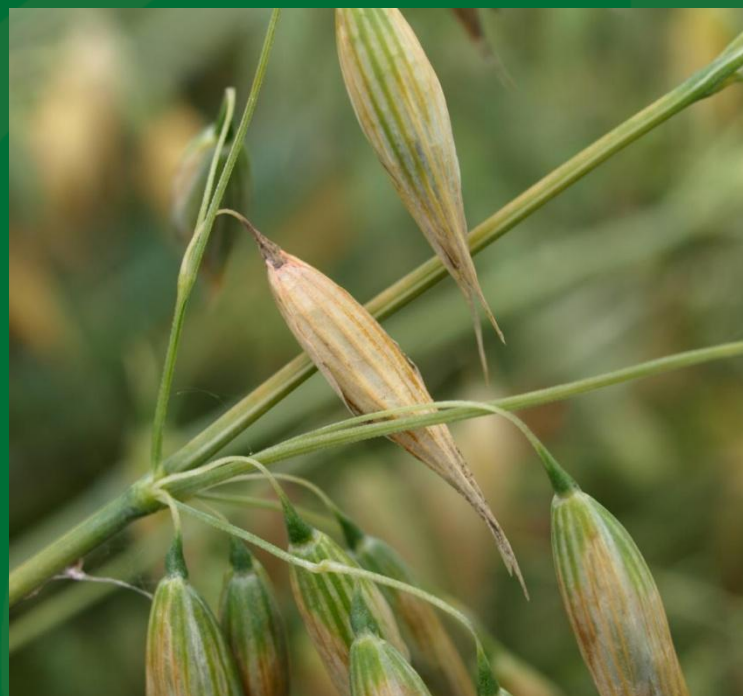
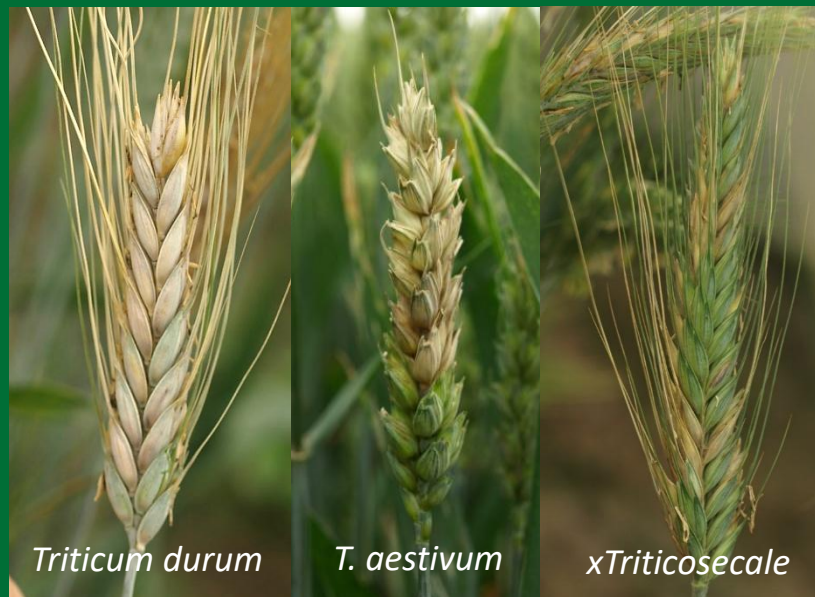


Fuzarioza kłosów pszenicy: aktualny stan wiedzy i najnowsze odkrycia



Objawy fuzariozy kłosów na kłosach różnych gatunków zbóż



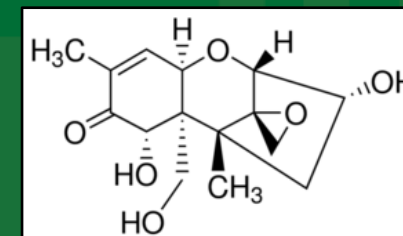
Fuzarioza kłosów



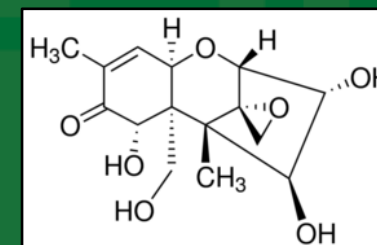
Uszkodzenie ziarniaków



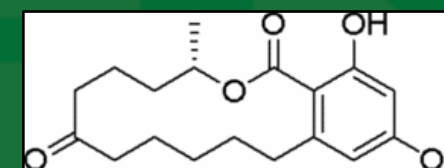
Produkcja toksyn fuzaryjnych



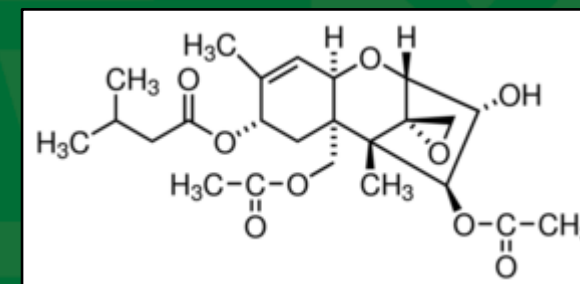
Deoksyniwalenol



Niwalenol



Zearalenon



Toksyna T-2

Limity zawartości deoksyniwalenu, toksyn T-2/HT-2 i zearalenonu w ziarnie i produktach zbożowych wg najnowszych Rozporządzeń Komisji UE

Produkt	Maksymalna zawartość (µg/kg)
Nieprzetworzone zboża inne niż pszenica durum, owies i kukurydza	1000
Pszenica durum i kukurydza, nieprzetworzone	1500
Nieprzetworzona ziarna owsa	1750
Zboża przeznaczone do bezpośredniego spożycia przez ludzi, mąka zbożowa, otręby oraz zarodki jako produkt końcowy wprowadzany na rynek do bezpośredniego spożycia	750
Chleb (w tym małe produkty piekarnicze), ciasta, herbatniki, przekąski zbożowe i płatki śniadaniowe	400
Makaron (suchy)	600
Przetworzona żywność na bazie zbóż oraz żywność dla niemowląt i małych dzieci	150

Produkt	Maksymalna zawartość (µg/kg)
Nieprzetworzone ziarna zbóż	50
Nieprzetworzone ziarna zbóż jęczmienia browarnego	200
Nieprzetworzone ziarna zbóż jęczmienia	150
Nieprzetworzone ziarna kukurydzy i nieprzetworzone ziarna pszenicy durum	100
Nieprzetworzone ziarna owsa z niejadalną łuską	1250
Zboża przeznaczone do bezpośredniego spożycia przez ludzi	20
Owies przeznaczony do bezpośredniego spożycia przez ludzi	100
Jęczmień, kukurydza i pszenica durum przeznaczone do bezpośredniego spożycia przez ludzi	50

Produkt	Maksymalna zawartość (µg/kg)
Nieprzetworzone zboża inne niż kukurydza	100
Nieprzetworzona kukurydza	350
Zboża przeznaczone do bezpośredniego spożycia przez ludzi, mąka zbożowa, otręby oraz zarodki jako produkt końcowy wprowadzany na rynek do bezpośredniego spożycia	75
Chleb (w tym małe produkty piekarnicze), ciasta, herbatniki, przekąski zbożowe i płatki śniadaniowe	50
Olej kukurydziany rafinowany	400
Chleb (w tym małe produkty piekarnicze), ciasta, herbatniki, przekąski zbożowe i płatki śniadaniowe, z wyjątkiem przekąsek kukurydzianych i płatków śniadaniowych na bazie kukurydzy	50
Kukurydza przeznaczona do bezpośredniego spożycia przez ludzi, przekąski kukurydziane i płatki śniadaniowe na bazie kukurydzy	100
Przetworzona żywność na bazie zbóż oraz żywność dla niemowląt i małych dzieci	20

Rozporządzenie Komisji UE 2024/1022 z dnia 8 kwietnia 2024 r. zmieniające rozporządzenie (UE) 2023/915 w odniesieniu do najwyższych dopuszczalnych poziomów deoksyniwalenu w żywności. 2024. Dziennik Urzędowy L 1022. <http://data.europa.eu/eli/reg/2024/1022/oj>

Rozporządzenie Komisji (UE) 2024/1038 z dnia 9 kwietnia 2024r. zmieniające rozporządzenie (UE) 2023/915 w odniesieniu do najwyższych dopuszczalnych poziomów toksyn T-2 i HT-2 w żywności. 2024. Dziennik Urzędowy L 1038. <http://data.europa.eu/eli/reg/2024/1038/o>

Rozporządzenie Komisji (WE) NR 1126/2007 z dnia 28 września 2007 r. zmieniające rozporządzenie (WE) nr 1881/2006 ustalające najwyższe dopuszczalne poziomy niektórych zanieczyszczeń w środkach spożywczych w odniesieniu do toksyn *Fusarium* w kukurydzy i produktach z kukurydzy

Fuzarioza kłosów pszenicy powodowana jest przez następujące gatunki grzybów rodzaju *Fusarium*:

- *Fusarium culmorum* (FSAMSC¹, kład *Graminearum*)
- *Fusarium avenaceum* (FTSC²)
- *Fusarium graminearum* s.s. (FGSC³ -> FSAMSC, kład *Graminearum*)

Inne ważne gatunki:

- *F. poae* (FSAMSC, kład *Sambucinum*)
- *F. sporotrichioides* (FSAMSC, kład *Sporotrichioides*),
- *F. langsethiae* (FSAMSC, kład *Sporotrichioides*)

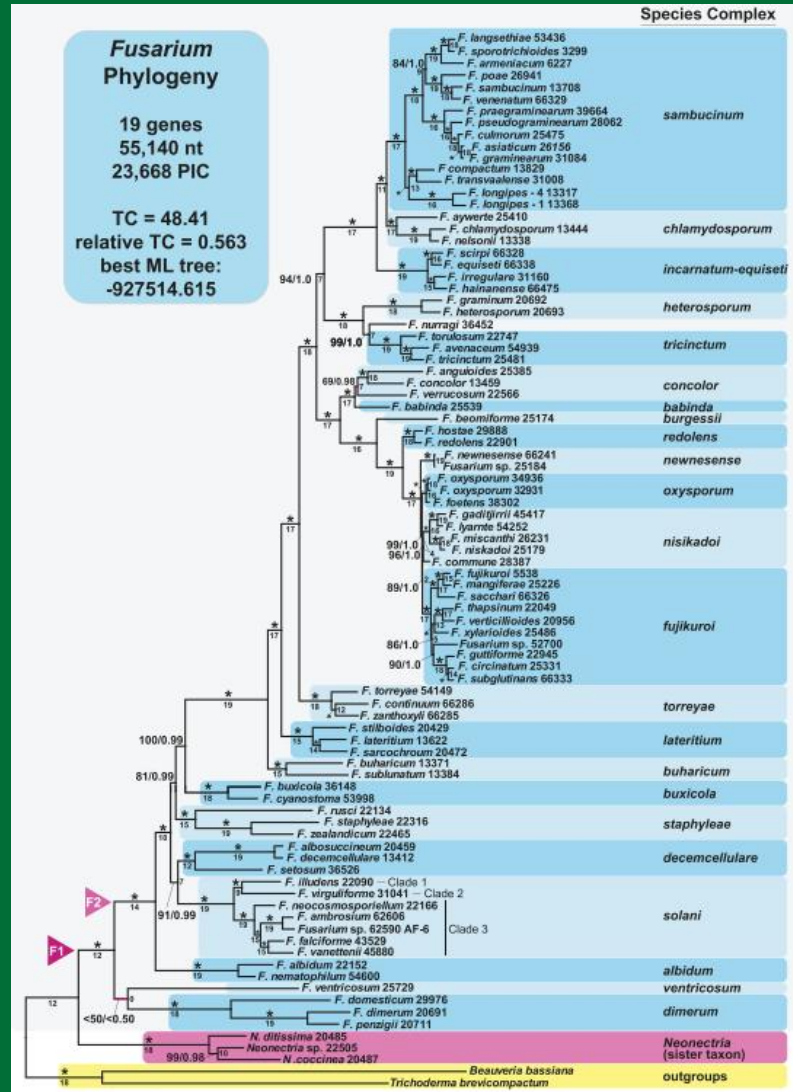
¹ *Fusarium sambucinum* species complex

² *Fusarium tricinctum* species complex

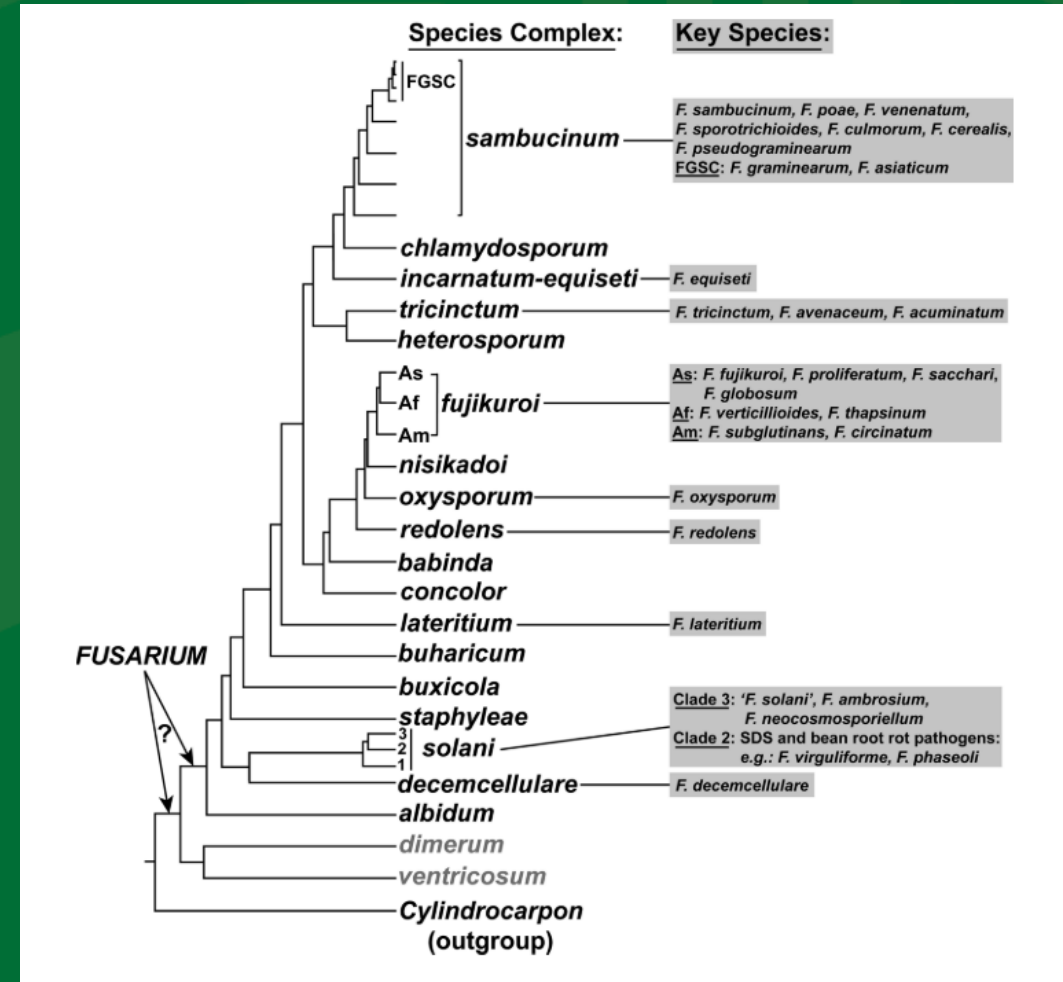
³ *Fusarium graminearum* species complex – kompleks 16 gatunków

