

Sachbericht zum Verwendungsnachweis

Zuwendungsempfänger:
Nordsaat Saatzeit GmbH

Förderkennzeichen: 28AIN02A20

Böhnshäuser Str. 1
38895 Langenstein

Vorhabenbezeichnung: Monitoring der Fusariumarten und Entwicklung genomischer Werkzeuge zur effektiveren Züchtung von Saathafer (FUGE) - Teilprojekt A

Laufzeit des Vorhabens: 15.12.2020 bis 15.06.2024

Berichtszeitraum: 15.12.2020 bis 15.06.2024

Kurze Darstellung

Der vorliegende Bericht fokussiert sich auf die Arbeitspakete 2 und 4, an denen die Nordsaat Saatzeit GmbH hauptsächlich beteiligt war.

Ursprüngliche Aufgabenstellung

Der seit der Jahrtausendwende in Deutschland langsam aber stetig steigende Haferkonsum wird durch eine steigende Produktvielfalt sowie neue Produktkategorien (Porridge, Hafermilch) befördert. Dieser Trend ist im Hinblick auf die nachgewiesenen gesundheitsfördernden Wirkungen haferspezifischer Inhaltsstoffe wie β -Glucane und Avenanthramide positiv zu bewerten.

Ein regelmäßig auftretendes Problem bei Hafer sind Fusariosen, die zu erheblichen Belastungen großer Erntepartien mit Mykotoxinen führen und die eine Vermarktung als Schälhafer ausschließen. Somit ist die Fusariumresistenz ein wichtiges Kriterium für den Markterfolg einer Sorte und ein wichtiges Ziel der Haferzüchtung. Dabei stellt sich für den Züchter die Frage, gegen welche Fusariumarten die Resistenz verbessert werden muss, was im FUGE-Arbeitspaket 2 untersucht wird. Vorarbeiten dazu wurden in einem Vorgängerprojekt erhoben, an dem der ZE Nordsaat ebenfalls beteiligt war.

Für eine Intensivierung der deutschen Haferzüchtung sollen neue molekulargenetische Methoden und deren Grundlagen in der Haferzüchtung etabliert werden. In FUGE AP3 und

AP4 werden dafür vollständig annotierte Genomsequenzen erstellt und ein Programm zur rekurrenten genomischen Selektion begonnen.

Ablauf des Vorhabens

Die Versuche zu den Arbeitspaketen 2 und 4 wurden zeitlich wie geplant ausgeführt. Die Kreuzresistenzversuche (AP2) mit 25 Hafersorten wurden mehrortig im JKI und bei den Züchtungspartnern 2021 und 2022 (u.a. ZE Nordsaat Saatzucht GmbH) angelegt und beerntet. Die qPCR-zur Quantifizierung der Fusariuminfektion erfolgte in der Universität Göttingen. Versuche zur Quantifizierung der Trichomdichte (AP2) liefen 2021 bis 2023 sowohl im Freiland als auch Gewächshaus. Im AP3, der RGS, wurden die gesonderten Prüfungen der Zuchtstämme auf Ertrag (Leistungsprüfung) und Fusariumresistenz ebenfalls 2021 und 2022 an mehreren Orten (ZE Nordsaat mit den Orten Granskevitze für Leistungsprüfungen und Böhnshausen für Resistenzprüfungen) ausgeführt. Die Mykotoxine der jährlich 1000 Proben (2 Orte a 500 Proben) aus den Resistenzprüfungen wurden mittels ELISA im Labor der Nordsaat Saatzucht GmbH quantifiziert. 2023 wurden die 250 RGS-Stämme im IPK genotypisiert und anhand der Genotypdaten und Prüfungsergebnisse die Auswahl der Kreuzungspartner vorgenommen (Berechnung durch JLU).

Wesentliche Ergebnisse sowie ggf. Zusammenarbeit mit anderen Stellen

Im Arbeitspaket 2 sind der erneute Nachweis artspezifischer Resistenz gegen *F. graminearum* (Fg) bzw. *F. sporotrichioides* (Fs), das Fehlen genetisch bedingter Resistenzunterschiede gegenüber *F. poae* (Fp), der Nachweis von Unterschieden in der Trichomdichte sowie dessen Korrelation zur Resistenz gegenüber Fg wesentliche Ergebnisse.

Für die Aufnahmen von Fusarium-Hyphen in Interaktion mit Trichomen mit einem konfokalen Laser-Scanning-Mikroskop wurde mit Yvonne Becker vom JKI-Fachinstitut für Epidemiologie und Pathogendiagnostik in Braunschweig zusammengearbeitet.

Durch die Einbindung der Sequenzierungsarbeiten in das PanOat-Konsortium war eine internationale Zusammenarbeit notwendig.

Eingehende Darstellung

Durchgeführte Arbeiten und der Vergleich zur ursprünglichen Vorhabenbeschreibung.

Die große Mehrzahl der Arbeiten wurde wie ursprünglich geplant durchgeführt, wobei einige Versuche witterungsbedingt kein nutzbares Ergebnis lieferten und andere wiederum

umfangreichere Ergebnisse brachten (Trichome). Der ZE Nordsaat Saatzucht GmbH hat das Zuchtmaterial für die Versuche in den Arbeitspaketen 2 bis 4 über Winter auf seinem Standort auf der Insel Teneriffa vermehrt und bei den mehrortigen Prüfungen für AP2 und AP4 jeweils einen Standort gestellt. Außerdem übernahm das Labor des ZE Nordsaat Saatzucht GmbH die erforderlichen ELISA-Analysen für das Projekt.

Im JKI wurde die Aufreinigung aller Ernteproben in AP2 und AP4 für die qPCR- und Mykotoxinanalysen vorgenommen und dabei von allen Proben das Tausendkorngewicht (TGW) gemessen. Es fand ein umfangreicher Materialtransport zwischen den Partnern statt. Im Folgenden sind die Ergebnisse zu den Arbeitspaketen 2 und 4 dargestellt, an denen der ZE Nordsaat Saatzucht GmbH direkt beteiligt war.

Zwischenvermehrung über Winter auf Teneriffa

Die Winterzwischenvermehrung der für die Feldversuche vorgesehenen 291 Genotypen erfolgte planungsgemäß mit ausreichend hohen Erträgen (Abb. 1). Durchschnittlich wurden von jeder Linie, bei allerdings starker Streuung, 173 g Saatgut zur Verfügung gestellt. Das Erntegut wurde in Granskevitz aufbereitet, abgewogen und für die Inokulationsversuche an die Partner verschickt. Danach stand lediglich von 61 Genotypen nicht mehr genug Erntegut zur Verfügung, um alle ursprünglich geplanten Mikroplots für die Inokulationsversuche bedienen zu können. Zusammen mit dem Partner JKI wurde daraufhin eine Selektion durchgeführt. Ziel war es, eine ausreichend hohe Anzahl Genotypen für die Versuche zur Verfügung stellen zu können. Es verblieben 250 Genotypen und sechs Standardsorten in Granskevitz für den geplanten Feldversuch als RGS-Panel und weitere Vermehrungsschritte zur Saatgutgewinnung für die Aussaat im Frühjahr 2022.



Abbildung 1 Winterzwischenvermehrung der Hafergenotypen auf Teneriffa, Stand Januar 2021 (Foto: M. Ruess).

FUGE AP2 Kreuzresistenz

Zur Untersuchung der Kreuzresistenz gegenüber den drei Fusariumarten *F. graminearum* (Fg), *F. poae* (Fp) und *F. sporotrichioides* (Fs) wurden 25 Hafersorten 2021 und 2022 wie geplant an den vier Standorten Wohlde, Groß Lüsewitz, Böhnshausen (Nordsaat Saatzucht GmbH) und Niedertraubling in dreifacher Wiederholung gedrillt (2m²-Parzellen) und vor der Blüte mit den drei Arten über eine Spreuinokulation inokuliert. Das Inokulum bestand aus hinsichtlich des Toxinbildungsvermögens gut definierten 2-4 Isolaten je Fusariumart und wurde arbeitsteilig am JKI und in der Universität Göttingen (GAU) auf sterilisierten Haferkörnern vermehrt.

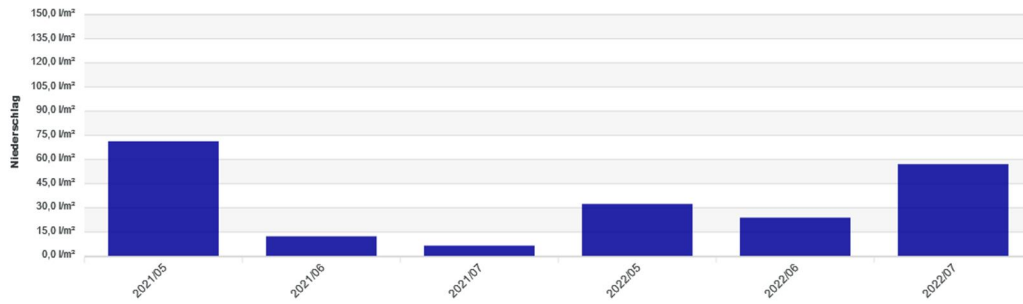
Da bei der Auswahl der Hafersorten für dieses Arbeitspaket auf einheitliche mittlere Wuchshöhe und ähnliche Entwicklungszeit geachtet wurde, zeigten sich für die Merkmale Wuchshöhe und Rispenstücken nur geringe Spannweiten. Ernteproben der vier Orte und drei Inokuli wurden wie geplant hinsichtlich TKM, Spelzengehalt, Spelzenfarbe und Fusarium-DNA-Gehalt (qPCR in GAU) geprüft. Letzterer wird zur Resistenzbewertung anstelle der Mykotoxingehalte genutzt, da es für Nivalenol, dem Haupttoxin von *F. poae*, keinen kommerziellen ELISA gibt und die gaschromatographischen Quantifizierungsmethoden nicht budgetiert waren.

