., (2020). High-resolution melting (HRM) curve assay for the identification of eight Fusarium species causing ear rot in maize Pathogens, 9, 270.

Šip, V., Chrpová, J. & Štocková, L., (2011). Evaluation of Resistance to Fusarium Head Blight in wheat using different sources of inoculum. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 47, 4, 131–139.

Torp, M. & 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.

Torp, M. & Nirenberg, H.I., (2004). Fusarium langsethiae sp. nov. on cereals in Europe. International Journal of Food Microbiology, 95, 247–256.

Tucker J.R., Ana Badea, Richard Blagden, Kerri Pleskach, Sheryl A. Tittlemier and W. G. Dilantha Fernando, (2019). Deoxynivalenol-3-glucoside content is highly associated with deoxynivalenol levels in two-row barley genotypes of importance to Canadian barley breeding programs. Toxins 2019, 11(6), 319; https://doi.org/10.3390/toxins11060319

Wang, J.-H., Li, H.-P., Qu, B., Zhang, J.-B., Huang, T., Chen, F.-F., and Liao, Y.-C., (2008). Development of a generic PCR detection of 3-acetyldeoxy-nivalenol-, 15-acetyldeoxynivalenol- and nivalenol-chemotypes of Fusarium graminearum clade. Int J Mol Sci 9, 2495–2504.

Weihmann, M., (2017). Case Studies to the Development of Sustainable Cropping Systems Emphasizing Soil-Plant-Microbial Interactions. Dissertation, Universität Hohenheim, http://opus.uni-hohenheim.de/volltexte/2017/1355/

Werker, E., (2000). Trichome diversity and development. Advances in Botanical Research, 31, 1–35.

Winter, M., Koopmann, B., Döll, K., Karlovsky, P., Kropf, U., Schlüter, K., and von Tiedemann, A., (2013). Mechanisms regulating grain contamination with trichothecenes translocated from the stem base of wheat (Triticum aestivum) infected with Fusarium culmorum. Phytopathology 103:682-689.

Witte, Thomas E., Carmen Hicks, Anne Hermans, Sam Shields, and David P. Overy (2024). Journal of Agricultural and Food Chemistry 2024 72 (8), 3949-3957. DOI: 10.1021/acs.jafc.3c08437

Yan W.,* , N, A. Tinker, W. A. Bekele, J. Mitchell-Fetch, J. Fregeau-Reid, (2019). Theoretical unification and practical integration of conventional methods and genomic selection in plant breeding. Crop Breed Genet Genom. 2019; 1:e190003. https://doi.org/10.20900/cbgg20190003

Yan, W.K., Fregeau-Reid, J., Rioux, S., Pageau, D., Xue, A., Martin, R., Fedak, G., de Haan, B., Lajeunesse, J. & Savard, M., (2010). Response of oat genotypes to Fusarium head blight in Eastern Canada. Crop Science, 50, 134–142.

Zade, Adolf., (1918). Der Hafer. Eine Monographie auf wissenschaftlicher und praktischer Grundlage. Gustav Fischer Verlag, Jena, 355 S.

Zechner, E., (2001). Neue Selektionsstrategien zur Züchtung von Qualitätshafer speziell für die Nahrungsmittelindustrie. Forschungsprojekt L 1080/97. Endbericht. Ländlicher Raum 2/ 2001.

I. Kurzdarstellung des Projekts

Selma Schurack[1], Charlotte Rodemann[2], Andreas von Tiedemann[2], Matthias Herrmann[1], Manuel Spannagl[3], Martin Mascher[4], Steffen Beuch[5], Vivek Kurra[6], Klaus Oldach[7], Carola Zenke-Philipi[8]

[1]Institute for Breeding Research on Agricultural Crops, Julius Kühn Institute, 18190 Sanitz;
[2]Plant Phytopathology and Crop Protection, University of Goettingen, 37077 Goettingen;
[3]PGSB - Plant Genome and Systems Biology, Helmholtz Center Munich - German Research Center for environmental Health, Neuherberg;
[4]Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Seeland;
[5]Nordsaat Saatzucht GmbH, Saatzuchtstation Granskevitz, 18569 Granskevitz/Rügen;
[6]Saatzucht Bauer GmbH & Co. KG, Hofmarkstr. 1, 93083 Obertraubling;
[7]KWS LOCHOW GmbH, Ferdinand-von-Lochow-Str. 5, 29303 Bergen;
[8]Justus-Liebig-Universität Gießen, Biometrie und Populationsgenetik, Heinrich-Buff-Ring 26 – 32, 35392 Gießen