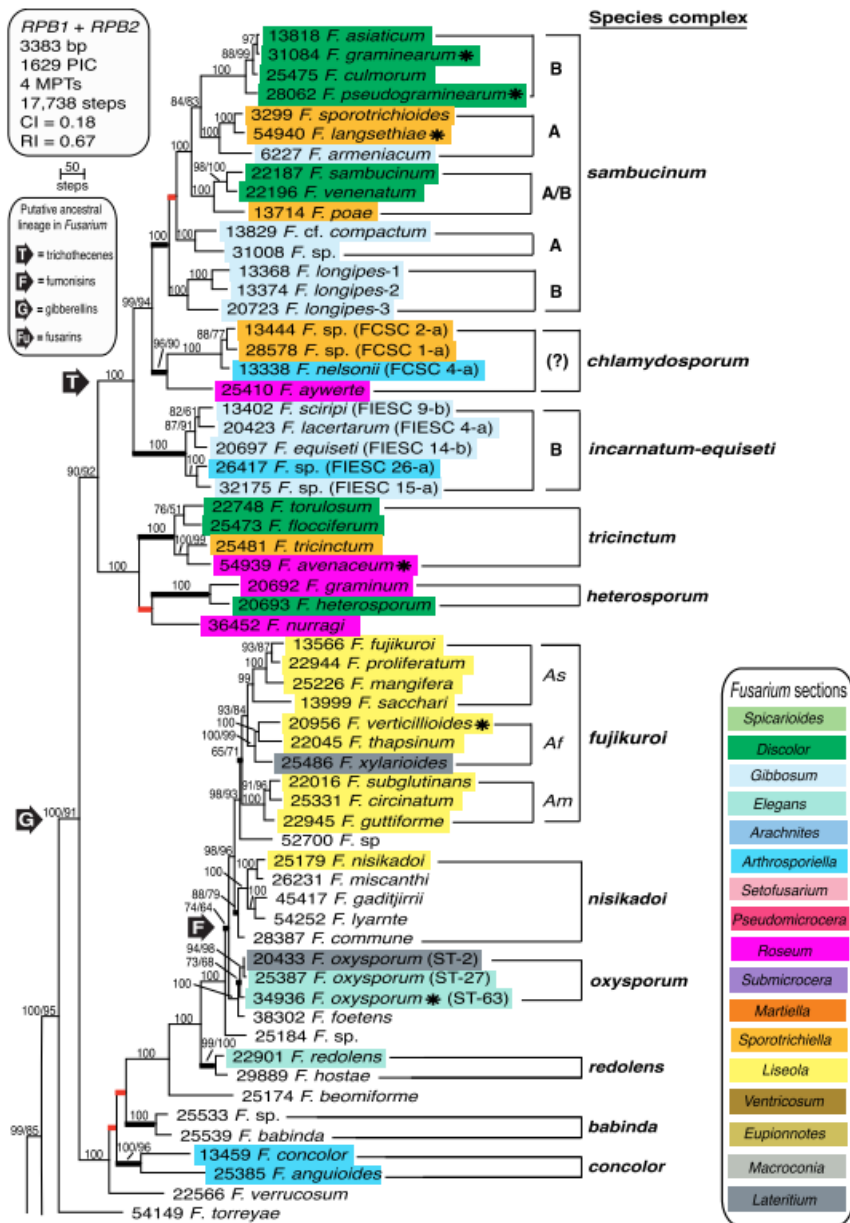


Filogram rodzaju *Fusarium*, oparty na pełnowymiarowych sekwencjach nukleotydowych 19 genów kodujących białka



Pokrewieństwo filogenetyczne kluczowych gatunków *Fusarium*





Filogram rodzaju *Fusarium*, oparty na sekwencjach nukleotydowych genów kodujących dwie podjednostki białka polimerazy RNA II

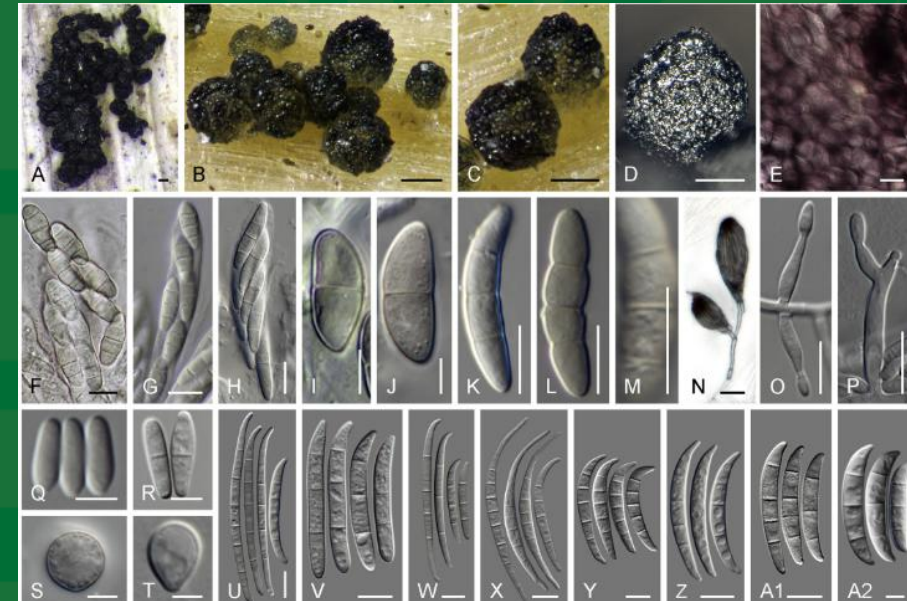
O'Donnell et al. 2013. Fungal Genetics and Biology 52: 20–31

Kolorami zaznaczono wcześniej obowiązujący podział rodzaju *Fusarium* na sekcje na podstawie cech morfologicznych.

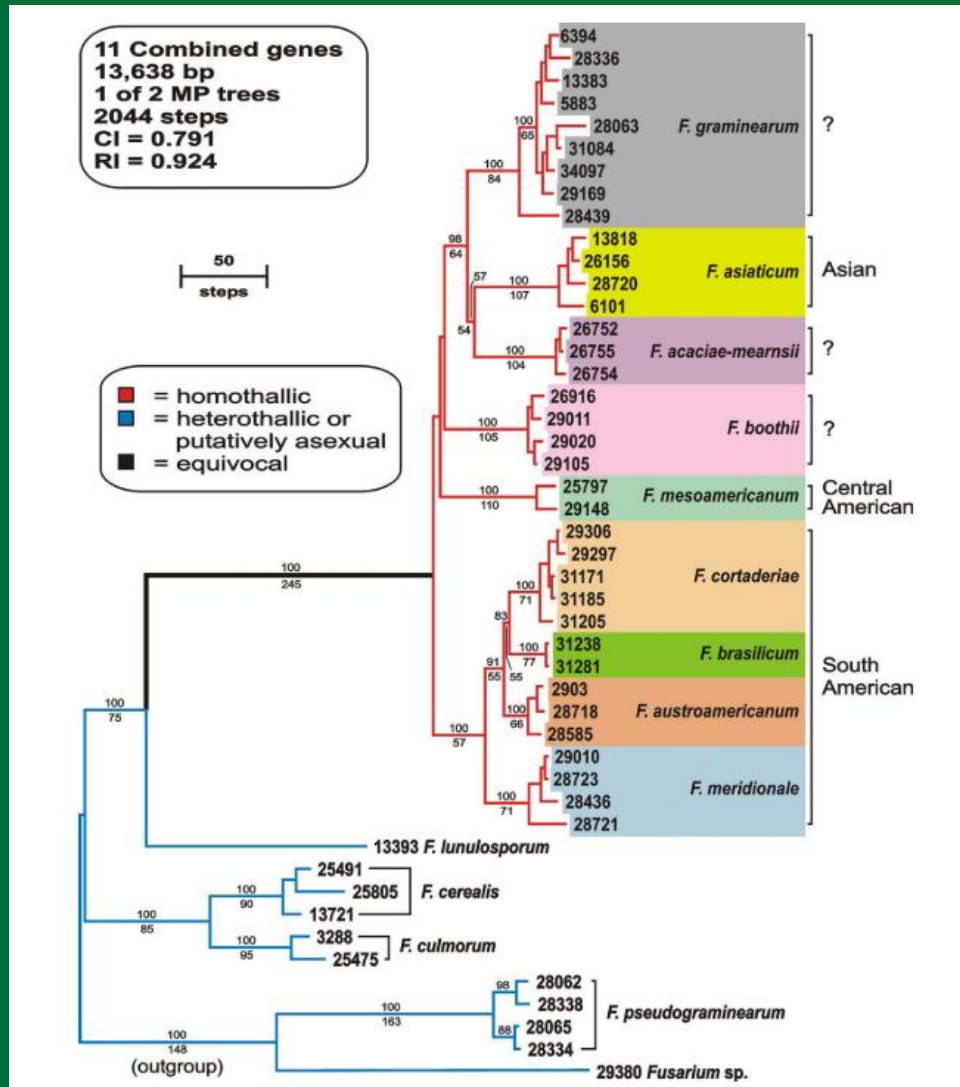
T – obecność klastra genów szlaku produkcji trichotecenów
F – obecność klastra genów szlaku produkcji fumonizyn
G – obecność klastra genów szlaku produkcji giberelin

Produkcja trichotecenów:
A – trichoteceny typu A
B – trichoteceny typu B

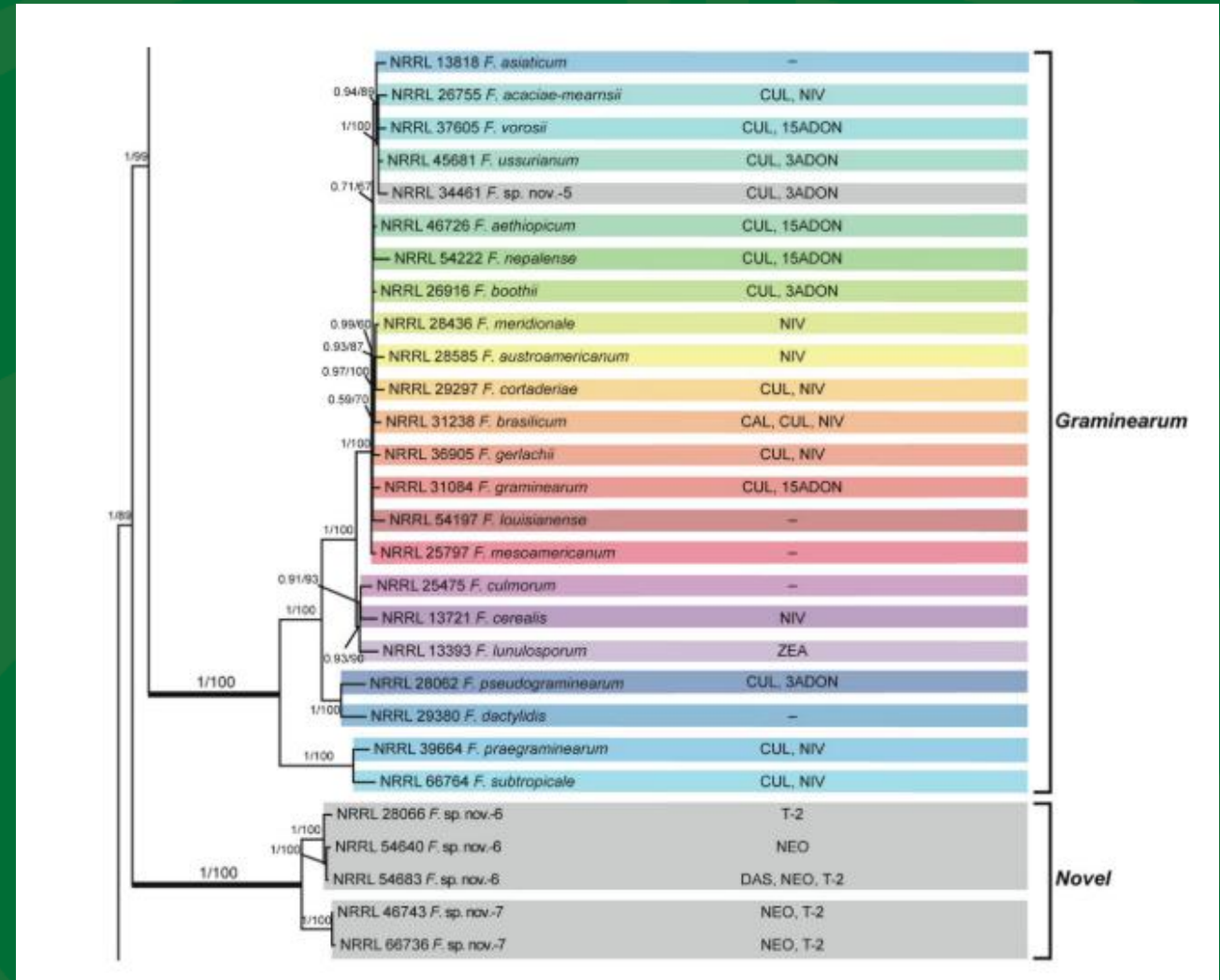
Klady w *F. fujikuroi* species complex:
As – azjatycki
Af – afrykański
Am – amerykański



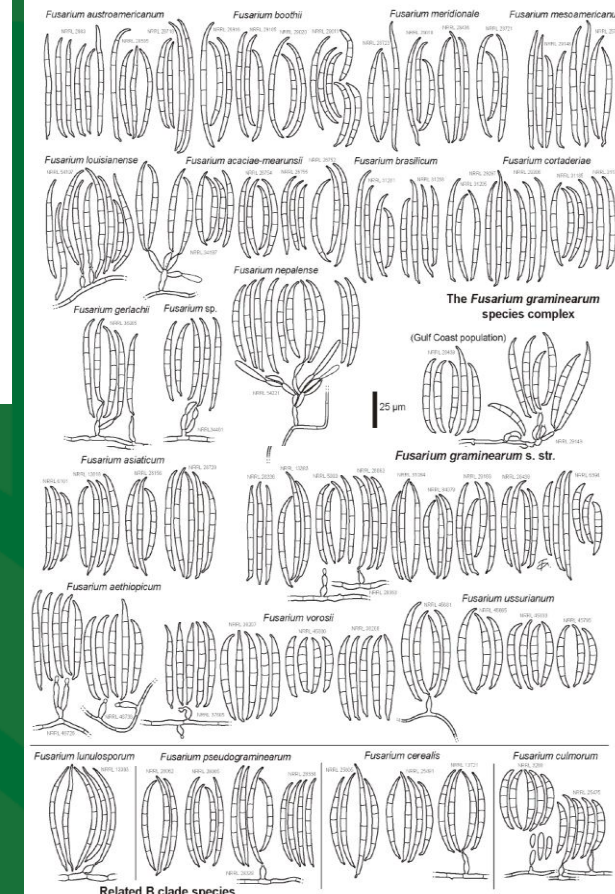
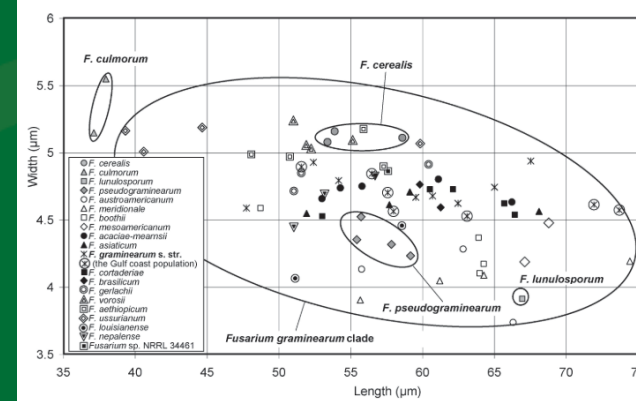
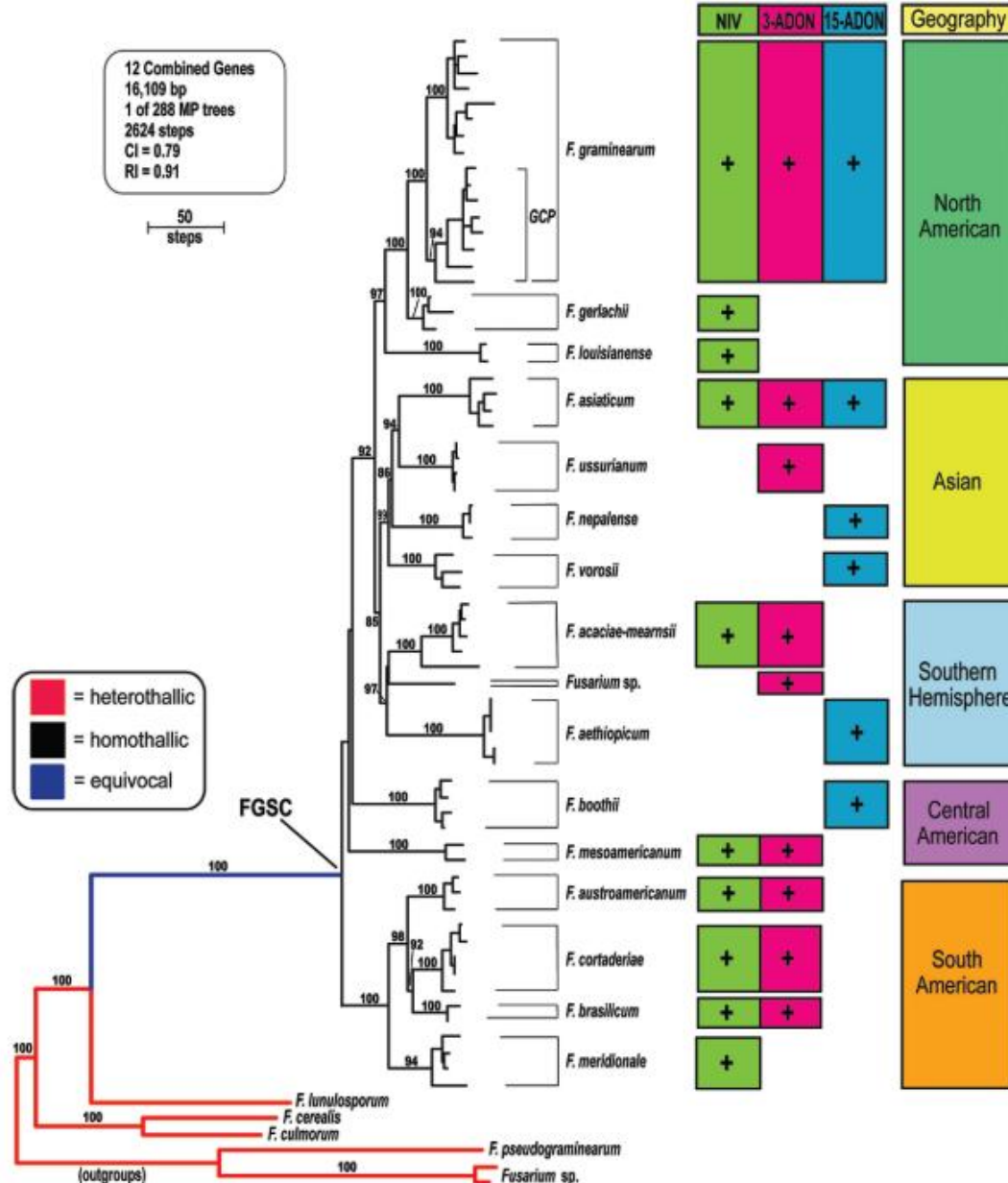
Gatunki w ramach *Fusarium graminearum* species complex identyfikowane wcześniej na podstawie cech morfologicznych jako *Fusarium graminearum*