Ziel war es, die Fusarium-DNA-Gehalte statistisch zu analysieren und die Korrelationen sowohl zwischen den drei Inokuli als auch weiteren phänotypischen Merkmalen wie den Trichomdaten zu berechnen. Die qPCR-Arbeiten zur Quantifizierung der DNA-Gehalte wurden an der Universität Göttingen durchgeführt und die Daten uns zur Verfügung gestellt.

Abbildung 1 beschreibt die Niederschlagssummen für die vier Versuchsorte Böhnshausen (bei Halberstadt = NORD), Groß Lüsewitz (bei Sanitz = JKI-GL), Niedertraubling (bei Regensburg-Burgweinting = SZBAU) und Wohlde (bei Bergen = KWLO) 2021 und 2022 in den drei relevanten Monaten Mai bis Juli. Wie aus Abbildung 1 ersichtlich, fielen 2021 lediglich in Niedertraubling und Bergen während und nach der Blühphase ausreichend Niederschlag, ansonsten waren die Niederschlagsmengen eher unterdurchschnittlich. Besonders trocken waren der Juni und Juli 2021 in Groß Lüsewitz bei Sanitz.

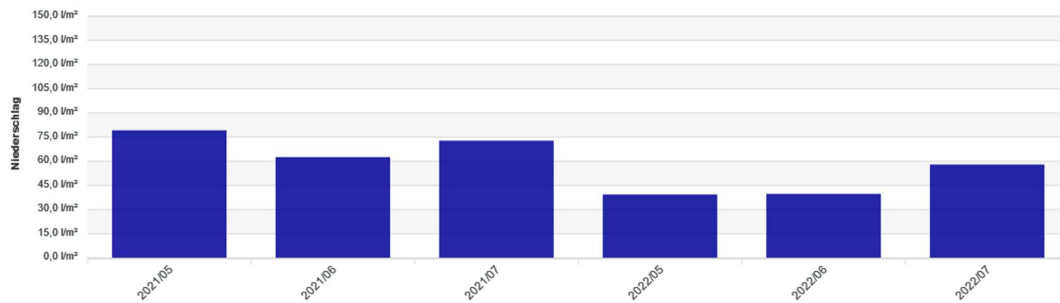
Abb. 1 Niederschlagssummen in den drei Monaten Mai bis Juli an den 4 Prüforten zur Fusariumresistenz 2021 und 2022 (Quelle: <https://www.wetterkontor.de/>).

Monatswerte: Niederschlag Sanitz (Lkr. Rostock) (2021 bis 2022)



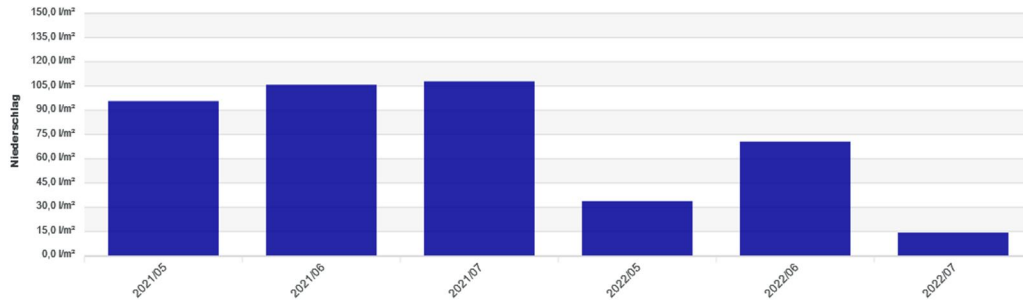
(c) Wetterkontor, Datenquelle: DWD

Monatswerte: Niederschlag Bergen (Lüneburger Heide) (2021 bis 2022)



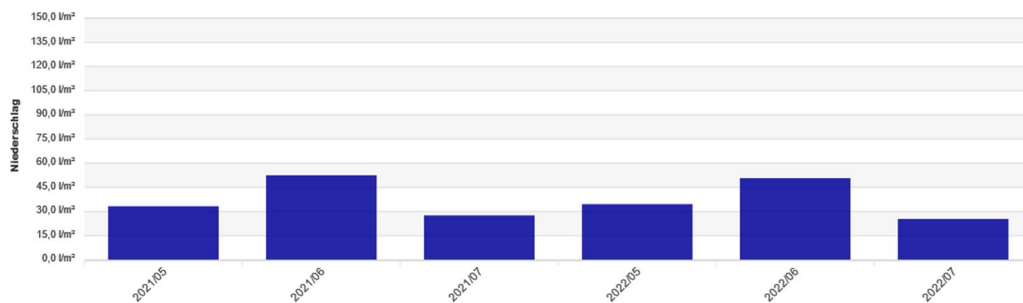
(c) Wetterkontor, Datenquelle: DWD

Monatswerte: Niederschlag Regensburg-Burgweinting (N) (2021 bis 2022)



(c) Wetterkontor, Datenquelle: DWD

Monatswerte: Niederschlag Halberstadt (N) (2021 bis 2022)



(c) Wetterkontor, Datenquelle: DWD

Tabelle 1 Vergleichsmerkmal Tausendkornmasse (TGW) sowie die Fusarium-DNA-Gehalte (pg Pilz-DNA pro g Korn) im Korn im Mittel über drei Wiederholungen nach Inokulation mit Fg, Fp und Fs.