1. Aufgabenstellung

In feuchteren Jahren kann es infolge epidemischen Auftretens von Fusariosen zu erheblichen Belastungen großer Erntepartien mit Mykotoxinen kommen, die eine Vermarktung als Schälhafer ausschließen. Wegen der mit Mykotoxinen verbundenen enormen wirtschaftlichen Verluste und Gesundheitsgefährdungen von Mensch und Nutztieren wurden in den skandinavischen Ländern und in Großbritannien intensive Forschungs- und Züchtungsarbeiten zur Eindämmung der Fusariosen am Hafer begonnen. Da die deutschen Haferzüchter ihre Sorten europaweit vermarkten, ist die Fusariumresistenz ein wichtiges Kriterium für den Markterfolg einer Sorte und ein wichtiges Ziel auch der deutschen Haferzüchtung. Dabei stellt sich für den Züchter die Frage, gegen welche Fusariumarten die Resistenz verbessert werden muss. Zum Arten- als auch Mykotoxinspektrum am Hafer gab es für Deutschland keine ausreichenden Erkenntnisse, was über ein repräsentatives Monitoring im vorliegenden Projekt geändert werden soll.

2. Ablauf des Vorhabens

Das Verbundprojekt im Projekt FUGE bestand aus fünf Forschungspartnern und drei Pflanzenzüchtungsunternehmen sowie administrativer Unterstützung durch die GFPi und hatte eine Reihe von Haupt- und Nebenzielen, die vier Arbeitspaketen zugeordnet waren. In Arbeitspaket 1 wurde das Vorkommen von Fusariumarten und Mykotoxinen am Hafer deutschlandweit untersucht und die Detoxifikation als potenzielle Ursache für Resistenzunterschiede erforscht. In AP2 wurde ein ausgewähltes Sortiment von Hafersorten auf Resistenz gegen drei Fusariumarten geprüft. Dabei ging es um die Frage,

ob die Resistenz gegen *Fusarium graminearum* und gegen *F. sporotrichioides* in gleichem Maße auch gegen *F. poae* – der vermutlich häufigsten Fusariumart am Hafer in Deutschland – wirksam ist. Des Weiteren wurden die Variation im Trichomentyp und in der Trichomendichte als mögliche Ursachen für bekannte Resistenzunterschiede erstmalig bei Hafer erforscht. In AP3 wurden die Genomsequenzen von drei modernen Hafersorten erfasst und in AP4 wurde mit der Rekurrenten Genomischen Selektion auf Fusariumresistenz und Kornertrag begonnen.

3. Wesentliche Ergebnisse und Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Beim Monitoring wurden *F. poae, F. avenaceum* und *F. tricinctum* als die bedeutendsten Fusarium-Arten am Hafer in Deutschland identifiziert. Die Ergebnisse zur Kreuzresistenz zeigen, dass es sowohl artspezifische als auch artunspezifische Resistenzen gegenüber *F. graminearum* und *F. sporotrichioides* gibt. Bei *F. poae* wurde keine genetische Variation für Resistenz gefunden. Die Trichomdichte auf Deck- und Vorspelzen wurde als Faktor für Anfälligkeit gegenüber *F. graminearum* beobachtet. Des Weiteren wurden die Genome von drei modernen mitteleuropäischen Hafersorten sequenziert und annotiert. Diese Arbeiten waren in ein internationales Haferpangenom-Projekt eingebettet, welches 33 Haferlinien umfasst und den Saathafergenpool gut abdeckt. Die gewonnenen hochqualitativen Referenzsequenzen ermöglichen die Untersuchung der Prävalenz und der Auswirkungen großer Strukturvarianten bei Hafer, die in der Sortenzüchtung von Bedeutung sind. Zusätzlich wurde der erste Schritt einer Rekurrenten Genomischen Selektion für Ertrag vollzogen. Dieses Programm wird in einem Folgeprojekt weitergeführt.