9 gatunków w FGSC – O’Donnell et al. 2004



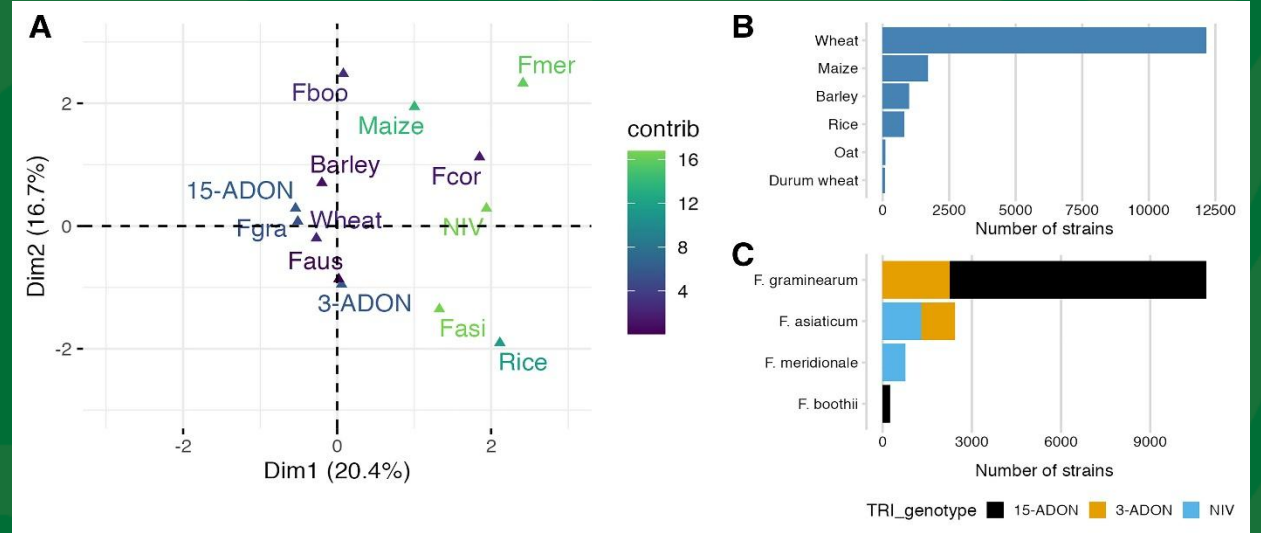
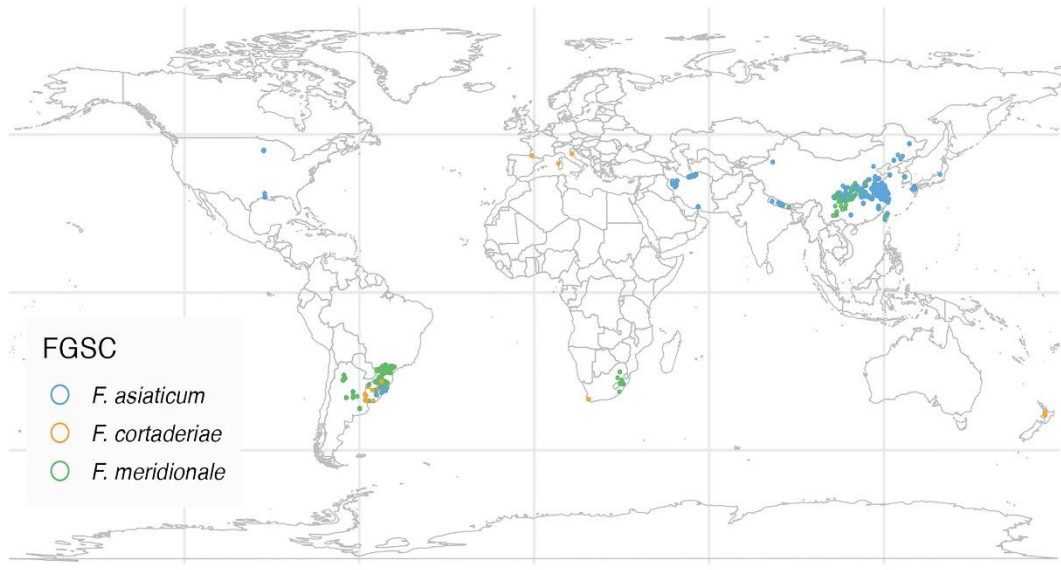
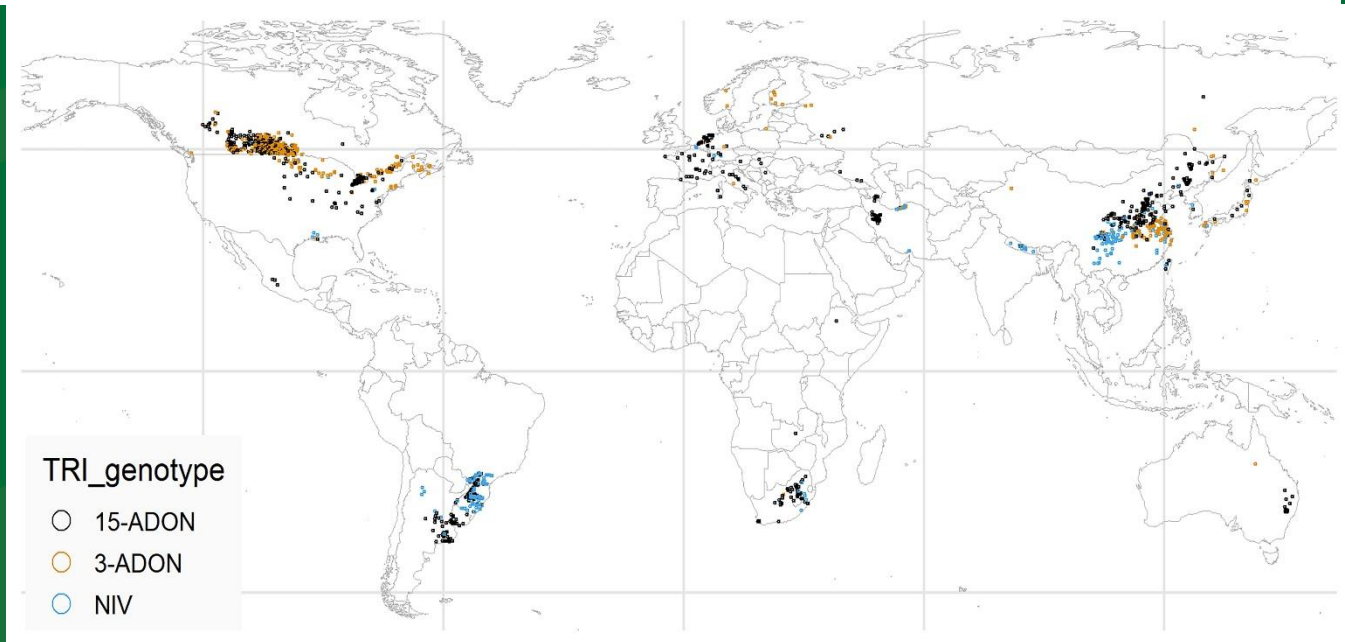
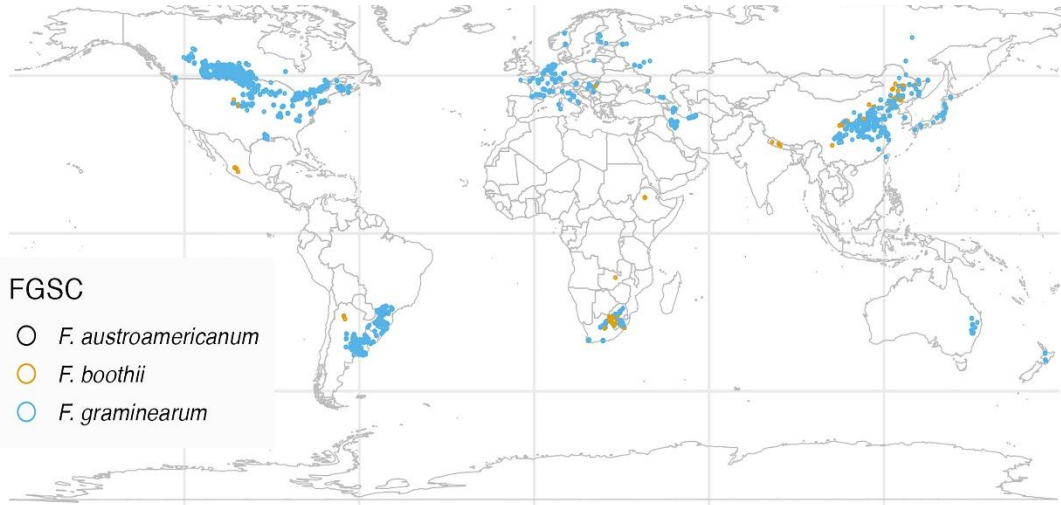
Laraba et al. 2021 – 16 gatunków w FGSC



Chemotypy TRI (3-ADON, 15-ADON, NIV) gatunków w kompleksie FGSC, główne regiony ich występowania oraz cechy morfologiczne makrokonidiów w porównaniu z pokrewnymi gatunkami *Fusarium* z kompleksu FSAMSC

Aoki, T., Ward, T.J., Kistler, H.C., O'donnell, K. 2012. Systematics, Phylogeny and Trichothecene Mycotoxin Potential of Fusarium Head Blight Cereal Pathogens. *Mycotoxins*. 62 (2): 91–102

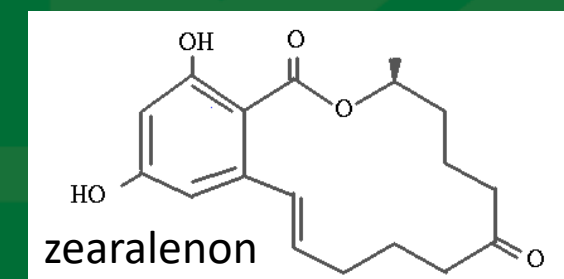
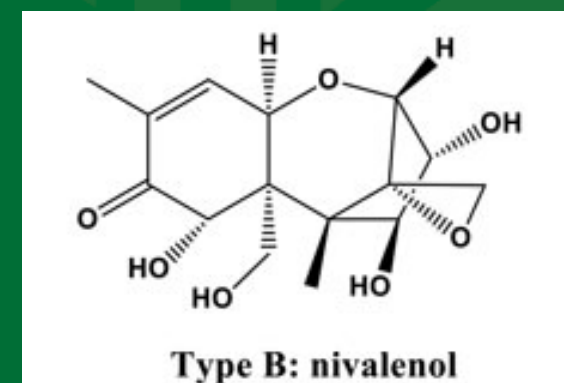
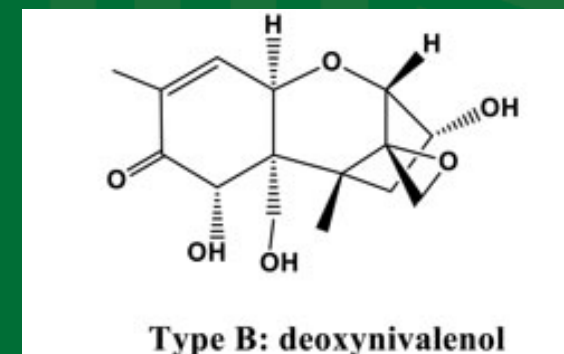
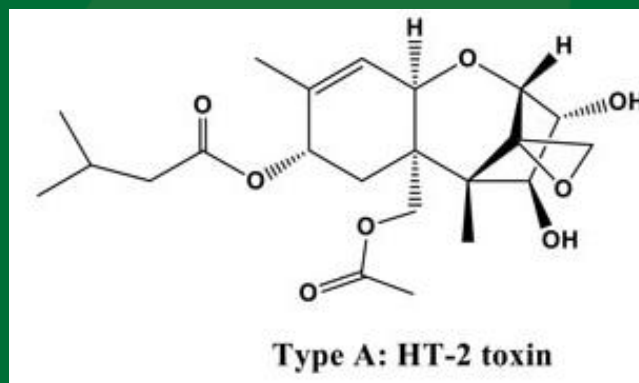
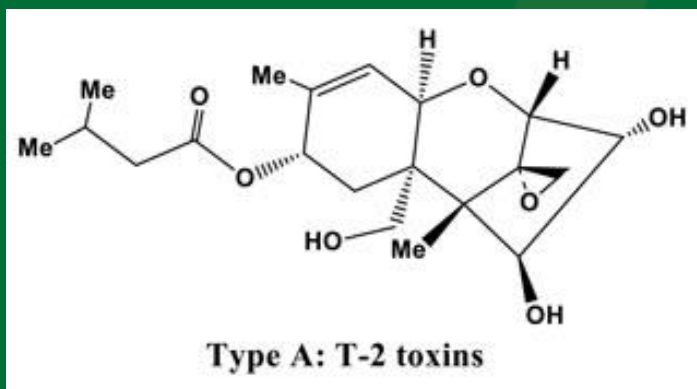
Występowanie gatunków z kompleksu FGSC oraz chemotypów TRI w tym kompleksie (Del Ponte i in. 2022)



Najważniejsze mikotoksyny wytwarzane przez gatunki rodzaju *Fusarium* porażające zboża:

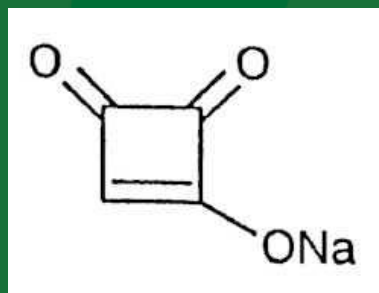
- deoksynivalenol (DON) – *F. culmorum*, FGSC
- niwalenol (NIV) – FGSC, *F. culmorum*, *F. poae*
- zearalenon – FGSC, *F. culmorum*
- T-2 toksyna, HT-2 toksyna – *F. sporotrichioides*, *F. langsethiae*

Trichoteceny z grupy B Trichoteceny z grupy A

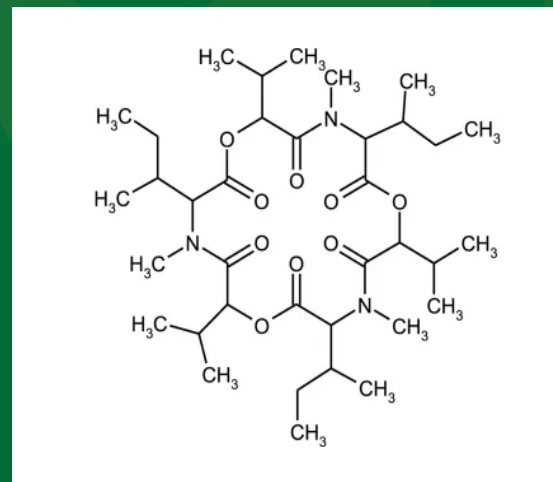


Inne mikotoksyny wytwarzane przez gatunki rodzaju *Fusarium* porażające zboża, które w ostatnich latach stały się obiektem badań (emerging toxins):

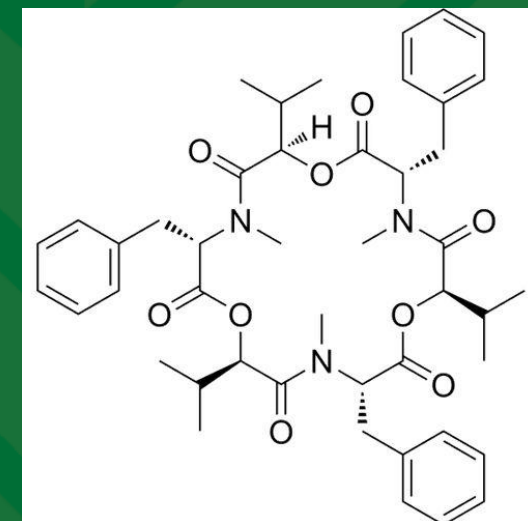
- Enniatyny (EN A, A1, B, B1) – *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum*, *F. sporotrichioides*, *F. langsethiae*, *F. culmorum*
- Beauwerycyna (BEA) – *F. avenaceum*, *F. poae*, *F. tricinctum*, *F. sporotrichioides*, *F. langsethiae*,
- Moniliformina – *F. avenaceum*, *F. tricinctum*
- NX-2, NX-3 – *F. graminearum* s.s.