INOC	cultivar	TGW in g								Fusarium DNA in pg/g							
		2021				2022				2021				2022			
		JKI_GL	KWLO	NORD	SZBAU	JKI_GL	KWLO	NORD	SZBAU	JKI_GL	KWLO	NORD	SZBAU	JKI_GL	KWLO	NORD	SZBAU
Fg	Armani	34	41	37	40	38	36	35	33	2862	3491	3199	1190	0	0	0	0
Fg	Atego	31	34	30	34	34	31	29	28	367	3500	8807	1835	0	0	0	0
Fg	Bison	40	43	41	44	42	40	40	39	7837	17450	38247	0	0	0	0	
Fg	Contender	39	41	36	40	36		36	34	6641	20821	2225	0	0		0	
Fg	Curly	30	33	32	32	32	31	29	27	9695	16022	3924	7899	0	0	0	0
Fg	Delfin	41	41	37	39	40	39	36	35	5071	13814	0	5416	0	0	0	0
Fg	Dominik	32	36	32	35	34	33	31	30	20310	29804	0	1534	0	0	0	0
Fg	Flämingsfit	32	36	32	35	35	35	31	30	12337	8628	1673	8669	0	0	0	0
Fg	Flämingsstern	31	33	31	32	33	31	29	26	39155	29490	14004	0	0	0	0	31665
Fg	Gabriel	36	38	36	37	36	35	33	31	22385	47313	3161	913	0	0	0	0
Fg	Galaxy	39	40	34	39	38	36	33	34	20585	13479	8257	11916	0	0	0	0
Fg	Husky	32	34	30	33	32	33	28	29	4337	2994	1532	0	0	0	0	0
Fg	KLAR156	34	38	30	37	35	34	32	32	21466	21689	8959	6420	0	0	0	0
Fg	KLAR185	32	34	34	35	32	31	30	31	12029	14054	3371	1010	0	0	0	0
Fg	KLAR192	35	38	34	39	36	36	32	33	16282	23341	7294	0	0	0	0	0
Fg	KLAR226	34	35	31	35	34	33	31	31	6975	4738	1434	5255	0	0	0	0
Fg	KLAR98	32	33	29	33	34	33	31	28	2711	11303	1918	3477	0	0	0	0
Fg	KWS Magellan	35	38	37	40	37	35	32	33	783	15496	15046	0	0	0	0	0
Fg	Lion	35	38	33	36	37	35	32	31	6900	18129	1818	1327	0	0	0	0
Fg	Max	33	35	33	35	35	32	31	31	6199	21061	5645	0	0	0	0	23193
Fg	NORD 15/314	30	32	30	31	32	30	28	26	371	32428	8900	14871	0	0	0	0
Fg	Ozon	34	39	35	39	37	38	36	35	7943	14593	0	373	0	0	0	0
Fg	Poseidon	37	40	36	40	39	38	35	31	13822	39766	1804	1749	0	0	0	0
Fg	Simon	35	38	34	36	35	34	32	30	11738	8278	14437	2186	0	0	0	0
Fg	Zorro	30	30	29	30	30	31	29	27	6715	4946	1272	0	0	0	0	0
Fp	Armani	37	39	36	39	37	37	33	35	70857	1133	17732	45814	9417	28666	6475	3385
Fp	Atego	31	32	30	31	33	33	28	28	57290	2710	14292	141546	8271	14804	12113	15865
Fp	Bison	41	42	43	43	42	41	38	38	25100	35830	1133	163582	14181	8176	4954	3504
Fp	Contender	37	39	35	40	36		34	36	95036	46699	9597	14319	1121		14221	5153
Fp	Curly	30	30	31	31	30	31	29	29	8070	1113	7087	544078	5788	9502	16295	7281
Fp	Delfin	39	38	37	41	40	38	32	34	58563	10578	13508	204221	10626	11313	23453	10081
Fp	Dominik	32	33	33	37	33	33	29	30	110411	0	37764	152306	4948	3362	3392	20233
Fp	Flämingsfit	32	33	33	35	34	35	28	32	69639	11525	24012	3293	14099	18876	26244	6951
Fp	Flämingsstern	30	30	30	30	32	32	26	28	48901	53328	45183	124241	8999	16472	14547	4512
Fp	Gabriel	35	39	36	37	36	36	31	34	52318	2223	4385	189676	18399	1136	22278	3618
Fp	Galaxy	37	38	34	39	36	36	29	33	83788	1130	19359	79123	5810	9328	19477	6282
Fp	Husky	32	33	32	32	30	31	27	29	137997	35522	7035	43470	4153	6551	2262	3361
Fp	KLAR156	33	35	34	37	33	33	29	33	42231	0	16127	26926	4985	5512	5750	1099
Fp	KLAR185	32	34	33	36	31	32	29	31	16891	2245	7715	85509	10977	11142	7693	1143
Fp	KLAR192	36	37	36	37	34	36	31	32	72996	5559	12568	137677	6869	5225	9703	8479
Fp	KLAR226	33	32	31	35	33	33	29	30	25069	0	18765	71463	2268	9204	38300	3951
Fp	KLAR98	32	33	30	33	32	34	29	29	21107	28243	26259	86227	8874	21699	2261	6571
Fp	KWS Magellan	35	38	35	36	37	36	31	30	22546	35257	5059	141671	2266	4627	14423	9951
Fp	Lion	34	36	32	37	36	34	29	33	32605	37562	13278	52242	7020	12742	2266	1143
Fp	Max	32	35	31	35	34	34	27	32	56611	6493	39609	97449	5202	6927	11674	15356
Fp	NORD 15/314	29	31	28	33	30	31	26	27	16210	5893	10366	43556	6787	1701	30813	5312
Fp	Ozon	35	37	36	41	39	38	35	33	170813	2462	7586	208807	8592	7331	6465	5040
Fp	Poseidon	35	38	35	40	38	35	31	33	56689	1040	33560	67685	6631	7240	8140	1058
Fp	Simon	35	36	34	37	34	34	30	32	14512	15131	13217	29068	12204	3409	19213	7057
Fp	Zorro	29	29	29	31	31	31	28	27	34692	35258	28499	112140	12920	9970	27355	8913
Fs	Armani	36	39	39	39	37	36	33	34	24222	17819	9486	3287	0	1708	0	1143
Fs	Atego	30	33	30	34	32	32	28	28	22455	37603	20641	0	0	1698	1143	0
Fs	Bison	38	40	42	43	40	41	39	37	64036	23643	1124	3338	18523	1139	0	0
Fs	Contender	36	39	38	38	38		35	32	30350	43721	9112	0	0		0	1121
Fs	Curly	29	32	32	34	31	32	29	28	30391	8932	2217	3378	0	1704	0	1121
Fs	Delfin	38	39	35	40	40	38	36	32	36505	18900	3378	0	0	0	0	0
Fs	Dominik	32	34	32	35	34	32	30	28	68966	30517	3371	0	3287	1701	7211	0
Fs	Flämingsfit	31	35	32	37	33	34	30	29	68338	65050	2263	0	1141	1143	0	0
Fs	Flämingsstern	29	31	30	32	33	32	28	26	38003	29245	14938	3325	0	0	1139	0
Fs	Gabriel	35	37	38	38	37	35	32	30	34476	2239	2243	0	0	1711	0	0
Fs	Galaxy	37	38	34	38	37	35	34	33	26203	24155	12015	3425	0	0	0	0
Fs	Husky	30	32	31	35	30	32	29	28	46457	36375	1124	3384	0	13179	2808	0
Fs	KLAR156	34	35	33	37	35	33	31	31	43115	12200	3311	0	0	0	0	0
Fs	KLAR185	31	33	32	35	32	32	30	29	30282	14044	1119	0	0	0	0	0
Fs	KLAR192	34	36	37	38	35	36	33	33	23923	13400	2243	0	0	0	0	0
Fs	KLAR226	33	33	31	34	34	35	30	30	16627	7457	3396	0	0	1130	0	0
Fs	KLAR98	31	33	30	33	33	33	30	29	32112	36334	2267	0	0	1701	0	0
Fs	KWS Magellan	35	38	39	38	37	36	32	31	15491	27361	8874	0	0	3495	0	0
Fs	Lion	33	34	32	38	36	36	32	30	13247	9002	0	0	0	0	0	0
Fs	Max	32	34	33	35	35	32	31	31	30531	16213	1139	0	0	0	0	0
Fs	NORD 15/314	29	30	28	32	32	31	27	25	20923	25072	12939	3358	0	0	0	0
Fs	Ozon	35	37	35	39	38	38	35	33	34968	28324	9781	3319	0	6258	0	0
Fs	Poseidon	33	39	36	41	39	37	34	29	38526	35470	3366	3312	0	0	0	0
Fs	Simon	34	35	34	37	34	34	30	32	17597	24740	2230	0	0	0	0	0
Fs	Zorro	29	29	30	29	30	32	30	28	24943	32452	2237	0	0	1694	0	1121

Aus der Tabelle 1 wird ersichtlich, dass von den Versuchen mit Fg- und Fs-Inokulation nur JKI-GL-2021, NORD-2021 und KWLO-2021 nutzbare Fusarium-DNA-Daten ergaben. Die übrigen Umwelten hatten zu viele Nullwerte und waren somit nicht geeignet, um das Genotypranking über die Inokuli zu vergleichen. Bei der Fp-Inokulation waren dagegen alle 8 Versuche informativ.

In Tabelle 2 sind die Rangkorrelationskoeffizienten zwischen den Jahresmittelwerten über die jeweils informativen Datenreihen aufgezeigt. Demnach sind die Korrelationen zwischen Fp21 und Fs21 und Fs22 signifikant, sowie jene zwischen Fs21 und Fs22. Die Korrelation zwischen Fg21 und Fg22 liegt knapp unter der Signifikanzschwelle. Diese

Korrelationskoeffizienten über die Jahre korrespondieren gut zu den ANOVA-Ergebnissen, die nur schwach signifikante Genotypeneffekte bei Fs und Fg ergaben, und keine signifikanten Effekte bei Fp (ANOVAs nicht gezeigt). Die folgenden zwei ANOVA-Auszüge aus PLABSTAT (Tabelle 3 und 4) basieren auf untransformierten Daten. Die log-Transformation hat noch geringere Heritabilitäten bei Fg und Fs ergeben.

	Fg21	Fp21	Fs21	Fg22	Fp22
Fp21	-0.11				
Fs21	0.15	0.67**			
Fg22	0.31	-0.21	-0.16		
Fp22	-0.11	0.14	-0.01	-0.18	
Fs22	-0.26	0.60**	0.41*	-0.26	-0.07

Tabelle 3 ANOVA-Auszug mit den Fg-Daten (DNAppg = original-DNA-Werte; DNALog = log-transformierte Werte verrechnet; TGW = Tausendkorngewicht)

----- Character 1 DNAppg -----										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	701196.2083	701196.2083	6209.4850	7921.7289	2.38	1.31	6.06	56.03	254.54
G	24	4533239.4898	188884.9787	20750.7791	9224.4518	2.93**	24.00	24.00	103.59	302.34
R:E	4	1088389.4032	272097.3508	6844.1812	6310.2638	2.69*	4.00	96.00	63.56	178.42
GE	24	1545127.2965	64380.3040	-12204.1719	7652.0633	0.64	24.00	96.00	183.48	515.06
RGE	96	9695310.6805	100992.8196	100992.8196	14427.5457					
Total	149	17563263.0783								
HERITAB	65.92	(22.60 84.99)								

----- Character 2 DNALog -----										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	17.7192	17.7192	0.1610	0.1979	2.42	1.35	9.00	0.27	1.09
G	24	127.6721	5.3197	0.3922	0.2815	1.79+	24.00	24.00	0.70	2.05
R:E	4	22.1796	5.5449	0.1070	0.1291	1.93	4.00	96.00	0.34	0.95
GE	24	71.1896	2.9662	0.0321	0.3064	1.03	24.00	96.00	0.98	2.75
RGE	96	275.5137	2.8699	2.8699	0.4100					
Total	149	514.2742								
HERITAB	44.24	(-26.62 75.44)								

----- Character 3 TGW -----										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	263.2643	263.2643	3.4521	2.8662	46.69**	1.01	15.16	0.24	0.77
G	24	1408.5232	58.6885	9.2760	2.7165	19.35**	24.00	24.00	0.71	2.07
R:E	4	10.5381	2.6345	0.0530	0.0613	2.01+	4.00	96.00	0.23	0.64
GE	24	72.7754	3.0323	0.5740	0.2872	2.31**	24.00	96.00	0.66	1.86
RGE	96	125.8025	1.3104	1.3104	0.1872					
Total	149	1880.9035								
HERITAB	94.83	(88.27 97.72)								

Tabelle 4 ANOVA-Auszug mit den Fs-Daten (DNAppg = original-DNA-Werte; DNALog = log-transformierte Werte verrechnet; TGW = Tausendkorngewicht)

----- Character 1 DNAppg -----										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	1082925.3301	1082925.3301	4258.6809	13251.2873	1.35	1.32	5.57	100.90	405.16
G	24	8736094.9119	364003.9547	36786.5062	18082.7541	2.54*	24.00	24.00	154.53	451.05
R:E	4	3127682.9452	781920.7363	24809.5740	18081.3053	4.84**	4.00	96.00	80.42	225.75
GE	24	3438838.0143	143284.9173	-6132.1567	15321.5955	0.89	24.00	96.00	232.15	651.69
RGE	96	15521413.1847	161681.3873	161681.3873	23097.3410					
Total	149	31906954.3862								
HERITAB	60.64	(10.61 82.67)								

----- Character 2 DNALog -----										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	3.5526	3.5526	0.0083	0.0456	1.12	2.64	11.58	0.20	0.81
G	24	36.2224	1.5093	-0.1268	0.1260	0.66	24.00	24.00	0.62	1.80
R:E	4	11.5399	2.8850	0.0263	0.0678	1.30	4.00	96.00	0.30	0.84
GE	24	54.4788	2.2700	0.0145	0.2351	1.02	24.00	96.00	0.86	2.42
RGE	96	213.7341	2.2264	2.2264	0.3181					
Total	149	319.5278								
HERITAB	0.00	(0.00 0.00)								

----- Character 3 TGW -----										
Please check for outliers (test after ANSCOMBE and TUKEY)										
Source	DF	SS	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	DF-NM	DF-DN	s.e.	LSD5
E	1	163.8456	163.8456	2.1501	1.7838	42.84**	1.02	15.90	0.19	0.62
G	24	1223.2584	50.9691	8.1404	2.3581	23.97**	24.00	24.00	0.60	1.74
R:E	4	6.9096	1.7274	0.0184	0.0405	1.36	4.00	96.00	0.23	0.63
GE	24	51.0382	2.1266	0.2865	0.2057	1.68*	24.00	96.00	0.65	1.82
RGE	96	121.6325	1.2670	1.2670	0.1810					
Total	149	1566.6843								
HERITAB	95.83	(90.53 98.16)								

Die Tausendkornmassen sind in gewohnter Weise umweltstabil über die vier Orte und Inokulumvarianten, was sich in Heritabilitäten von über 0,9 widerspiegelt.

Unbeschadet der fehlenden bzw. geringen Korrelation zwischen den Datenreihen der Inokulumvarianten können im untersuchten Sortiment Hafergenotypen mit mittleren Resistenzen gegenüber allen drei Fusariumarten identifiziert werden, wie z.B. Curly, Simon und KLAR226 (Tabelle 5). Letzterer JKI-Stamm ist eine Neklan-Kreuzung mit einer Mehltairesistenz aus *A. occidentalis*. Mit der guten Fg-Resistenz von Husky und Zorro sowie der schlechten von Poseidon werden auch bisherige interne Ergebnisse des ZE bestätigt.

Ein wichtiges Ergebnis ist der fehlende Nachweis einer genetischen Variation für Resistenz gegenüber *F. poae*. In anderen Studien (Martin et al. 2018, Kuchynková and Kalinová 2021) wurden ebenfalls keine reproduzierbaren Resistenzunterschiede von Hafersorten gegenüber *F. poae* gefunden, weshalb eine Resistenzzüchtung gegen diese bei Hafer wichtige Fusariumart schwierig sein wird. Das ähnelt der Situation gegenüber *F. langsethiae*, wo bisher selten Resistenzunterschiede gefunden wurden und diese weitgehend auf Unterschieden in der Wuchshöhe und dem Blühzeitpunkt basieren. Die Einflussfaktoren Rispentyp, Wachsschicht, Antherenretention oder Detoxifikation sind in diesem Kontext bislang wenig untersucht. Trichombedeckungsunterschiede sind als Resistenzfaktor gegenüber Fg, nicht jedoch bei Fs und Fp nutzbar (siehe dazu Trichomuntersuchungen des Partners JKI).

Fp ist in Mischinokulationen als eine wenig kompetitive Fusariumart bekannt (XU et al. 2007, Khanal et al. 2024). Wesentliche Faktoren auf das Infektionsgeschehen und die NIV-Bildung sind Vorfrucht, Standfestigkeit der Sorte (Lagern fördert NIV-Bildung) (Kuchynková and Kalinová 2021), Temperatur und Niederschlag (Nazari et al. 2018), wobei eine NIV-Bildung besonders auch in sehr trockenen Jahren auftritt (Meyer et al. 2021). Als Zuchtziel zur Reduktion von Fp-Infektionen und NIV-Akkumulation wäre also die Standfestigkeit zu nennen, ohne dafür das Kurzstrohgen *Dw6* zu nutzen, da dieses die Fusariumanfälligkeit deutlich erhöht (Herrmann et al. 2020b; Edwards and Stancic 2022). Des Weiteren ist es möglich, auf Resistenz gegen Fs zu selektieren. Aufgrund der positiven Korrelation zwischen Fs und Fp könnte sich dabei auch die Fp-Resistenz verbessern.

Tabelle 5 Mittlere BLUEs für Fusarium-DNA der 25 Prüfglieder für die drei Inokulumvarianten, die mittlere Wuchshöhe (PH), das mittlere Rispschieben (RISCH), der mittlere Spelzengehalt (HULL%) (sortiert nach PH)

cultivar	PH	RISCH	HULL%	Fg_BLUE	Fs_BLUE	Fp_BLUE
Armani	89	11	35	47	122	115
Curly	89	11	37	100	94	45
Atego	90	11	37	50	139	127
Dominik	90	12	36	109	162	160
Flämingsfit	90	12	40	72	180	146
KLAR156	91	12	34	128	122	108
KLAR226	92	11	36	54	86	91
Zorro	92	13	38	59	115	178
KLAR192	92	10	36	105	92	139
Flämingsstern	92	12	36	153	155	181
Poseidon	93	12	36	128	132	126
Simon	93	10	33	77	107	83
Husky	93	10	35	37	139	169
Max	93	11	34	76	94	156
Gabriel	94	11	34	117	83	101
NORD 15/314	94	13	34	82	128	82
Lion	94	11	33	75	65	137
Galaxy	94	12	35	104	127	128
Contender	94	11	35	77	153	178
Ozon	95	11	39	56	136	149
KLAR98	96	12	36	50	132	144
Bison	96	10	37	104	129	99
Delfin	97	13	35	67	115	128
KLAR185	97	6	34	82	99	75
KWS Magellan	100	12	33	85	109	94

Gegenüber Fusarium ist die Resistenz oft mit einer höheren Wuchshöhe oder dem Tag des Rispschiebens korreliert. Die Verrechnung der Wuchshöhe (PH) und des Rispschiebens (RISCH) ergab signifikante Genotypeffekte in den ANOVAs bei Heritabilitäten von 0.668 bzw. 0.89. Weder die Wuchshöhe noch das Rispschieben oder der Spelzengehalt sind mit den Fusarium-DNA-Gehalten (BLUE-Werten) signifikant korreliert.

FUGE AP4 Rekurrente Genomische Selektion

Im FUGE-Projekt wurde der erste Zyklus einer rekurrenten genomischen Selektion vollzogen. Die im JKI erstellten 250 Kreuzungsnachkommen wurden im ersten Projektjahr durch den ZE Nordsaat Saatzucht GmbH vermehrt, danach wurde das Saatgut für die gesonderten Prüfungen auf Ertrag (4-6m²-Parzellen) und Fusariumresistenz (2m²-Parzellen) auf die Partner verteilt. Für das Letztere wurden die 250 Haferstämme in 4 Umwelten (Wohlde 2021, 2022, Niedertraubling 2022, JKI 2022) auf Resistenz gegen *F. graminearum* und *F. sporotrichioides* als Mischinokulation geprüft. Das Inokulum dafür wurde arbeitsteilig in der Universität Göttingen und am JKI erzeugt und ausgebracht.

Nach der Ernte wurden die Proben der Fusariumprüfungen am JKI einheitlich aufbereitet, sowie die TKM und Spelzenfarbe bestimmt. Die Mykotoxingehalte (DON und T-2) wurden von der Nordsaat mittels ELISA für die Proben wie budgetiert von vier Umwelten (Wohlde 2021, Niedertraubling 2021, Wohlde 2022, JKI 2022) bestimmt.

In Abbildung 2 sind die DON sowie T2/HT2-Gehalte zusammenfassend dargestellt. Es wird deutlich, dass die Mykotoxingehalte im Jahr 2022 signifikant niedriger sind als 2021.