Moniliformina



Enniatyna A



Beauwerycyna

Gatunki grzybów *Fusarium* i tworzone przez nie mikotoksyny w kulturach laboratoryjnych.

Gatunek <i>Fusarium</i>	Metabolity tworzone na podłożach stałych
<i>F. graminearum</i> (chemotypy: 3AcDON, 15AcDON, NIV)	DON, 3AcDON, 15AcDON, NIV, 4.7DeDON, ZON, ZON-siarczan,
<i>F. culmorum</i> (chem. DON, NIV)	DON, 3AcDON, NIV, ZON
<i>F. avenaceum</i>	MON, enniatyny A, A1, B, B1, antybiotyk Y
<i>F. cerealis</i> (<i>F. crookwellense</i>)	NIV, FUS, ZON
<i>F. poae</i>	NIV, FUS, DAS, MAS, BEA, enniatyny A, B, B1
<i>F. sporotrichioides</i>	T-2, HT-2, NEO, DAS, SCIOL, Ac T-2, 8Ac T-2, 3-hydroxy T-2, T-2 triol, 4Ac tetraol, 15Ac tetraol
<i>F. langsethiae</i>	T-2, HT-2
<i>F. tricinctum</i>	MON
<i>F. chlamydosporum</i>	MON
<i>F. semitectum</i>	BEA
<i>F. equiseti</i>	FUS, SCIOL, Fuzarochromanon, ZON, DAS, NIV, T-2 4-OL
<i>F. acuminatum</i>	T-2, MON, enniatyna B
<i>F. verticillioides</i> (= <i>moniliforme</i>)	FB1, FB2, FB3, FU-C, BIK
<i>F. subglutinans</i>	MON, BEA, FUP, BIK
<i>F. proliferatum</i>	FB1, FB2, MON, BEA, FUP, BIK
<i>F. anthropilum</i>	MON, FB1, FB2, BIK
<i>F. oxysporum</i>	MON, BIK
<i>F. solani</i>	MON, BIK
<i>Microdochium nivale</i> (poprzednio <i>F. nivale</i>)	nieznane

Skróty nazw mikotoksyn:

DON – deoksyniwalenol i jego pochodne 3AcDON, 15AcDON

NIV – niwalenol

FUS – fuzarenon

ZON – zearalenon

MON – moniliformina

FU-C – fuzaryna C

FB1 – fumonizyna B1 i jej pochodne

FB2 i FB3

BEA – bowerycyna

BIK – bikaweryna, barwnik o cechach antybiotycznych

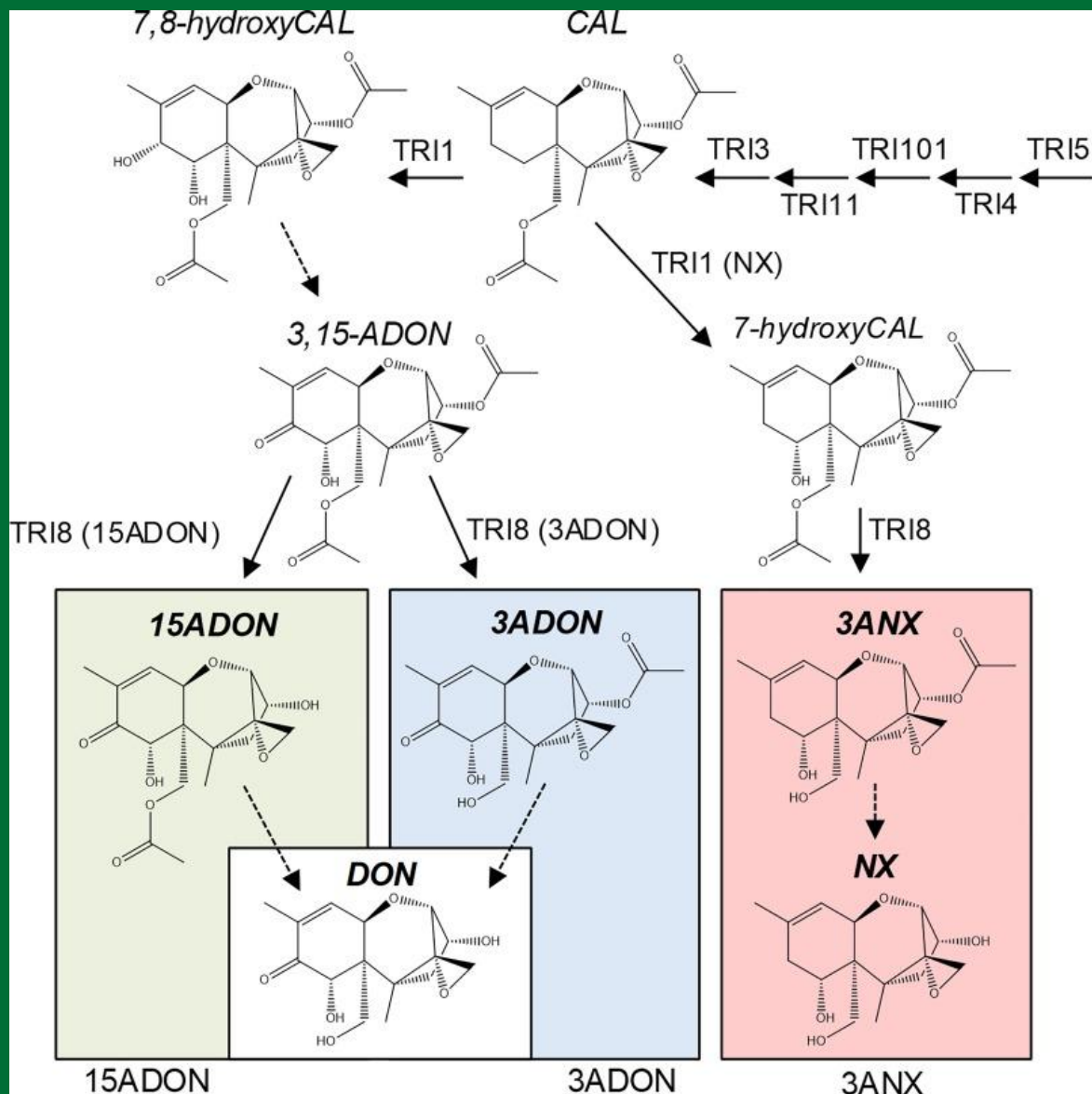
T-2 – toksyna T-2, jej pochodne: HT-2 toksyna, NEO – neosolaniol

DAS – diacetoksyscispennol

MAS – monoacetoksyscispennol

SCIOL – scirpentriol

T-2 4-OL – T-2 tetraol

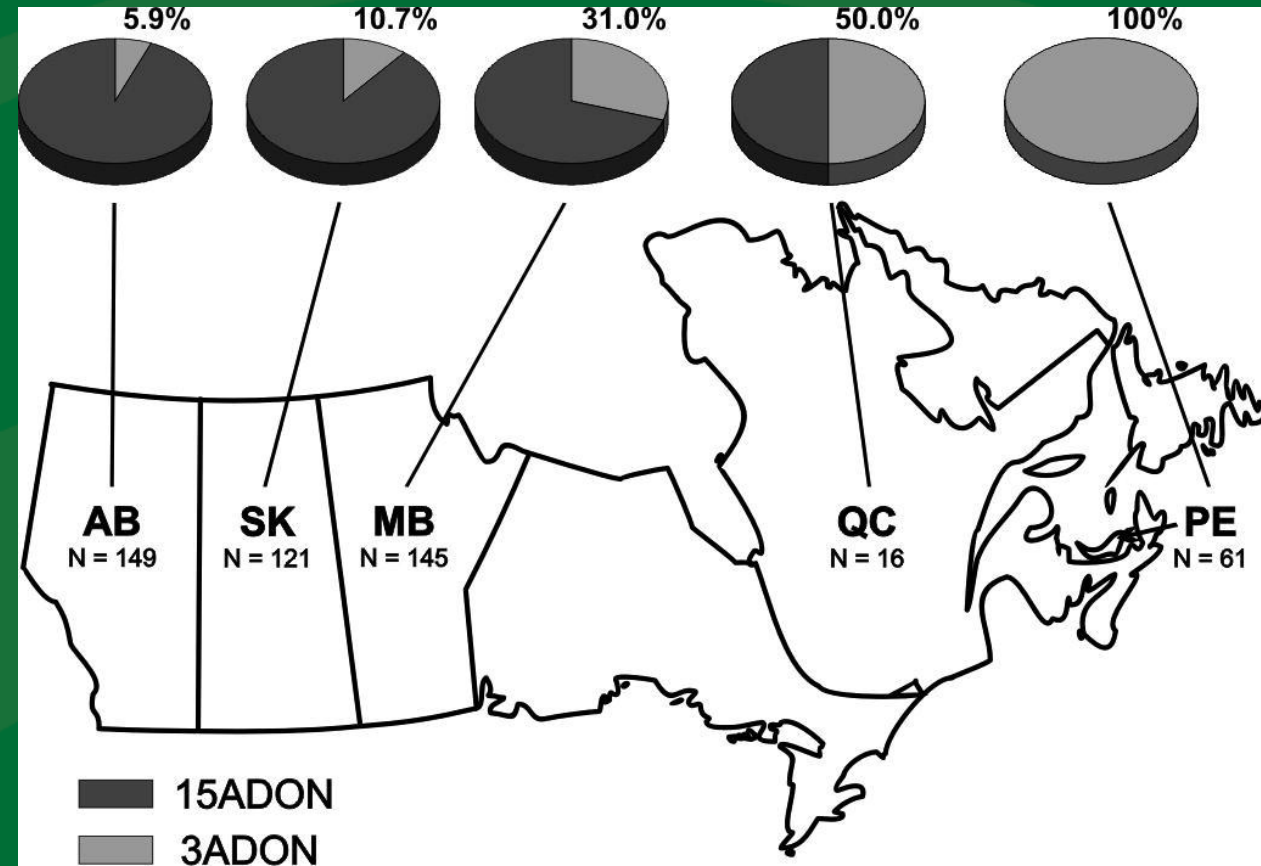
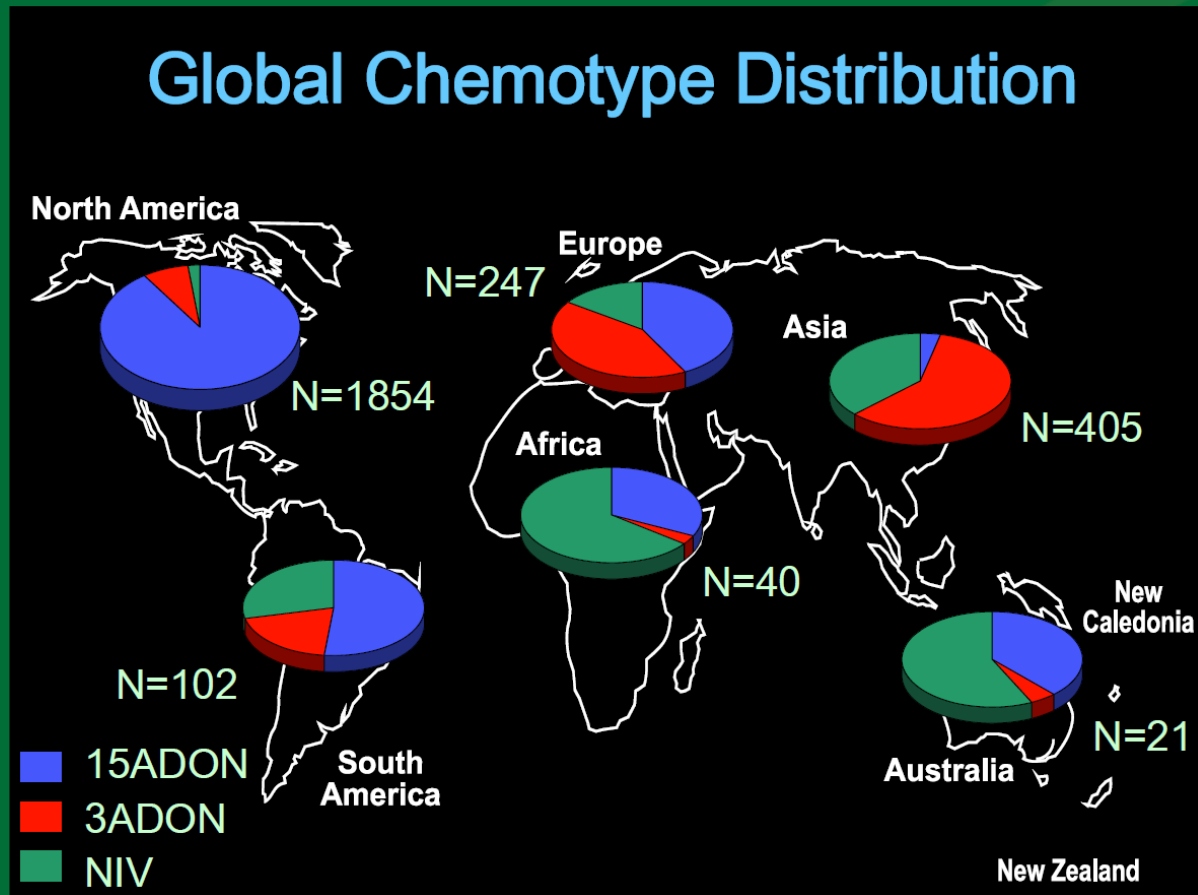


Szlaki biosyntezy rozpoczynające się od kalonektryny (CAL), prowadzące do powstania różnych trichotecenów wytwarzanych przez *F. graminearum*: 7,8-dihydroksykalonektryna (7,8-hydroxyCAL); 7-hydroksykalonektryna (7-hydroxyCAL); 3,15-diacetyldeoksyniwalenol (3,15-ADON); 15-acetyldeoksyniwalenol (15ADON); 3-acetyldeoksyniwalenol (3ADON); deoksyniwalenol (DON); 3ANX (toksyna NX-2); NX (toksyna NX-3).

TRI – geny szlaku biosyntezy trichotecenów

Crippin, T., Renaud, J.B., Sumarah, M.W., David Miller, J. 2019. Comparing genotype and chemotype of *Fusarium graminearum* from cereals in Ontario, Canada. PLoS ONE.