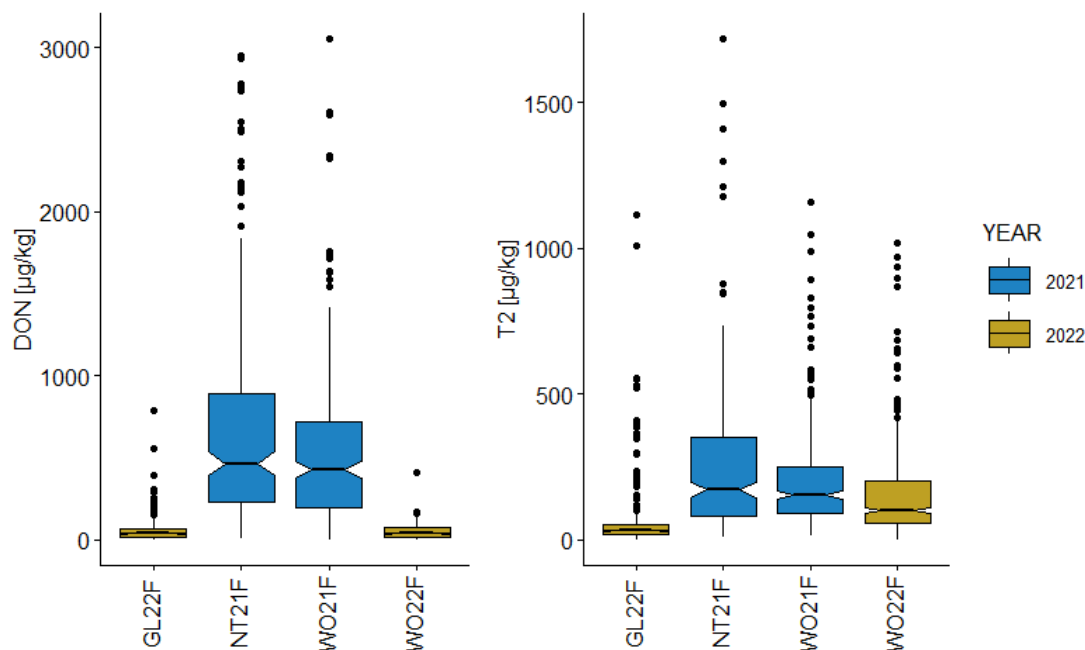


Abbildung 1. DON und T2-Gehalte in den Ernteproben der Fusariumresistenzversuche. GL22F: Groß Lüsewitz 2022; NT21F: Niedertraubling 2021; WO21F: Wohlde 2021; WO22F: Wohlde 2022.

Eine Rangkorrelation zwischen den Mykotoxindaten der vier Umwelten ergab keine signifikanten Korrelationen, was zu den schwachen Genotypenwirkungen passt, die in der ANOVA mit den Log-transformierten DON- als auch T2-Daten gefunden wurden (Tabelle 6). Die Heritabilität liegt bei beiden Mykotoxinen bei 0,21 und ist, verglichen mit jener für Tausendkorngewicht (0,93) sehr gering.

Tabelle 6. Ergebnisse der ANOVAs für die Versuchsserie und die Merkmale log-transformierte DON- bzw. T2-Werte sowie das Tausendkorngewicht

Source	MS	Var.cp	s(V.cp)	F	s.e.	LSD5
log-transformed DON						
Ort	1118.8	2.132	1.617	15.13*	0.39	1.75
Sorte	4.0	0.145	0.067	1.28**	0.72	2.01
SO	3.5	0.177	0.142	1.11	1.25	3.47
R:O	74.0	0.289	0.191	23.62**	0.11	0.31
RSO	3.1	3.131	0.170			
HERITAB	21.7					
log-transformed T2						
Ort	393.6	0.679	0.573	6.47+	0.35	1.59
Sorte	0.9	0.031	0.015	1.27*	0.34	0.95
SO	0.8	0.040	0.032	1.11+	0.59	1.64
R:O	60.9	0.246	0.157	87.15**	0.05	0.15
RSO	0.7	0.698	0.037			
HERITAB	21.1					
TGW						
Ort	288.6	-0.763	0.951	0.44	1.16	5.23
Sorte	36.1	5.617	0.543	14.95**	0.63	1.76
SO	3.2	0.402	0.123	1.33**	1.1	3.05
R:O	662.4	2.694	1.710	274.29**	0.1	0.28
RSO	2.4	2.415	0.129			
HERITAB	93.3					

Für die untransformierten Toxindaten ergaben sich keine signifikanten Genotypenwirkungen. Die Genotypenwirkungen müssen angesichts der geringen Heritabilitäten und 21 Fehlwerte (gelöschte Ausreißer) als sehr schwach bzw. unsicher gewertet werden.

Die DON- und T2-Daten sind nicht miteinander korreliert, was dem im Arbeitspaket 2 gefundenen Ergebnis zur Korrelation zwischen Fusarium-DNA von *F. graminearum* und *F. sporotrichioides* entspricht.

Die Ertragsdaten aller Standorte wurden mit einem zweistufigen gemischten linearen Modell verrechnet und Markereffekte für den Ertrag aus den phänotypischen Werten geschätzt. Vor der Kreuzungsplanung wurden anhand von Schwellenwerten für Lager, Ährenschieben, Tausendkorngewicht, Pflanzhöhe und für die Gehalte an DON und T2 geeignete Zuchstämme vorselektiert. Für alle möglichen Kreuzungen aus den verbleibenden Stämmen wurde anschließend das Kriterium MAX-G berechnet, das das Potenzial einer Kreuzung in der Form des theoretisch bestmöglichen daraus hervorgehenden Genotyps beschreibt. Anhand dieses Kriteriums wurde eine Prioritätenliste für die durchzuführenden Kreuzungen erstellt. Die Kreuzungen (63 von geplanten 72 Kombinationen) wurden erstellt und für den nächsten Zyklus zum Durchkreuzen eingesetzt. Die nächsten Zyklen werden im Rahmen des Projekts „Strategien für eine effizientere Haferzüchtung für den Ökoanbau (FKZ 2822OE021)“ durchgeführt, an dem der ZE Nordsaat Saatucht GmbH nicht mehr beteiligt ist.

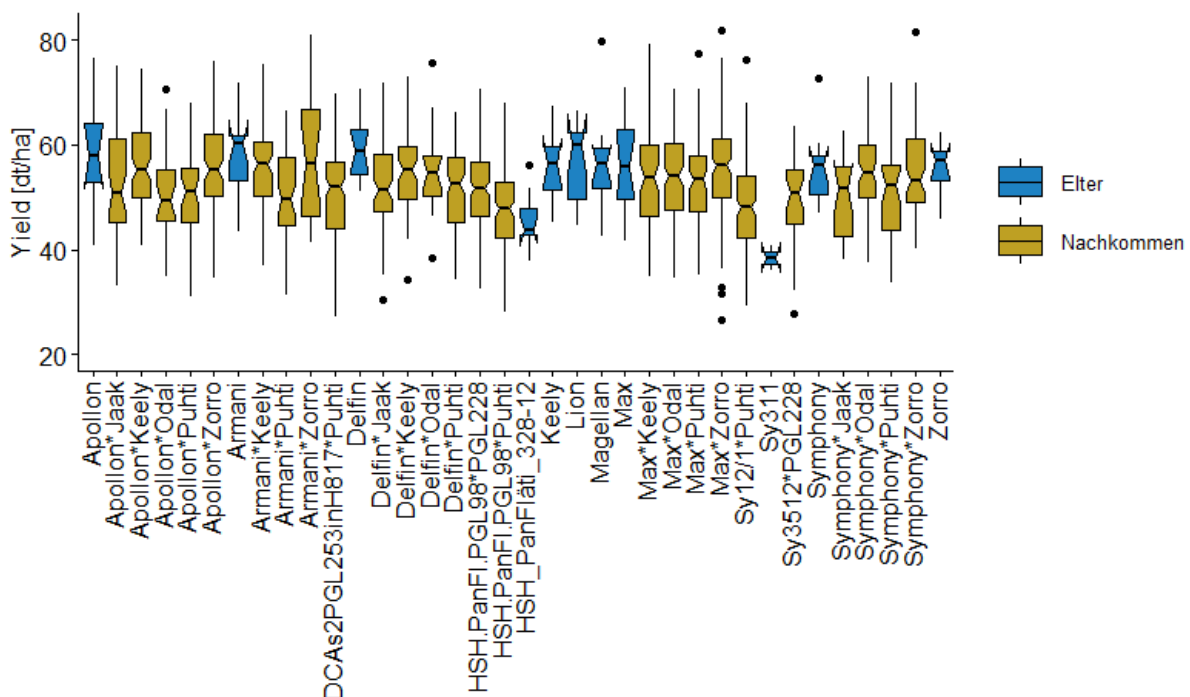


Abbildung 2. Erträge über Abstammungsgruppen. Elternstämme sind in blau dargestellt, Kreuzungsnachkommen in gelb.

Die wichtigsten Positionen des zahlenmäßigen Nachweises

Die größten Kostenpositionen waren die Kosten für die Wintervermehrung, die angelegten Feldversuche in Granskevitz und Böhnshausen sowie die Kosten für die ELISA-Untersuchungen im Labor des ZE. Diese waren dem Bedarf angemessen, gleiches gilt für die Titel Reisekosten und Verbrauchsmaterial.

Notwendigkeit und Angemessenheit der geleisteten Projektarbeit

Die Arbeiten waren ausnahmslos notwendig, um die gesteckten Ziele erreichen zu können. Bei den Fusariumresistenzprüfungen in AP2 und AP4 wären aus jetziger Sicht noch weitere Umwelten, mehr Wiederholungen und mehr Mykotoxinanalysen (ELISA etc.) sinnvoll gewesen, um belastbare genotypische Unterschiede für Fusariumresistenz nachweisen zu können. Budgetbegrenzungen haben das verhindert. Die Ertragsprüfungen in AP4 waren erfolgreich, aber auch eher eine Minimalversuchsserie, um die Eignung der Methode der genomischen Selektion in der praktischen Haferzüchtung prüfen zu können.

Nutzen und Verwertbarkeit des Ergebnisses

Es wurden neue Erkenntnisse zur Kreuzresistenz und der genetischen Variation für Trichombedeckung der Spelzen gewonnen, die in Aufbaukreuzungen für die Züchtungsarbeit des ZE nutzbar sind. Für die Wissenschaftspartner im Projekt ist die Publizierbarkeit der Ergebnisse wichtig. In den Versuchen zur Kreuzresistenz hat sich bestätigt, dass es bei Hafer sowohl artspezifische als auch artunspezifische Resistenzen gibt. Die Ergebnisse von FUGE zeigen, dass Prüfungen unter mindestens vier Umwelten und drei Wiederholungen pro Umwelt für eine verlässliche Resistenzbewertung angelegt werden sollten. Das wird die Selektion im praktischen Zuchtprozess erschweren, erhöht die Kosten und verzögert so die praktische Umsetzung der gewonnenen Erkenntnisse in neuen Hafersorten.

Der fehlende Nachweis einer genetischen Komponente für Anfälligkeitsunterschiede gegenüber Fp erzeugt die Frage, ob es für Fp tatsächlich keine genetisch bedingten Resistenzunterschiede gibt oder der Versuchsansatz ungeeignet war. In der Fachliteratur gibt es keine Studien, die reproduzierbare genotypische Unterschiede in der Resistenz gegenüber Fp zeigen. Um mittelfristig züchterisch zur Fp-Kontrolle beizutragen, wird der ZE die Stand- und Knickfestigkeit als Zuchtziel noch höher wichten und dabei auf das Kurzstrohgen *Dw6* verzichten. Des Weiteren kann eine Selektion auf Resistenz gegenüber T2-Produzenten (Fs)

dazu beitragen, auch die Fp-Anfälligkeit zu reduzieren, was beim ZE seit dem Vorgängerprojekt von FUGE bereits Praxis ist.

Der ZE Nordsaat Saatzucht GmbH bekam mit den Zuchtstämmen aus AP4 interessantes Ausgangsmaterial, welches phänotypisch und genotypisch gut charakterisiert ist und als Ausgangsmaterial für Aufbaukreuzungen innerhalb seines Zuchtprogramms weiter genutzt werden kann. Das RGS-Programm selbst wird im Rahmen des Folgeprojekts SEEH weitergeführt, an dem der ZE nicht beteiligt ist.

Fortschritte auf dem Gebiet des Vorhabens 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

Erfolgte oder geplante Veröffentlichungen der Ergebnisse

Folgende Veröffentlichungen wurden im Projekt getätigt bzw. sind geplant: „Oat resistance to different Fusarium species and relationship with trichome diversity“ Selma Schurack¹, Charlotte Rodemann², Steffen Beuch³, Sophie Brodführer^{4,6}, Klaus Oldach⁵, Andreas von Tiedemann², Matthias Herrmann¹

Erfolgskontrollbericht

Das wissenschaftlich-technische Ergebnis des Vorhabens, die erreichten Nebenergebnisse und die gesammelten wesentlichen Erfahrungen

Zu den Detailergebnissen der einzelnen Versuche in AP2 und AP4 sei auf die eingehende Darstellung verwiesen. Die Frage nach der Kreuzresistenz konnte dahingehend beantwortet werden, dass es sowohl artspezifische als auch artunspezifische Resistenz bei Hafer gegenüber Fusariumarten gibt, was sich mit Ergebnissen aus der Literatur deckt. Das bearbeitete Zuchtmaterial wurde von der Nordsaat Saatzeit GmbH geprüft und wird als Kreuzungspartner Eingang in den praktischen Zuchtprozess finden. Das RGS-Programm wird in einem Folgeprojekt fortgesetzt, dessen Ergebnisse dem ZE Nordsaat helfen werden, die praktische Nutzbarkeit dieser Technologie im eigenen Haferzuchtprogramm einschätzen zu können. Eine züchterische Verbesserung der Resistenzen gegen Fs, Fg und Fp gestaltet sich weiterhin schwierig, weil gegen Fs und Fg wegen der möglichen Artspezifität der Resistenz gesondert geprüft werden muss. Das erschwert die praktische Selektion und erhöht die Kosten. Zudem gibt es extreme Streuungen in der Fusarium-DNA bei Infektionsversuchen im Freiland, wodurch die genetischen Varianzfaktoren ggf. nicht erkannt werden. Hier wären neue versuchsmethodische Ansätze zur Reduktion des Versuchsfehlers zu begrüßen.

Gegenüber Fp wurde keine genetische Varianz für Resistenz gefunden. Um mittelfristig dennoch züchterisch die Fusariumresistenz zu verbessern, werden die Stand- und Knickfestigkeit noch stärker als bisher gewichtet und auf das Gen *Dw6* als Verzweigungsgen verzichtet. Der ZE sieht sich allerdings hier bereits sehr gut aufgestellt an, da die von ihm in Deutschland in den letzten Jahren zugelassenen Hafersorten gegenüber seinen Wettbewerbern zumeist eine deutliche Überlegenheit bei diesen beiden Wertmerkmalen aufweisen.

Verwertungsplan

Im Projekt gab es in den Arbeitspaketen 2 und 4 keine Schutzrechtsanmeldungen.

Die agronomisch besten Zuchtstämme werden von der Nordsaat für die Sortenentwicklung genutzt, so dass eine unmittelbare wirtschaftliche Verwertung gegeben ist.

Die wissenschaftliche Verwertung erfolgt bei den Wissenschaftspartnern im Rahmen von Publikationen und in Folgeprojekten. Eine Publikation zu den Trichomen und deren Einfluss auf die Fusariuminfektion ist kurz vor der Fertigstellung. Die Kreuzungen für den zweiten Zyklus der Rekurrenten Genomischen Selektion sind vollzogen und die F1 ausgelegt, um zeitnah die Genotypisierung vornehmen zu können. Die nächsten Zyklen werden im Rahmen des Projekts (FKZ 2822OE021) „Strategien für eine effizientere Haferzüchtung für den Ökoanbau“ durchgeführt, für das neben der Saatzucht Bauer, der JLU Gießen und dem JKI-RS noch der Ökozüchter Dottenfelder Hof Projektpartner ist.

Angaben zu Arbeiten, die zu keiner Lösung geführt haben.

Alle Versuche haben Ergebnisse gebracht, die Antworten auf die Versuchsfragen geben, ohne dass damit jedoch die Probleme der Mykotoxinakkumulation im Hafer komplett gelöst wären.

Die Fusariumprüfung in AP4 hat keine signifikanten Resistenzunterschiede nachweisen können, was einerseits wetterbedingt und andererseits budgetbedingt war (zu geringe Anzahl Umwelten, oder zu hohe Prüfgliedzahl).

Angaben über die Einhaltung der Ausgaben- und der Zeitplanung.

Die Ausgaben wurden im Wesentlichen sowohl zeitlich als auch mengenmäßig wie geplant getätigt.

Literatur

- Akinsanmi, O. A., Backhouse, D., Simpfendorfer, S. & Chakraborty, S. (2006). Pathogenic variation of *Fusarium* isolates associated with head blight of wheat in Australia. *Journal of Phytopathology*, 154 9: 513-521.
- 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.
- Alexander N (2008). The TRI101 story: engineering wheat and barley to resist *Fusarium* head blight. *World Mycotoxin J* 1:31–37
- 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
- Bai, G.; Shaner, G. (2004). Management and resistance in wheat and barley to *Fusarium* Head Blight. *Annu. Rev. Phytopathol.* 2004, 42, 135–161.
- Bekele WA, Wight CP, Chao S, Howarth CJ, Tinker NA. (2018). Haplotype-based genotyping-by-sequencing in oat genome research. *Plant Biotechnol J.*;16:1452-63.
- 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
- Boenisch, M.J., & Schäfer, W. (2011). *Fusarium graminearum* forms mycotoxin producing infection structures on wheat. *BMC Plant Biology*, 11, 110. <http://www.biomedcentral.com/1471-2229/11/110>
- Bottalico A, Perrone G. (2002). Toxigenic *Fusarium* species and mycotoxins associated with head blight in small-grain cereals in Europe. *Eur J Plant Pathol* 108:611–624.
- 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.
- Buerstmayr M, Buerstmayr H. (2015). Comparative mapping of quantitative trait loci for *Fusarium* head blight resistance and anther retention in the winter wheat population Capo x Arina. *Theor Appl Genet.* 128(8):1519–30. doi: 10.1007/s00122-015-2527-8
- Carlson M.O., Gracia Montilla-Bascon, Owen A. Hoekenga, Nicholas A. Tinker, Jesse Poland, Matheus Baseggio, Mark E. Sorrells, Jean-Luc Jannink, Michael A. Gore, Trevor H. Yeats. (2019). Multivariate genome-wide association analyses reveal the genetic basis of seed fatty acid composition in oat (*Avena sativa* L.). *Biorxiv*. doi: <https://doi.org/10.1101/589952>
- Cheat S., J. R. Gerez, J. Cognié, I. A.-Kpembi, A. P. F. L. Bracarense, I. Raymond-Letron, Isabelle P. Oswald and Martine Kolf-Clauw (2015). Nivalenol has a greater impact than deoxynivalenol on pig jejunum mucosa in vitro on explants and in vivo on intestinal loops. *Toxins* 2015, 7(6), 1945-1961; <https://doi.org/10.3390/toxins7061945>
- Chrpová, J., Šíp, V., Sumíková, T., Salava, J., Palicová, J., Štočková, L., Džuman, Z., Hajšlová, J., (2016). Occurrence of *Fusarium* species and mycotoxins in wheat grain collected in the Czech Republic. *WMJ* 9, 317–327.