Występowanie chemotypów *F. graminearum* (FGSC) na świecie



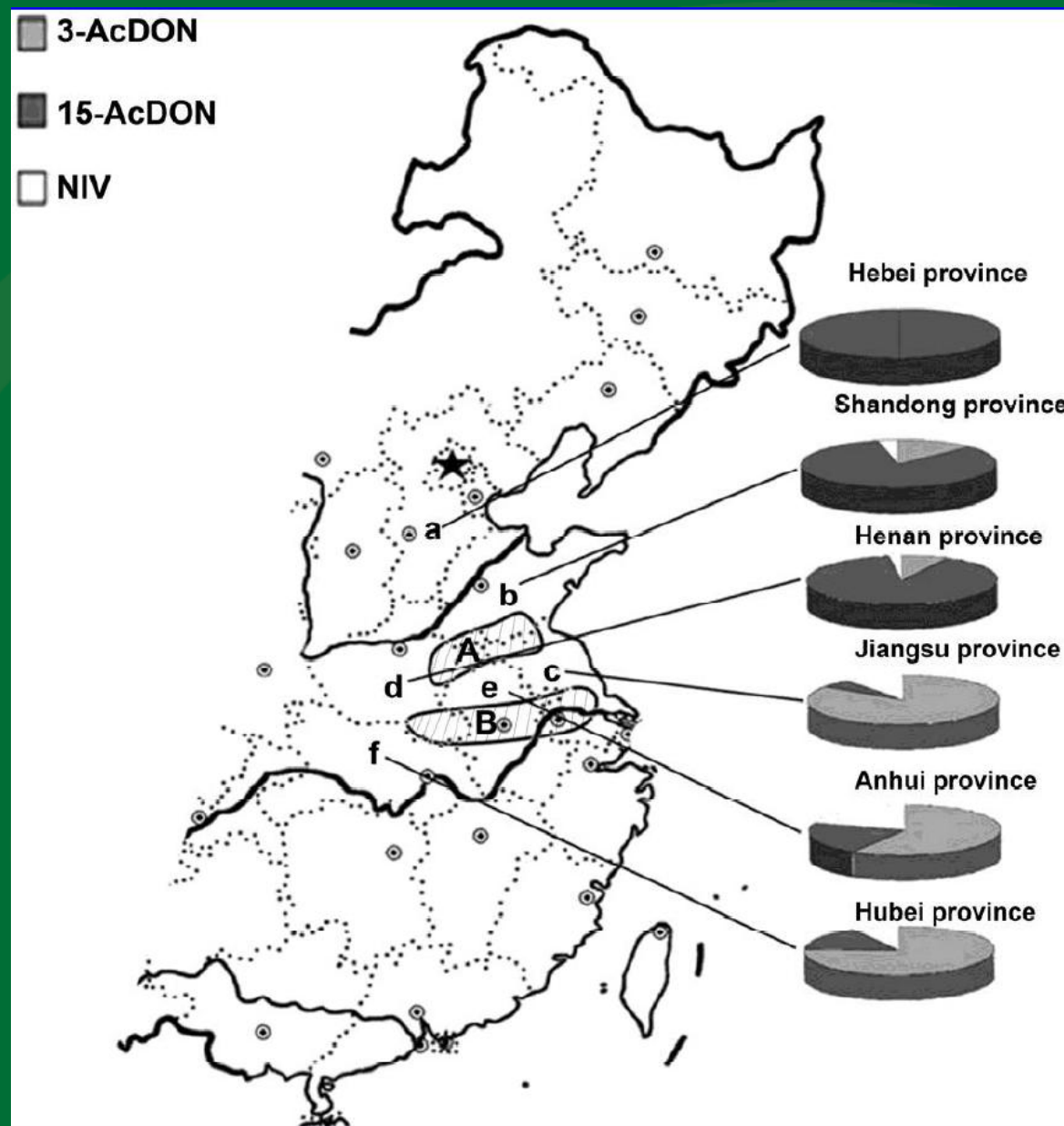
Występowanie chemotypów *F. graminearum* (FGSC) w różnych regionach Kanady

Występowanie chemotypów *F. asiaticum* i *F. graminearum* należących do FGSC w Chinach

Południowe Chiny
F. asiaticum – 3ACDON lub NIV

Północne Chiny
F. graminearum – 15ACDON

Shen, C.-M., Hu, Y.-C., Sun, H.-Y., Li, W., Guo, J.-H., and Chen, H.-G. 2012. Geographic distribution of trichothecene chemoTypes of the *Fusarium graminearum* species complex in major winter wheat production areas of China. *Plant Dis.* 96:1172-1178.



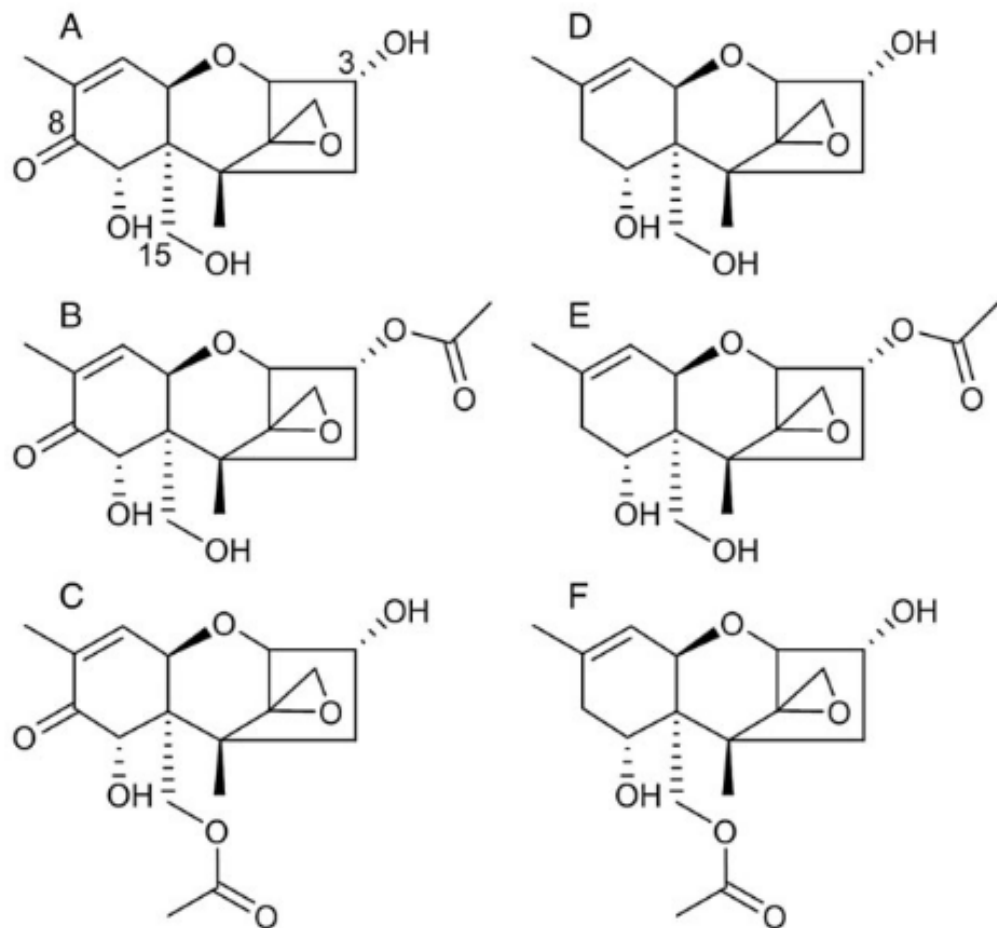
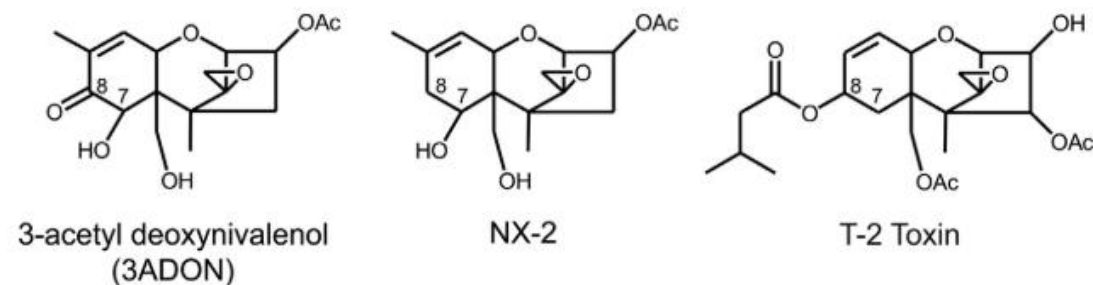
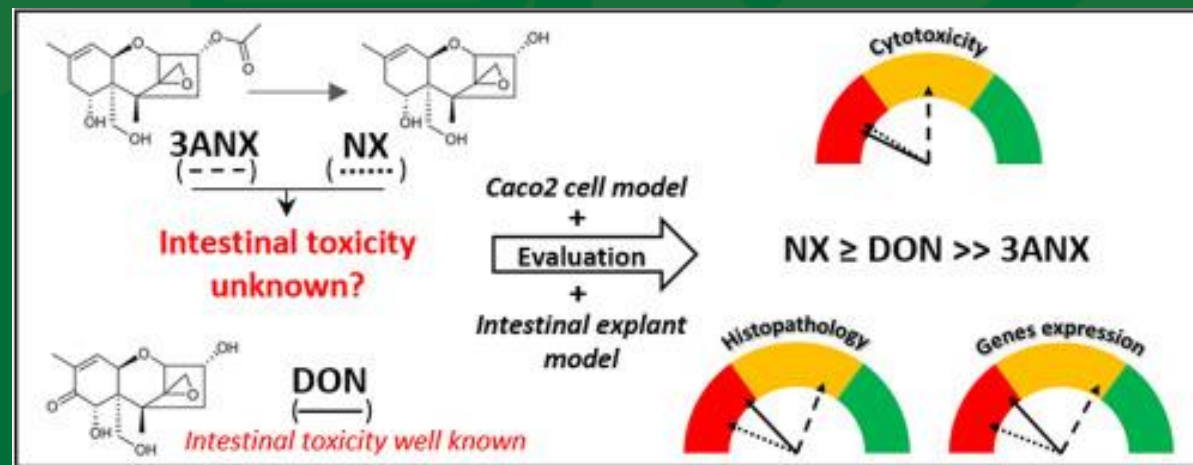


Fig. 1. Structures of (A) deoxynivalenol, (B) 3-acetyl-deoxynivalenol, (C) 15-acetyl-deoxynivalenol as well as of the novel metabolites (D) NX-3, (E) NX-2 and (F) NX-4.

Toksyny NX z grupy trichotecenów typu A wytwarzane przez *F. graminearum* s.s.



Toksyczność toksyny NX-2 w kulturach tkankowych w porównaniu z DON



Występowanie chemotypu NX-2 w populacji *F. graminearum* s.s.

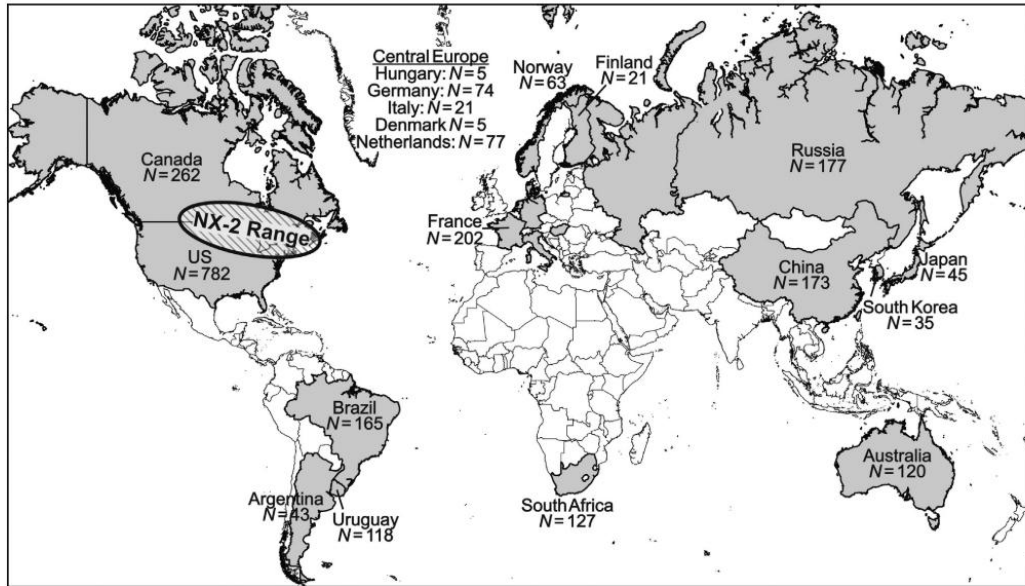


Fig. 2. Geographic sampling of 2515 *F. graminearum* isolates included in the PCR-RFLP survey of the NX-2 *TRI1* allele. *N* indicates the number of isolates screened from each sampled country (shaded grey). Delineated range in Canada and the U.S. is based on the locations of isolates that were identified as NX-2 based on PCR-RFLP and *TRI1* gene sequences.

Fusarium sambucinum species complex lineage 1 (FSAMSC-1)

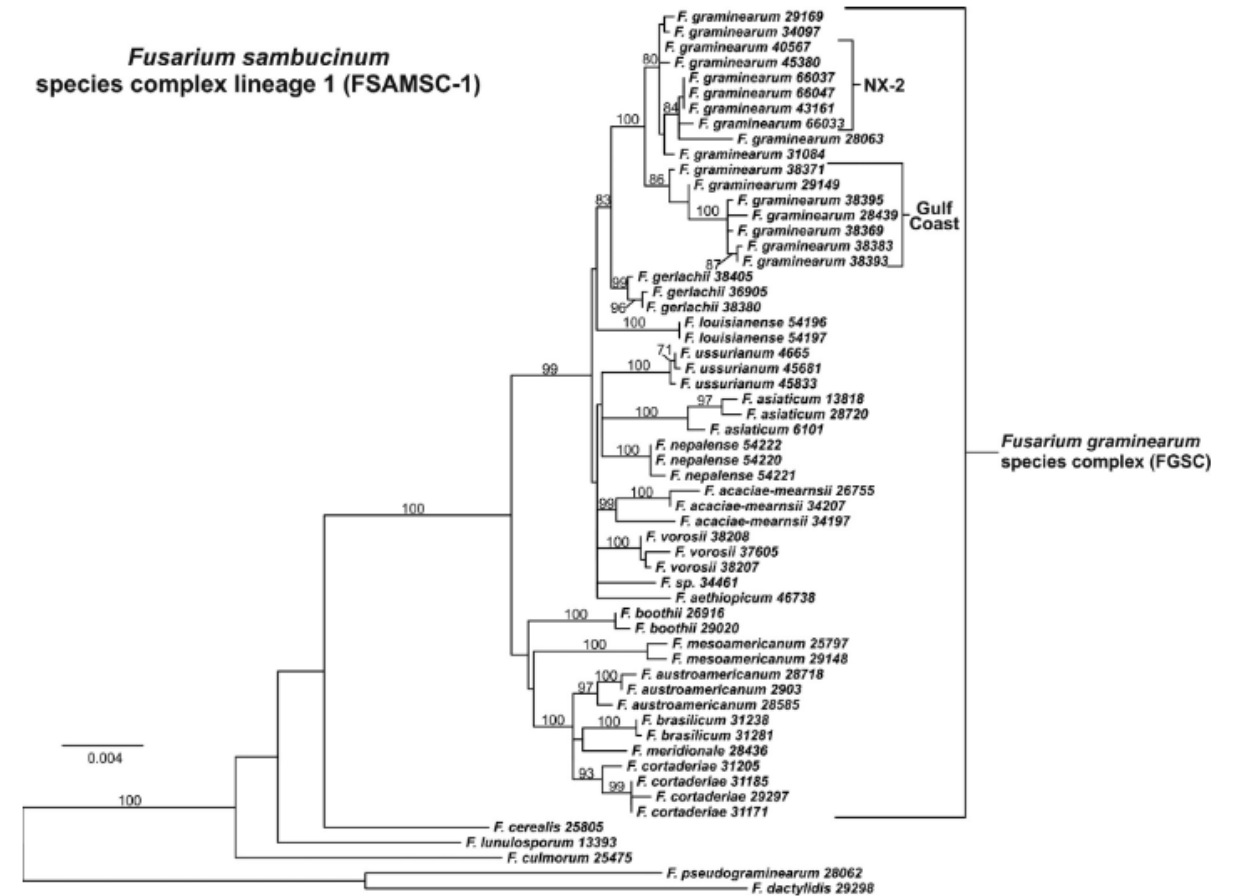


Fig. 3. Maximum likelihood phylogeny based on concatenated DNA alignment of six genes previously used to infer phylogenetic relationships in FSAMSC-1: β -tubulin (*TUB2*), translation elongation factor 1 α (*TEF1*), trichothecene-3-O-acetyltransferase (*TRI101*), phosphate permease (*PHO5*), histone H3 (*HIS3*) and reductase (*RED*). The tree was inferred using the Tamura 3-parameter model of nucleotide substitution (Tamura, 1992) with a Gamma parameter to account for rate heterogeneity. Bootstrap values (% based on 1000 replications) ≥ 70 are shown on branches. The tree was rooted at midpoint and drawn to scale, with branch lengths measured in the number of substitutions per site.