- Dal Prá, Mauro; Tonti, Stefano; Montanari, Massimo; Stefani, Emilio; Alberti, Ilaria. (2014). Occurrence of *Fusarium langsethiae* on oat kernels in Italy / 7th ISTA Seed Health Symposium, pp. 32-33.
- 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
- Desjardins, A.E., 2006. *Fusarium Mycotoxins: Chemistry, Genetics, and Biology*. APS Press, St. Paul, Minnesota, USA.
- 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.
- Duba, A.; K. Goriewa-Duba; U. Wachowska; K. Głowacka; M. Wiwart (2019). The Associations between Leaf Morphology, Phenylalanine Ammonia Lyase Activity, Reactive Oxygen Species, and *Fusarium* Resistance in Selected Species of Wheat with Different Ploidy Levels. *Plants* 2019, 8(10), 360; <https://doi.org/10.3390/plants8100360>
- Edwards, S.G. (2009). *Fusarium* mycotoxin content of UK organic and conventional oats. *Food Additives and Contaminants*, 26, 1063–1069.
- Edwards, S.G. (2017). Impact of agronomic and climatic factors on the mycotoxin content of harvested oats in the United Kingdom. *Food Additives & Contaminants: PART A*, VOL. 34, NO. 12, 2230–2241
- 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.
- Eeuwijk, F.A., Mesterházy, Á., Kling, C.I., Ruckebauer, P., Saur, L., Bürstmayr, H., Lemmens, M., Maurin, M. & Snijders, C.H.A (1995). Assessing non-specificity of resistance in wheat to head blight caused by inoculation with European strains of *Fusarium culmorum*, *F. graminearum* and *F. nivale*, using a multiplicative model for interaction. *Theoretical and Applied Genetics*, 90, 221-228.
- 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
- Esvelt Klos, K., Yimer, B.A., Babiker, E.M., Beattie, A.D., Bonman, J.M., Carson, M.L., Chong, J. et al. (2017) Genome-wide association mapping of crown rust resistance in oat elite germplasm. *Plant Genome*, <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.10.0107>
- Eudes F., Collin J., Rioux S., Comeau A., 1997. The trichothecenes, a major component of wheat scab pathogenesis. *Cereal Research Communications* 25, 495–6
- 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.
- Fredlund, E., Gidlund, A., Sulyok, M., Börjesson, T., Krska, R., Olsen, M., & Lindblad, M. (2013). Deoxynivalenol and other selected *Fusarium* toxins in Swedish oat – Occurrence and correlation to specific *Fusarium* species. *International Journal of Food Microbiology*, 167, 276–283.

- Georgieva, P.; Herrmann, M.; von Tiedemann, A.; Karlovsky, P.; Beuch, S.; Sulyok, M.; Winter, M. (2018) Erstes Fusarium-Monitoring im deutschen Haferanbau - Ein Überblick aus dreijährigen Ergebnissen. Julius-Kühn-Archiv (2018): Julius-Kühn-Archiv, Nr. 461 (2018): 61. Deutsche Pflanzenschutztagung "Herausforderung Pflanzenschutz – Wege in die Zukunft", 11. - 14. September 2018, Universität Hohenheim, 390–391
- 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
- Gilsinger, J., Kong, L., Shen, X. & Ohm, H. (2005). DNA markers associated with low Fusarium head blight incidence and narrow flower opening in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 110, 1218-1225.
- Gosman N., Srinivasachary, A. Steed, E. Chandler, M. Thomsett and P. Nicholson (2010). Evaluation of type I Fusarium head blight resistance of wheat using non-deoxynivalenol-producing fungi. *Plant Pathology* (2010) 59, 147–157 Doi: 10.1111/j.1365-3059.2009.02202.x
- Graham, S. & Browne, R.A. (2009). Anther extrusion and Fusarium head blight resistance in European wheat. *Journal of Phytopathology* 157, 580–582.
- 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.
- He, X., Skinnies, H., Oliver, R., Jackson, E.W., & Bjørnstad, Å. (2013). Linkage mapping and identification of QTL affecting deoxynivalenol (DON) content (Fusarium resistance) in oats (*Avena sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 126, 655-2670. <https://doi.org/10.1080/19440049.2017.1372639>
- Herrmann, M., B. Schmehe, S. Brodführer 2020b. Kleistogamer Hafer zur nachhaltigen Vermeidung von Flugbrand (KLAR). Schlussbericht FKZ_2815NA107 https://service.ble.de/ptdb/index2.php?detail_id=318407&site_key=141&sLfd=laufend&zeilenzahl_zaehler=1599&NextRow=440
- Herrmann, M.H., J. Hautsalo, P. Georgieva, A. Bund, M. Winter, St. Beuch. 2020a. Relationship between genetic variability of flowering traits and Fusarium mycotoxin contamination in oats. *Crop Sci.* 60:852–862.
- Hietaniemi, V., Sari Rämö, Tapani Yli-Mattila, Marika Jestoi, Sari Peltonen, Mirja Kartio, Elina Sieviläinen, Tauno Koivisto & Päivi Parikka (2016) Updated survey of Fusarium species and toxins in Finnish cereal grains, *Food Additives & Contaminants: Part A*, 33:5, 831-848, DOI: 10.1080/19440049.2016.1162112
- 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., Aamot, H. U., Torp, T., Jestoi, M., Lattanzio, V. M. T., Klemsdal, S. S., Waalwijk, C., van der Lee, T., & Brodal, G. (2016a). Associations between Fusarium species and mycotoxins in oats and spring wheat from farmers' fields in Norway over a six-year period. *World Mycotoxin Journal*, 9(3), 365–378. <https://doi.org/10.3920/Wmj2015.2003> .
- 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
- Hofgaard, I. S., Seehusen, T., Aamot, H. U., Riley, H., Razzaghian, J., Le, V. H., et al. (2016b). Inoculum potential of Fusarium spp. relates to tillage and straw Management in Norwegian Fields of spring oats. *Frontiers in Microbiology*, 7, 556. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00556>
- Holzknicht, P., P. Bury, M. Lemmens and H. Buerstmayr (2009). Fusarium head blight in barley: identification of the causal Fusarium species in Europe and testing of resistance using artificial inoculation. 60. Tagung der Vereinigung der Pflanzenzüchter und Saatgutkaufleute Österreichs

- der Vereinigung Pflanzenzüchter Saatgutkaufleute Österreichs 2009, ISBN: 978-3-902559-37-1: 177 – 178
- 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.
- Imboden, L.; Afton, D.; Trail, F. (2018). Surface interactions of *Fusarium graminearum* on barley. *Mol. Plant Pathol.* 19, 1332–1342.
- Jansen C, von Wettstein D, Schäfer W, Kogel K-H, Felk A, Maier FJ. (2005). Infection patterns in barley and wheat spikes inoculated with wild-type and trichodiene synthase gene disrupted *Fusarium graminearum*. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 102: 16892–16897.
- Janssen, E.M.; Liu, C.; Van der Fels-Klerx, H.J. (2018). *Fusarium* infection and trichothecenes in barley and its 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](https://doi.org/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.
- Karlovsky P. (2011). Biological detoxification of the mycotoxin deoxynivalenol and its use in genetically engineered crops and feed additives. *Appl Microbiol Biotechnol* 91:491–504. DOI [10.1007/s00253-011-3401-5](https://doi.org/10.1007/s00253-011-3401-5).
- 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>
- Kiecana, I., Cegiełko M., Mielniczuk, E. & Perkkowski J. (2012). The occurrence of *Fusarium poae* (Peck) Wollenw. on oat (*Avena sativa* L.) panicles and its harmfulness. *Acta Agrobotanica* Vol. 65 (4), 2012: 169–178 DOI: 10.5586/aa.2012.035
- Kimura, M., Kaneko, I., Komiyama, M., Takatsuki, A., Koshino, H., Yoneyama, K. and Yamaguchi, I., (1998). Trichothecene 3-O-acetyltransferase protects both the producing organism and transformed yeast from related mycotoxins. *The Journal of Biological Chemistry* 273: 1654-1661
- 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.
- Kubo, K., Fujita, M., Kawada, N., Nakajima, T., Nakamura, K., Maejima, H., Ushiyama, T., Hatta, K. & Matsunaka, H. (2013). Minor differences in anther extrusion affect resistance to *Fusarium* head blight in wheat. *Journal of Phytopathology*, 161, 308–314