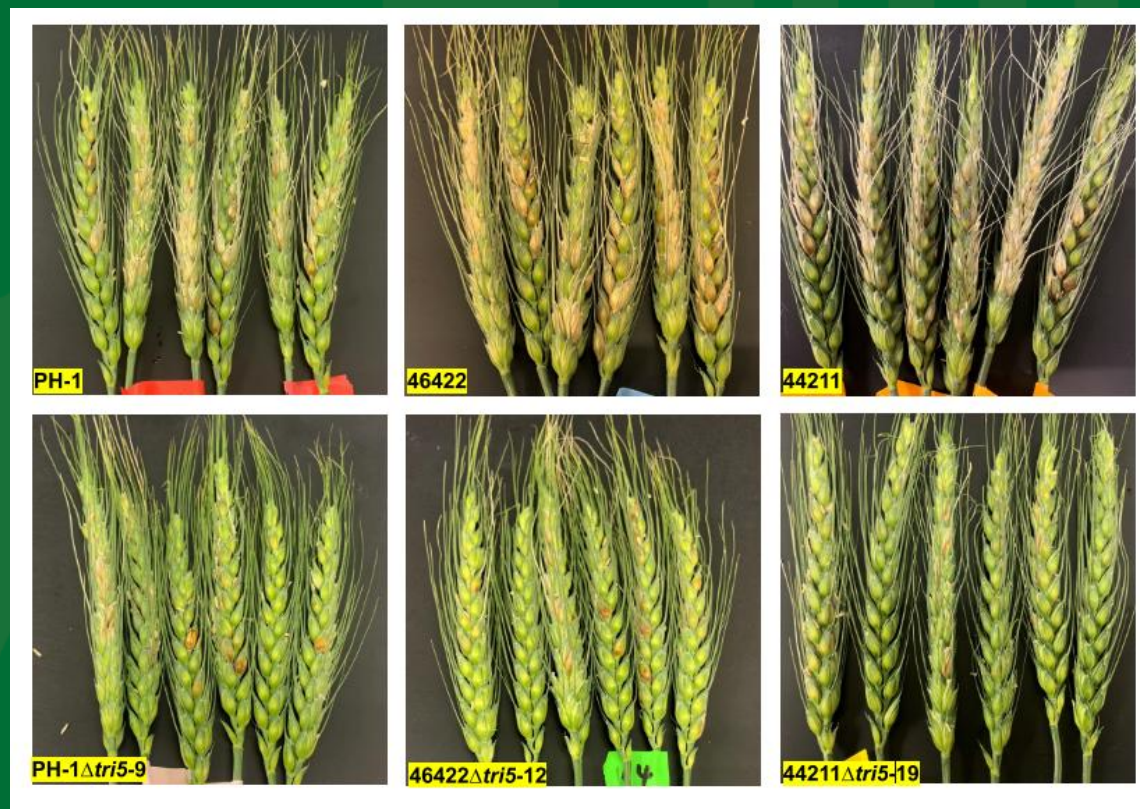
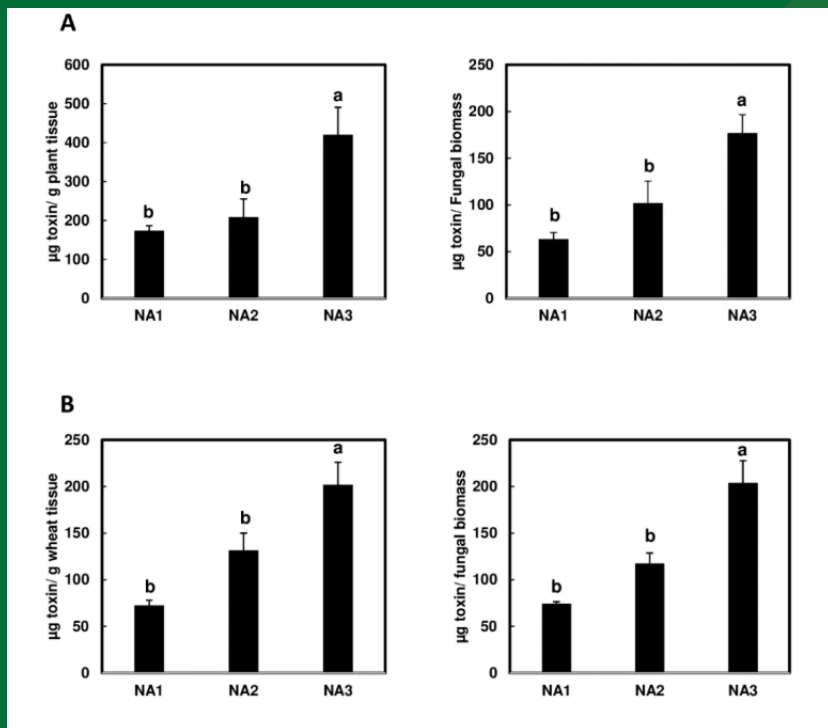
Bliskie pokrewieństwo izolatów *F. graminearum* należących do chemotypu NX-2 w ramach FGSC



Article
The Emerging *Fusarium graminearum* NA3 Population Produces High Levels of Mycotoxins in Wheat and Barley

Nicholas A. Rhoades ^{1,2}, Susan P. McCormick ¹, Martha M. Vaughan ¹ and Guixia Hao ^{1,*}

NX Trichothecenes Are Required for *Fusarium graminearum* Infection of Wheat

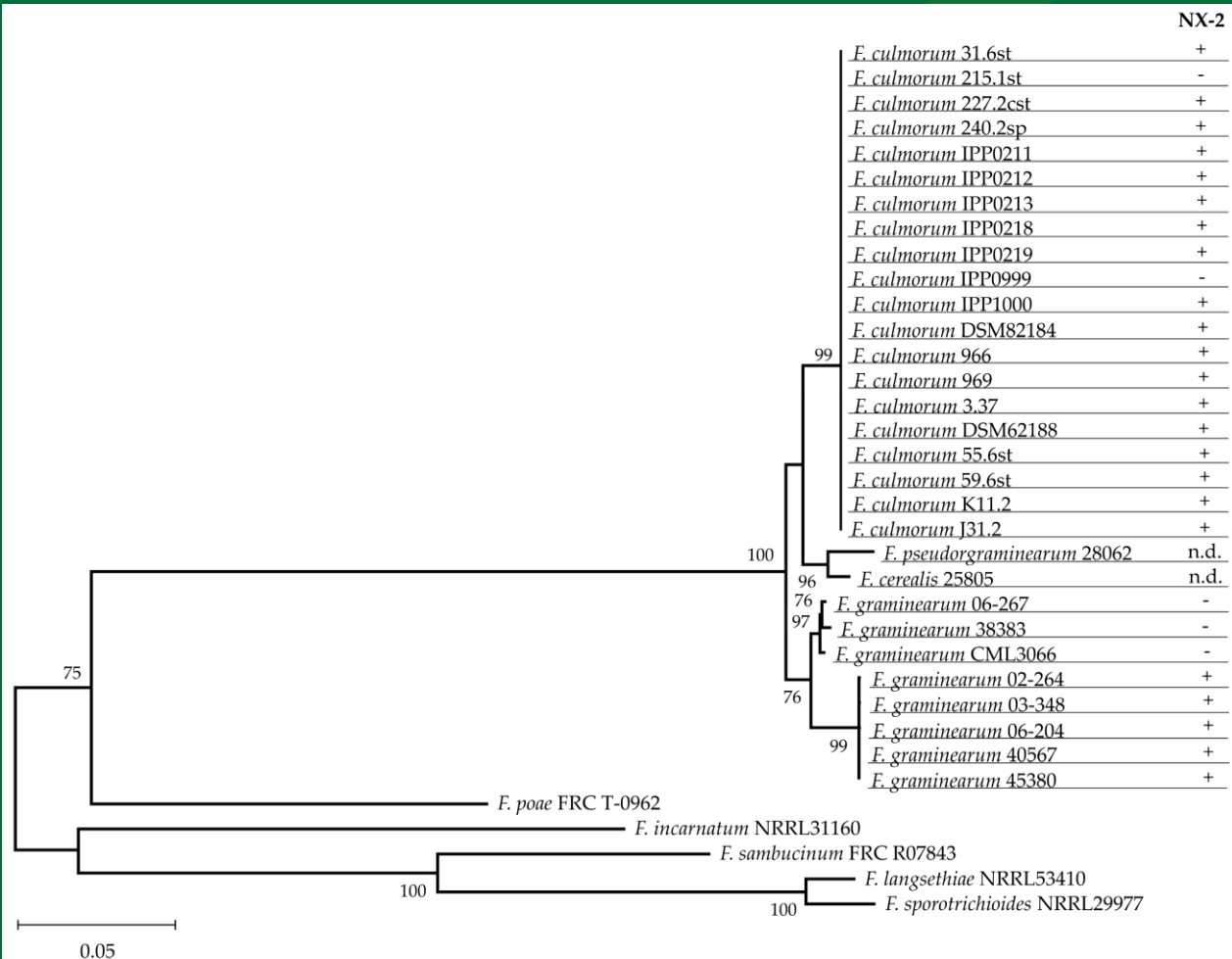


PH-1 – izolat wytwarzający 15-AcDON, 46422 – izolat wytwarzający 3-AcDON, 44211 – izolat wytwarzający NX-2 oraz odpowiadające im mutanty z wyłączonym genem *tri5* ($\Delta tri5$ -)

NA1 – chemotyp 15ADON, NA2 – 3ADON, NA3 – NX-2

Open Access Article

Fusarium culmorum Produces NX-2 Toxin Simultaneously with Deoxynivalenol and 3-Acetyl-Deoxynivalenol or Nivalenol

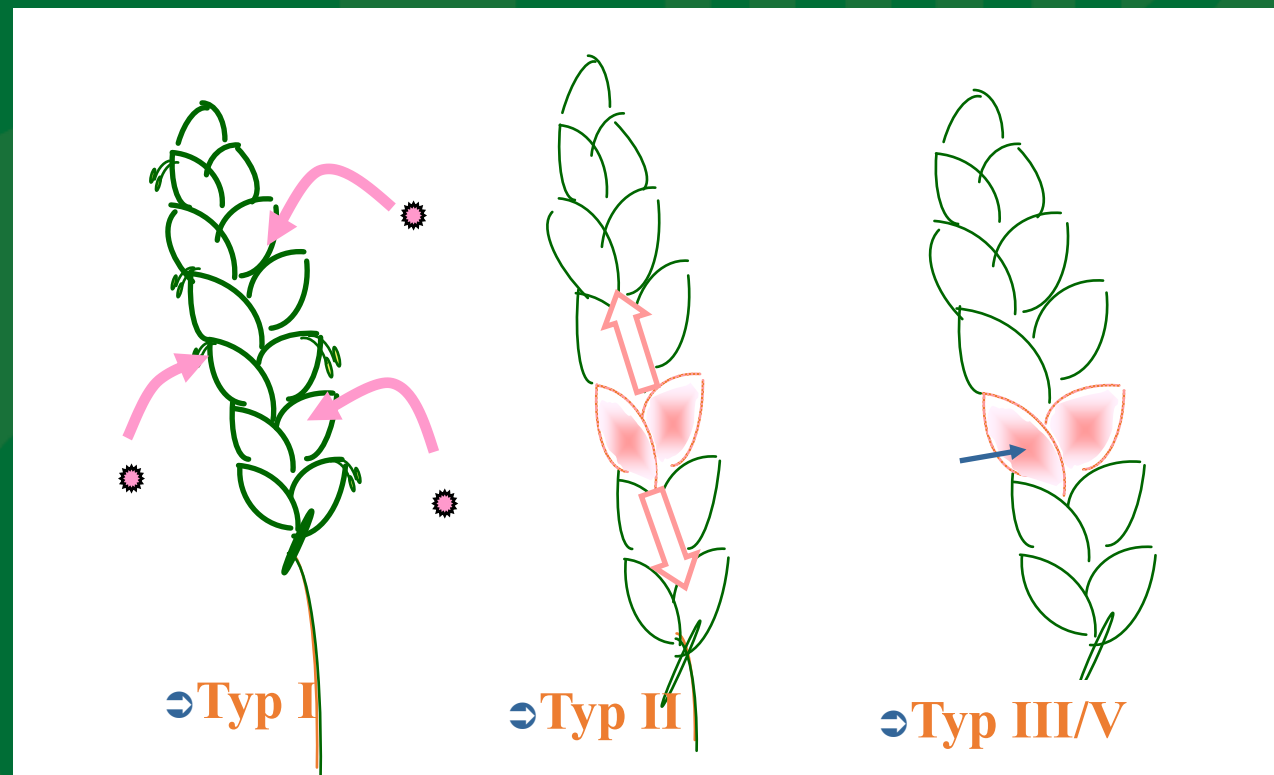
 by Simon Schiwiek ^{1,*}, Mohammad Alhusein ², Charlotte Rodemann ³, Tuvshinjargal Budragchaa ⁴, Lukas Beule ⁵, Andreas von Tiedemann ³ and Petr Karlovsky ^{2,*}

 Table 1. Accumulation of trichothecenes in rice cultures of *F. culmorum* strains.

Isolate	Mycotoxin Content (mg/kg)				
	NIV	DON	15-ADON	3-ADON	NX-2
31.6st	0.04	25.6	<LOD	156	3.2
215.1st	<LOD ^a	4.2	<LOD	90.4	2.4
227.2cst	<LOD	0.5	<LOD	2.1	<LOD
240.2sp	0.38	355	<LOD	552	35.6
IPP0211	0.31	566	<LOD	412	12.2
IPP0212	0.10	162	<LOD	463	16.4
IPP0213	0.33	639	<LOD	388	9.4
IPP0618	<LOD	20.3	<LOD	175	3.7
IPP0619	<LOD	15.9	<LOD	272	14.4
IPP0999	<LOQ ^b	<LOD	<LOD	<LOD	<LOD
IPP1000	<LOD	12.6	<LOD	132	2.7
DSM62184	0.05	108	<LOD	173	13.5
966	<LOD	25.7	<LOD	118	3.2
969	<LOQ	14.3	<LOD	147	3.2
3.37	<LOD	9.0	<LOD	68.6	1.4
DSM62188	<LOQ	46.5	<LOD	294	13.6
55.6st	<LOQ	31.3	<LOD	85.9	1.2
59.6st ^c	13.6	0.4	0.9	0.63	10.3
K11.2	<LOD	1.0	<LOD	46.3	1.2
J31.2	0.08	127	<LOD	447	18.6

^a LOD = limit of determination; ^b LOQ = limit of quantification; ^c Strain 59.6st also accumulated fusarenon X at 69 mg/kg.

Typy odporności pszenicy na fuzariozę kłosów:

- I. Odporność na infekcję pierwotną
- II. Odporność na rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie
- III. Odporność na uszkodzenie ziarniaków
- IV. Tolerancja
- V. Odporność na akumulację mikotoksyn
 - 1) *Chemiczna modyfikacja*
 - 2) *Hamowanie syntezy toksyn*



Odporność typu II – odporność na rozprzestrzenianie się *Fusarium* w kłosie



odporna

podatna



Odporność typu III – odporność na uszkodzenie ziarniaków przez *Fusarium*



podatna



odporna

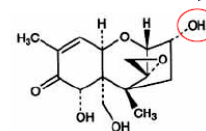
Odporność typu I – odporność na infekcję
Odmiana o niskiej odporności

Odporność typu V – odporność na mykotoksyny
Chemiczna modyfikacja (tworzenie deoksyniwalenol-3-glukozydu)

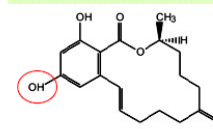
Biotransformation of Fusarium toxins in plants

B. Poppenberger et al : J.Biol Chem 278 (2003) 47905 Appl. Environ Microbiol, (2003) 4404, animated

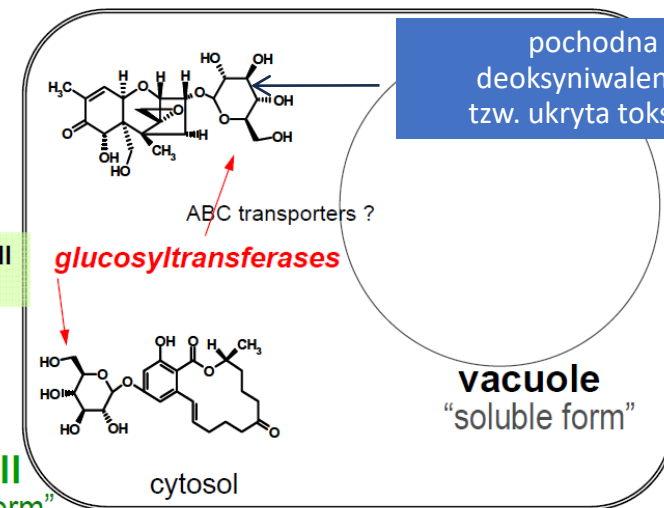
deoksyniwalenol



incorporation in cell wall (lignin biosynthesis)?