- 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>
- 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*, **100**, 35-746.
- Langseth, W. & Rundberget, T. (1999). The occurrence of HT-2 toxin and other trichothecenes in Norwegian cereals. *Mycopathologia*, **147**, 157-165.
- Lattanzio, V.M.T.; Visconti, A.; Haidukowski, M.; Pascale, M. (2012). Identification and characterization of new *Fusarium* masked mycotoxins, T2 and HT2 glycosyl derivatives, in naturally contaminated wheat and oats by liquid chromatography-high-resolution mass spectrometry. *J Mass Spectrom* **2012**, **47**, 466–475.
- Leslie J.F., B.A. Summerell (2006). *The Fusarium Laboratory Manual*. Wiley-Blackwell. Oxford, UK, 388 Pages, ISBN: 978-0-813-81919-8.
- Li, X., Michlmayr, H., Schweiger, W., Malachova, A., Shin, S., Huang, Y., Dong, Y., Wiesenberger, G., McCormick, S., Lemmens, M., Fruhmann, P., Hametner, C., Berthiller, F., Adam, G. & Muehlbauer, G.J. (2017). A barley UDP-glucosyltransferase inactivates nivalenol and provides *Fusarium* Head Blight resistance in transgenic wheat. *J. Exp. Bot.* **68**, 2187-2197.
- Li, X., Shin, S., Heinen, S., Dill-Macky, R., Berthiller, F., Nersesian, N., Clemente, T., McCormick, S. & Muehlbauer, G.J. (2015). Transgenic wheat expressing a barley UDP-glucosyltransferase detoxifies deoxynivalenol and provides high levels of resistance to *Fusarium graminearum*. *Mol. Plant Microbe Interact.* **28**, 1237-1246.
- Linkmeyer, A., Goetz, M., Hu, L., Asam, S., Rychlik, M., Hausladen, H., Hess, M. & Huckelhoven, R. (2013). Assessment and introduction of quantitative resistance to *Fusarium* head blight in elite spring barley. *Phytopathology*, **103**, **12**, 1252-1259.
- Liu, W., Langseth, W., Skinnis, 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>
- Maier, F.J., Miedaner, T., Hadelers, B., Felk, A., Salomon, S., Lemmens, M., Kassner, H., Schäfer, W., (2006). Involvement of trichothecenes in fusarioses of wheat, barley and maize evaluated by gene disruption of the trichodiene synthase (Tri5) gene in three field isolates of different chemotype and virulence. *Mol. Plant Pathol.* **7**, 449–461. doi:10.1111/j.1364-3703.2006.00351.x.
- 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.
- Mesterházy, A., (2005). Common resistance to different *Fusarium* spp. causing *Fusarium* head blight in wheat. *European Journal of Plant Pathology*, **112**, 267–281.
- Mesterházy, A., Bartok, T., Mirocha, C.G., & Komoroczy, R., (1999). Nature of wheat resistance to *Fusarium* head blight and the role of deoxynivalenol for breeding. *Plant Breeding*, **118**, 97–110.
- 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

- Michlmayr, H.; Varga, E.; Malachová, A.; Fruhmann, P.; Piątkowska, M.; Hametner, C.; Šofrová, J.; Jaunecker, G.; Häubl, G.; Lemmens, M.; Berthiller, F.; Adam, G., (2018). UDP-glucosyltransferases from rice, Brachypodium, and barley: substrate specificities and synthesis of type A and B trichothecene-3-O-β-d-glucosides. *Toxins* 2018, 10, 111.
- Miedaner T. and C. Reinbrecht, (2001). Trichothecene content of rye and wheat genotypes inoculated with a deoxynivalenol- and a nivalenol-producing isolate of *Fusarium culmorum*. *Journal of Phytopathology*, 149: 245-251. doi:10.1046/j.1439-0434.2001.00608.x
- Miller, J.D., Young, J.C. & Sampson, R.D., (1985). Deoxynivalenol and *Fusarium* head blight resistance in spring cereals. *Phytopathologische 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
- Nguyen, T.T.X., Dehne, H.-W. and Steiner, U., (2016). Maize leaf trichomes represent an entry point of infection for *Fusarium* species. *Fungal Biol.* 120, 895–903.
- Nielsen LK, Jensen JD, Nielsen GC, Jensen JE, Spliid NH, Thomsen IK, Justesen AF, Collinge DB, Jørgensen LN., (2011). *Fusarium* head blight of cereals in Denmark: species complex and related mycotoxins. *Phytopathology* 101:960–969.
- 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.
- Oliver RE, Lazo GR, Lutz JD, Rubenfield MJ, Tinker NA, Anderson JM, et al., (2011). Model SNP development for complex genomes based on hexaploid oat using high-throughput 454 sequencing technology. *BMC Genomics.* 2011; 12(77).
- 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.
- Parikka, P., Hakala, K. & Tiilikkala, K., (2012). Expected shifts in *Fusarium* species' composition on cereal grain in Northern Europe due to climatic change. *Food Additives and Contaminants: Part A*, 29, 10, 1543-1555.
- Peraldi, A., Beccari, G., Steed, A. and Nicholson, P., (2011) *Brachypodium distachyon*: a new pathosystem to study *Fusarium* head blight and other *Fusarium* diseases of wheat. *BMC Plant Biol.* 11, 100.
- Pfordt, A.; Ramos Romero, L.; Schiwiek, 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
- Proctor R.H., Hohn T.M., McCormick S.P., (1995). Reduced virulence of *Gibberella zeae* caused by disruption of a trichothecene toxin biosynthetic gene. *MPMI*, 8(4):593-601
- 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.
- Schöneberg, T., Jenny, E., Wettstein, F. E., Bucheli, T. D., Mascher, F., Bertossa, M., Musa, T., Gräfenhan, T., Keller, B., & Vogelsang, S., (2018). Occurrence of *Fusarium* species and mycotoxins in Swiss oat – Impact of cropping factors. *European Journal of Agronomy*, 92, 123–132.
- Schroeder, H.W. & Christensen, J.J., (1963). Factors affecting resistance of wheat to scab caused by *Gibberella zeae*. *Phytopathology* 53, 831-838.
- Šíp, 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.
- Skinnes, H., Semagn, K., Tarkegne, Y., Marøy, A.G. & Børnstad, Å., (2010). The inheritance of anther extrusion in hexaploid wheat and its relationship to *Fusarium* head blight resistance and deoxynivalenol content. *Plant Breed*, 129, 149–155.
- Steiner, B., Buerstmayr, M., Wagner, C. et al., (2019) Fine-mapping of the *Fusarium* head blight resistance QTL *Qfhs.ifa-5A* identifies two resistance QTL associated with anther extrusion. *Theor Appl Genet* 132: 2039. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03336-x>
- Strange, R.N., A. Derano & Smith, H., (1978). Virulence enhancement of *Fusarium graminearum* by choline and betaine and of *Botrytis cinerea* by other constituents of wheat germ. *Transactions of the British Mycological Society*, 70, 201-207.
- Tekauz, A., Mitchell Fetch, J.W., Rosnagel, B. & Savard, M.E., (2008). Progress in assessing the impact of *Fusarium* head blight on oat in western Canada and screening of *Avena* germplasm for resistance. *Cereal Research Communications*, 36B, 49–56.
- Tekle S., Lillemo M., Skinnes H., Reitan L., Buraas T., Børnstad Å., (2018). Screening of oat accessions for *Fusarium* head blight resistance using spawn-inoculated field experiments. *Crop Sci.* <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.04.0264>
- Tekle, S., Dill-Macky, R., Skinnes, H., Tronsmo, A.M. & Bjornstad, A. (2012). Infection process of *Fusarium graminearum* in oats (*Avena sativa* L.). *European Journal of Plant Pathology*, 132, 431–442.
- Thrane, U., Adler, A., Clasen, P. E., Galvano, F., Langseth, W., Logrieco, A., et al., (2004). Diversity in metabolite production by *Fusarium langsethiae*, *Fusarium poae*, and *Fusarium sporotrichioides*. *International Journal of Food Microbiology*, 95(3), 257–266
- Tinker NA, Chao S, Lazo GR, Oliver RE, Huang Y, Poland JA, et al., (2014). A SNP genotyping array for hexaploid oat. *Plant Genome*. 7(3)
- 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.
- Toth, B., Kaszonyi, T., Bartok, T., Varga, J. & Mesterházy, A., (2008). Common resistance of wheat to members of the *Fusarium graminearum* species complex and *F. culmorum*. *Plant Breeding*, 127, 1–8.
- 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>
- Vanheule, A.; Audenaert, K.; De Boevre, M.; Landschoot, S.; Bekaert, B.; Munaut, F.; Eeckhout, M.; Höfte, M.; De Saeger, S.; Haesaert, G., (2014). The compositional mosaic of *Fusarium* species and

- their mycotoxins in unprocessed cereals, food and feed products in Belgium. *Int. J. Food Microbiol.* 181, 28–36.
- Vogelgsang, S., M. Beyer, M. Pasquali, E. Jenny, T. Musa, T. D. Bucheli, F. E. Wettstein., H.-R. Forrer, (2019). An eight-year survey of wheat shows distinctive effects of cropping factors on different *Fusarium* species and associated mycotoxins. *European Journal of Agronomy* 105 (2019) 62–77. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2019.01.002>
- 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.
- Wang, Qing, (2015). The pathosystem wheat (*Triticum aestivum*) root-*Fusarium graminearum*: complex plant responses and fungal strategies. Diss. Justus Liebig University Giessen, 169 p.
- 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
- Xu, X., Madden, L.V. & Edwards, S.G., (2014). Modeling the effects of environmental conditions on HT2 and T2 toxin accumulation in field oat grains. *Phytopathology*, 104, 1, 57-66.
- 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.
- Yoshida M, Kawada N, Nakajima T., (2007) Effect of infection timing on *Fusarium* head blight and mycotoxin accumulation in open- and closed-flowering barley. *Phytopathology* 97:1054–1062.
- Yoshida M, Kawada N, Tohnooka T., (2005) Effect of row type, flowering type and several other spike characters on resistance to *Fusarium* head blight in barley. *Euphytica* 141:217–227.
- 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.