cell wall
"insoluble form"



pochodna deoksyniwalenolu tzw. ukryta toksyna

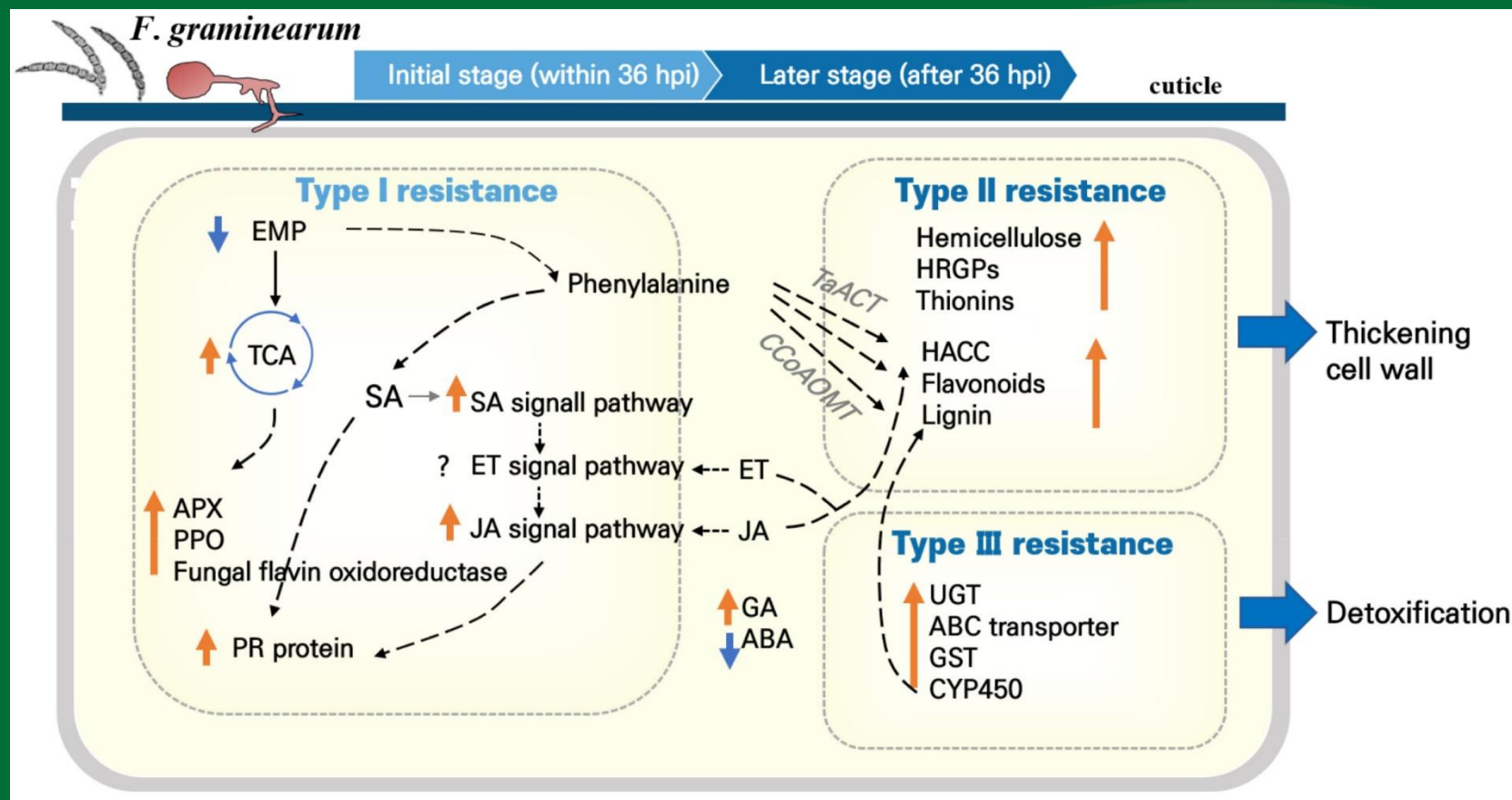
ABC transporters ?

glucosyltransferases

vacuole
"soluble form"

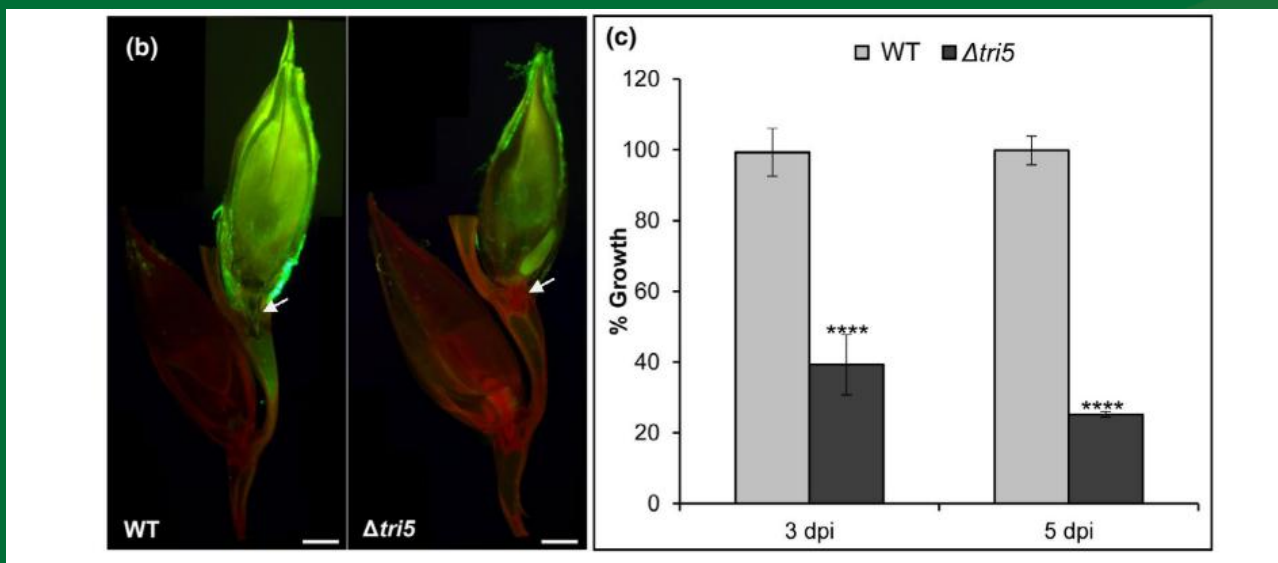
phase II
glucosylation

phase III
compartmentation



Model ilustrujący ścieżki i różne typy odporności na fuzariozę kłosów. Strzałki przerywane reprezentują pośrednie interakcje; pionowe strzałki w górę wskazują na pozytywną korelację z odpornością, a pionowe strzałki w dół wskazują na negatywną korelację z odpornością. EMP, szlak glikolizy; TCA, cykl kwasu trójkarboksylowego; APX, peroksydaza askorbinianowa; PPO, oksydaza polifenolowa; HRGPs, glikoproteiny bogate w hydroksyprolinę; HCAA, amid kwasu hydroksycynamonowego; UGT, UDP-glukuronozylotransferaza; ABC transporter, transporter kasetowy wiążący ATP; GST, transferaza glutationowa; CYP450, cytochromy P450.

Deoksyniwalenol (trichoteceny) jako czynnik wirulencji *Fusarium graminearum* wobec pszenicy



Obrazy przekroju poprzecznego pokazują grzybnię typu dzikiego (WT) z zielonym białkiem fluorescencyjnym (GFP) obficie rosnącą w zainfekowanym kłosku i w przez węzeł osadki, podczas gdy mutant $\Delta tri5$ -GFP rośnie słabo i nie jest w stanie przerosnąć węzła osadki. Obrazy są kompozycją trzech zdjęć wykonanych w 5 dni po inokulacji (dpi). Białe strzałki wskazują węzeł osadki. (c) Wzrost mutantów $\Delta tri5$ -GFP jest o 60% i 75% mniejszy niż w przypadku WT-GFP odpowiednio 3 i 5 dpi.

$\Delta tri5$ -GFP – mutant niewytwarzający DON, WT – „wild type” wytwarzający DON

Mentges, M. et al. 2020. Infection cushions of *Fusarium graminearum* are fungal arsenals for wheat infection. *Molecular plant pathology*. DOI: <https://doi.org/10.1111/mpp.12960>



Fig. 5 Wheat FHB assay. Spikes of the cultivar Munk were point-inoculated with a conidia suspension (5 μ L droplet, 2×10^4 conidia/mL) in a central floret of each side of a wheat head during anthesis. Image taken 3 weeks post-inoculation shows a pair-wise comparison of the wild-type isolate (left) and corresponding mutant (right). FG06, mutant #7, FG25, mutant #4, FG2311, and mutant #5, respectively.



Fig. 6 Barley FHB assay. Spikes of cultivar Passadena were point-inoculated with a conidia suspension (5 μ L droplet, 2×10^4 conidia/mL) in a central floret of each side of a barley head during anthesis. Image taken 3 weeks post-inoculation shows starting from the left: non-inoculated control, FG2311 wild-type, FG2311 *Tri5* disruption mutants (#5, #6 and #7).

Mutanty niewytwarzające DON miały niższą wirulencję na kłosach pszenicy, natomiast nie wykazały różnicy w wirulencji wobec formy „dzikiej” na kłosach jęczmienia

Maier, F.J. et al. 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. *Molecular Plant Pathology*. 7: 449–461 DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2006.00351.x>

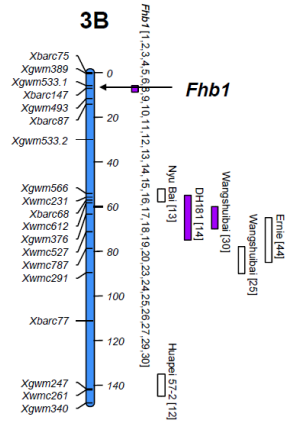
Loci cech ilościowych (QTL) odporności pszenicy na fuzariozę kłosów

Gen	Pochodzenie	Typ Odporności	Lokalizacja Chromosomowa	Mechanizm Molekularny (jeśli znany)	Kluczowe Markery Molekularne
<i>Fhb1</i>	Sumai 3 Wangshuibai	Typ II	3BS	Delecja w TaHRC (białko wiążące Ca ²⁺), TaLAC4 (lignifikacja)	Fhb1-TaHRC-KASP, XGWM533, XGWM493, XUMN10
<i>Fhb2</i>	Sumai-3, Wangshuibai, Ning894037	Typ II	6BS	Brak szczegółów	WMC104, WMC397, GWM219, GWM133, GWM644
<i>Fhb3</i>	<i>Leymus racemosus</i>	Typ II	7AS (introgresja)	Brak szczegółów	gwm471, gwm233
<i>Fhb4</i>	Wangshuibai, Becker, IL-95-1653	Typ I (również Typ II)	4B	Brak szczegółów	Xgwm 149
<i>Fhb5</i>	Wangshuibai, Sumai 3, Wuhan1, Becker, IL 95-1653	Typ I (również Typ II)	5AS	Brak szczegółów	Xgwm304, Xgwm415, Xgwm150, Xgwm595
<i>Fhb6</i>	<i>Elymus tsukushiensis</i>	Typ II	1AS (introgresja)	Brak szczegółów	Inżynieria chromosomowa, MAS
<i>Fhb7</i>	<i>Thinopyrum elongatum</i>	Typ II, Typ III (detoksyfikacja DON)	7DS (introgresja), 7BS·7BL-7EL (Fhb7The2)	Glutathiono-S-transferaza (GST)	Specyficzne markery dla Fhb7The2, Xcfa2240, XsdauK66

Loci cech ilościowych (QTL) odporności pszenicy na fuzariozę kłosów (Hu i in. 2022)

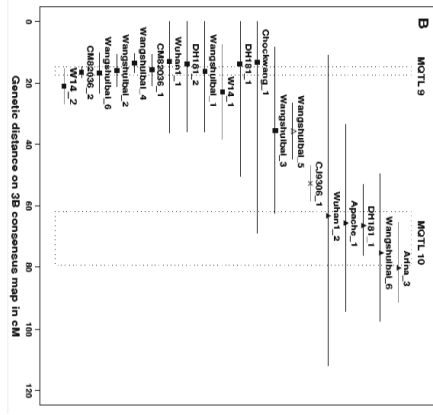
QTL	Marker flankujący	Chromosomom	Typ odporności	Pochodzenie	Odośnik
<i>Fhb1Qfhs.ndsu-3AS</i>	Xwgc501–Xwgc510	Chr. 3AS	Typ II	<i>Triticum dicoccoides</i>	[Zhu 2016]
<i>Fhb1(Qfhs.njau-3B)</i>	Xmag8937–Xmag9404	Chr. 3BS	Typ II	Sumai 3	[Li 2019]
<i>Fhb1(Qfhs.ndsu-3BS)</i>	XGWM533–XGWM493	Chr. 3BS	Typ II	Sumai 3	[Cuthbert 2006]
<i>Fhb1(TaHRC)</i>	TaHRC-GSM/TaHRC-Kasp	Chr. 3BS	Typ II	Sumai 3	[Su 2018]
<i>Fhb2</i>	Xwmc398–Xgwm644	Chr. 6BS	Typ II	Sumai 3	[Cuthbert 2007]
<i>Fhb3</i>	BE586744-STS–BE586111-STS	Chr. 7ALr#1S	Typ II	<i>Leymus racemosus</i>	[Qi 2008]
<i>Fhb4(Qfhi.nau-4B)</i>	Xhbg226–Xgwm149	Chr. 4B	Typ I	Wangshuibai	[Xue 2010]
<i>Fhb5(Qfhi.nau-5A)</i>	Xbarc56–Xbarc100	Chr. 5A	Typ I	Mianyang 99-323	[Xue 2011]
<i>Fhb6</i>	BF202643/HaeIII–BE591682/HaeIII	Chr. 1E	Typ II	<i>Elymus tsukushiensi</i>	[Cainong 2015]
<i>Fhb7</i>	XsdauK86–XsdauK88	Chr. 7E/7D	Typ V	<i>Elytrigia elongata</i>	[Wang 2020]
<i>Qfhs.nau-2A</i>	Xwmc474–Xsm1021	Chr. 2A	Typ II	Nanda 2419	[Ma 2008]
<i>Qfhi.nau-2B</i>	Xwmc499–Xmag1729	Chr. 2B	Typ I	Nanda 2419	[Lin 2007]
<i>Qfhs.nau-2B</i>	Xmag1811.1–Xmag3080	Chr. 2B	Typ II	CJ 9306	[Jiang 2004]
<i>QFhb.nau-2B</i>	Xwgrb1561–Xwgrb1420	Chr. 2B	Typ I/Typ II	Nanda 2419	[Li 2019]
<i>Qfhi.nau-3A</i>	Xwmc169–Xgwm162	Chr. 3A	Typ I	Wangshuibai	[Lin 2006]
<i>QFhb-hnau.3BS.1</i>	gwm533–stm748tcac	Chr. 3BS	Typ I/Typ II	Odmiana miejscowa N553	[Chen 2021]
<i>Qfhs.nau-3B</i>	Xgwm389–Xbarc102	Chr. 3B	Typ II	Wangshuibai	[Ma 2008]
<i>Qfhi.nau-4A</i>	Xwmc161–Xmag3886	Chr. 4A	Typ I	Nanda 2419	[Lin 2006]
<i>Qfhi.nau-4B</i>	Xgwm495–Xgwm149	Chr. 4B	Typ I	Wangshuibai	[Lin 2013]
<i>Qfhs.ifa-5A</i>	barc186–wmc805	Chr. 5A	Typ I/Typ II	Chinese spring	[Schweiger 2013]
<i>QFhb-5A</i>	Xgwm304–Xgwm415	Chr. 5AS	Typ II	Yangmai 158	[Jiang 2020]
<i>Qfhi.nau-5A</i>	Xbarc180–Xgwm186	Chr. 5A	Typ I	Wangshuibai	[Lin 2004]
<i>Qfhs.nau-6B</i>	Xwmc398–Xmag359	Chr. 6B	Typ II	Wangshuibai	[Ma 2008]
<i>Qfhi.nau-2D</i>	Xwmc181–Xaf12	Chr. 2D	Typ I	Wangshuibai	[Lin 2006]
<i>QFhb-hnau.2DL</i>	AX-110955068–AX-109419238	Chr. 2DL	Typ I/Typ II	Yangmai 13	[Chen 2021]
<i>QFhb.cau-7DL</i>	gwm428	Chr. 7DL	Typ II/Typ I	Sumai 3	[Ren 2019]

QTL Review



Buerstmayr et al. 2009

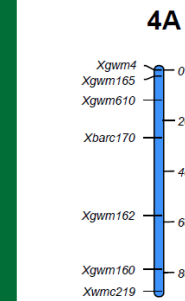
Meta QTL analysis



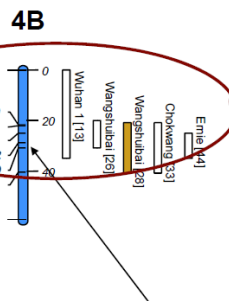
Löffler et al. 2009

Mapped QTL

FHB spread Multiple traits



Buerstmayr et al. 2009



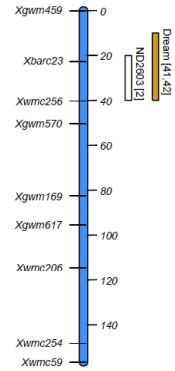
Fhb4

Xue et al. (2010) TAG 121: 147–156

FHB spread FHB incidence FHB severity DON Multiple traits

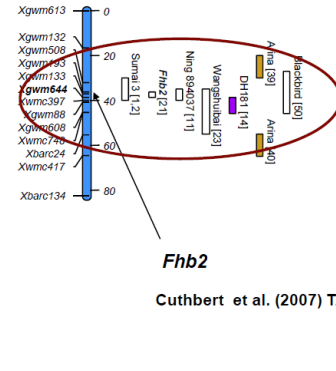
Buerstmayr et al. 2009

6A



Buerstmayr et al. 2009

6B

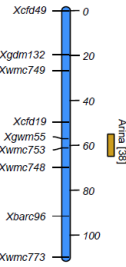


Fhb2

Cuthbert et al. (2007) TAG 114: 429-437

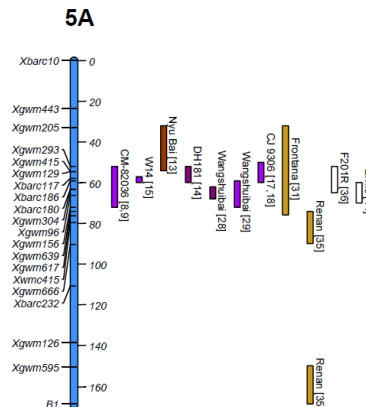
FHB spread FHB incidence FHB severity DON Multiple traits
Buerstmayr et al. 2009

6D



Lokalizacja głównych loci (QTL) odporności na fuzariozę kłosów na chromosomach pszenicy

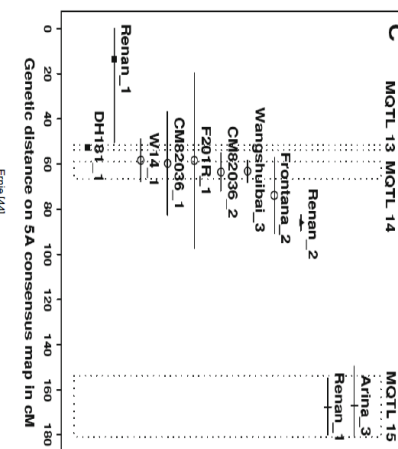
QTL Review



Buerstmayr et al. 2009

FHB spread FHB incidence FHB severity DON Multiple traits

Meta QTL analysis

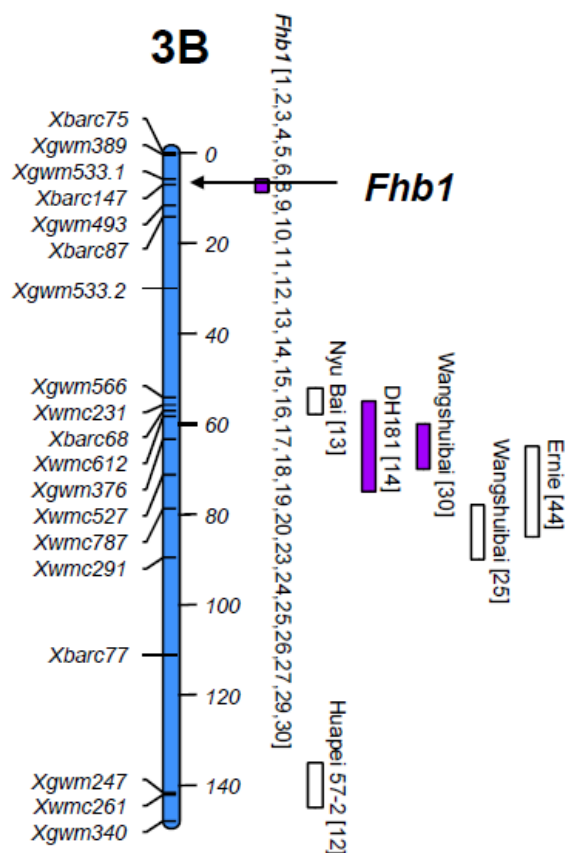


Löffler et al. 2009

Mapped QTL

FHB spread FHB incidence FHB severity DON Multiple traits

QTL Review



Buerstmayr et al. 2009

 Locus odporności *Fhb1*

- ✓ **Pochodzenie:** *Fhb1* pochodzi z chińskiej odmiany pszenicy 'Sumai 3' oraz jej pochodnych. Jest to najczęściej wykorzystywane źródło odporności na FHB w programach hodowlanych na całym świecie, a jego obecność jest kluczowa dla większości umiarkowanie odpornych odmian pszenicy jarej w Ameryce Północnej i w Chinach.
- ✓ **Typ Odporności:** Głównie odporność Typu II, czyli na rozprzestrzenianie się Fusariu w obrębie kłosa. *Fhb1* wykazuje stabilną odporność w różnych środowiskach i jest uważany za QTL o największym efekcie. *Fhb1* nie zapobiega początkowej infekcji (Typ I) i nie jest bezpośrednio związany z odpornością Typu III (na infekcję ziarna *per se*). Zapewnia odporność, redukując nasilenie choroby o maksymalnie 50%.
- ✓ **Lokalizacja Chromosomowa:** Zlokalizowany na krótkim ramieniu chromosomu 3B (3BS). Został precyzyjnie zmapowany do interwału 1.27-6.05 cM.
- ✓ **Mechanizm Molekularny:** Wczesne hipotezy - geny kodujące UDP-glikozylotransferazę, gen PFT kodujący tworzenie białek-toksyn tworzących kanały w błonie komórkowej ('pore-forming toxin-like proteins') Kandydatem na gen *Fhb1* jest *TaHRC* (histrydynowo-bogate białko wiążące wapń), zlokalizowane w jądrze komórkowym. W liniach odpornych stwierdzono delecję w genomie w regionie *TaHRC*, która jest odpowiedzialna za odporność na FHB. Mechanizm ten sugeruje rolę w sygnalizacji jonów wapnia (Ca²⁺) i wybuchu reaktywnych form tlenu (ROS), które są kluczowe dla obrony roślin. Inny kandydat, *TaLAC4* (lakaza), jest zaangażowany w lignifikację wtórnych ścian komórkowych w osadce pszenicy, co może utrudniać rozprzestrzenianie się patogenu.
- ✓ **Markery Molekularne:** Opracowano diagnostyczny marker *Fhb1-TaHRC-KASP*, oparty na funkcjonalnej insercji/delecji w sekwencji *TaHRC*. Jest on wysoce diagnostyczny i przewyższa wcześniejsze markery pod względem dokładności selekcji, co czyni go idealnym narzędziem dla hodowli. Inne powiązane markery to XGWM533 i XGWM493.

Geny odporności pszenicy na fuzariozę kłosów oraz ich przypuszczalne funkcje

Table 2. Information on the resistance genes to FHB in wheat.

Nomenclature	Protein	Gene ID	Location on Chr. */ Flanking Markers	Function
FHB7-GST	GST: Glutathione transferase	Tel7E01T1020600.1	Chr. 7E/7D (XsdauK86, XsdauK88)	A FHB-resistance gene, <i>Fhb7</i> , from <i>Thinopyrum elongatum</i> , introgressions artificially in wheat, confers resistance to FHB without yield penalty [95].
LTP	Lipid transfer protein	Ta.1282.4.S1_at	Chr. 5A In the interval of Qfhs.ifa-5A.	LTPs might confer plant type I resistance against initial fungal penetration of <i>Fg</i> and also contribute to toxin resistance [98].
MIN7	ARF-GEF protein	TraesCS2A02G202900 TraesCS2B02G230000 TraesCS2D02G212800	Chr. 2	TaMIN7 plays positive role, involved in response to <i>Fg</i> by disturbing vesicular trafficking in cells [112].
Qfhs.ifa-5A (Fhb1)	Lipid transfer protein	GenBank: FN564434	Chr. 3BS	Confers type II resistance [98].
Qfhs.njau-3B	Histidine-rich calcium-binding protein	GenBank: KX022627.1–KX022633.1, MK397611–MK397761 (His: Xmag8937)	Chr. 3BS Xmag8937 and Xmag9404	Qfhs.njau-3B is a candidate gene on Fhb1, encodes a histidine-rich calcium-binding protein, mutation of it in wheat confers resistance to FHB [89].
TaAOS	Oxidized propadiene synthase	TraesCS4A02G061900 TraesCS4D02G238800 TraesCS4B02G237600	Chr. 4A/4D/4B	TaAOS involved in JA signaling pathway to enhance plant resistance to FHB. TaAOS-silenced strains exhibit high susceptibility to FHB [70].
TaACT	Agmatine coumaroyl transferase	GenBank: KT962210	Chr. 2DL (FHB <i>QTL-2DL</i>) (WMC245-GWM608)	TaACT is an important gene in wheat FHB <i>QTL-2DL</i> , conferring type II resistance to <i>Fg</i> by limiting the spread of pathogen from the initial point of infection [110].
TaFROG	Orphan protein	GenBank: KR611570	Chr. 4A (CM82036)	TaFROG binds to the protein TaSnRK1 α to prevent TaSnRK1 α from being degraded by ubiquitination, thereby increasing the resistance of the plant to FHB [113].
TaHRC (TaHRC-S) (TaHRC-R) (Fhb1)	Histidine-rich calcium-binding protein	GenBank: CBH32655.1 GenBank: MK450309 GenBank: MK450312	Chr. 3BS in the interval of <i>QTL-Fhb1</i> (syn Qfhs.ndsu-3BS; Gwm533,Gwm493)	TaHRC, a key factor of <i>fhb1</i> -mediated FHB resistance, encodes a nuclear protein (histidine-rich calcium-binding protein) with FHB susceptibility. Mutating <i>TaHRC</i> in plants leads to increased resistance to FHB [52].
TaJRL53	Jacalin-related lectins protein	TraesCS4A02G430200.1	Chr. 4AL	TaJRL53 enhanced FHB resistance in wheat through regulating ROS synthesis pathway and JA signal transduction pathways [114].

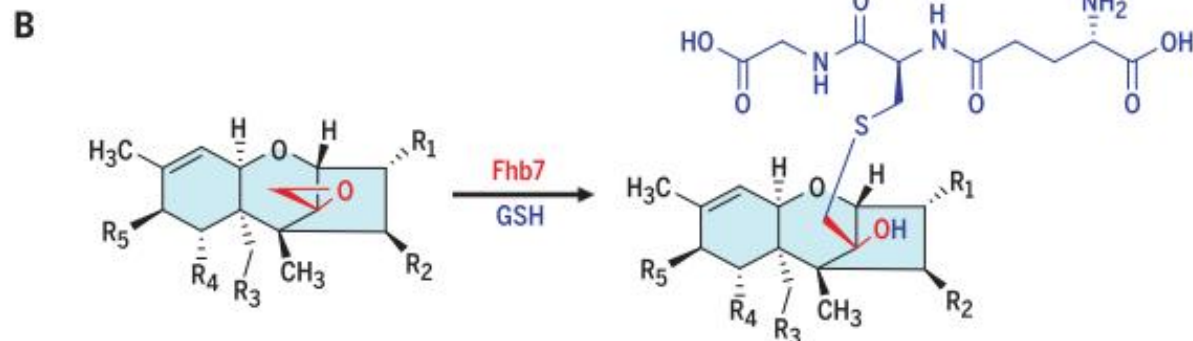
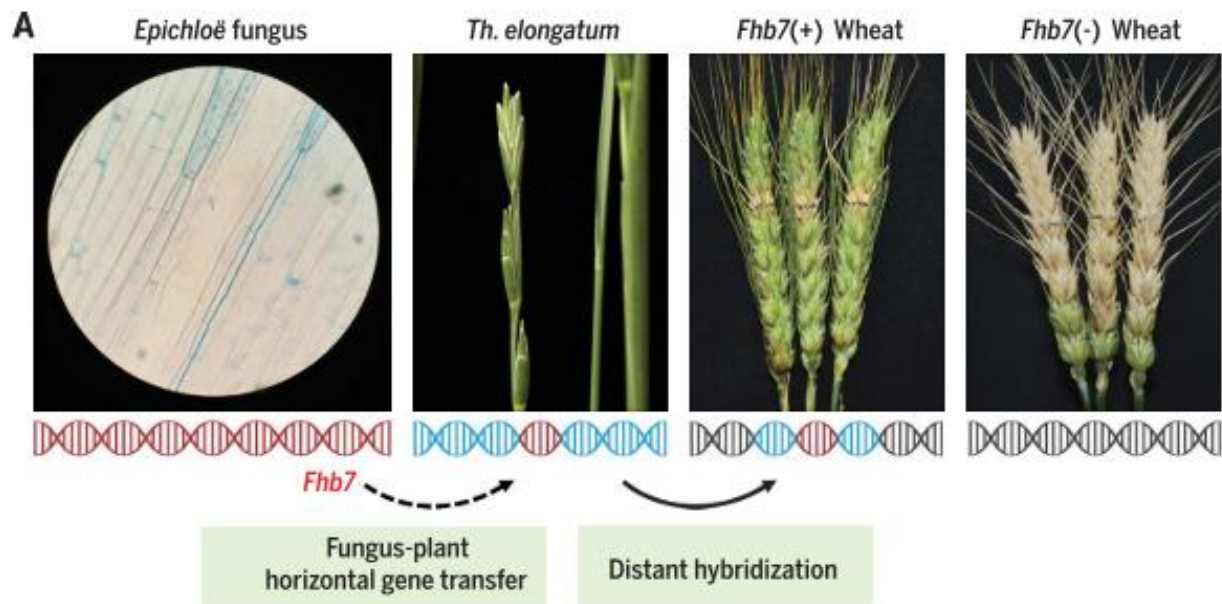
Table 2. Cont.

Nomenclature	Protein	Gene ID	Location on Chr. */ Flanking Markers	Function
TaLAC4 (Fhb1)	Laccase	TraesCS3B02G392700.1	At QTL-Fhb1 on Chr. 3BS (syn Qfhs.ndsu-3BS; WMC245,GWM608)	TaLAC4, a wheat laccase, can increase resistance of plants to FHB by promoting the synthesis of lignin in the secondary cell wall to thicken the cell wall and confers type II resistance [100].
TaNACL-D1	N-Acetylcysteine-like transcription factors	TraesCS5D02G111300 (GenBank: MG701911)	Ch. 5D	TaNACL-D1 interacts with the orphan protein TaFROG to improve the resistance of the plant to FHB [107].
TaNAC032 (Fhb1)	Lignin-biosynthetic	GenBank: MT512636	At QTL-Fhb1 (syn Qfhs.ndsu-3BS) XSTS3B-80 and XSTS3B-142	Promotes transcription of lignin genes associated with resistance-related metabolite biosynthesis [101].
TaPFT	Pore-forming toxin-like	GenBank: KX907434.	Chr. 3BS At QTL-Fhb1 (syn Qfhs.ndsu-3BS)	PFT, encoding a perforatoxin analog, is from Fhb1 on the genome of Sumai 3 and shows significant resistance to FHB [68,69].
TaRBL	Ricin B-like lectin protein	TraesCS3A02G078200.1 TraesCS3B02G093100.2 TraesCS3D02G078700.1	Chr. 3	TaRBL interacts with TaPFT and is involved in resistance to FHB in wheat [115].
TaSHMT3	<i>Serine hydroxy methyltransferase</i>	TraesCS3A02G385600	Chr. 3A	Silencing of TaSHMT3A-1 compromises Fusarium head blight resistance in wheat [116].
TaSnRK1 α	The alpha subunit of sucrose non-fermentation-related kinase 1 (SnRK1)	GenBank: KR611568	Chr. 4A (CM82036)	TaSnRK1 α interacts with TaFROG to prevent degradation by ubiquitination and improves the resistance of the plant to FHB [113,117].
TaSSI2-2AL -2BL -2DL	<i>Stearoyl-acyl carrier protein fatty acid desaturase</i>	AA0283540, AA0388780 and AK332689	Chr. 2	TaSSI2 probably regulated FHB resistance by depressing the SA signaling pathway in wheat [118].
TaUGT3 (Fhb1)	UDP-glycosyltransferase	GenBank: FJ236328	Chr. 3BS	Ta-UGT 3 was found to enhance host tolerance against deoxynivalenol (DON) in <i>Arabidopsis</i> [104].
TaUGT5	UDP-glycosyltransferase	Ta_iwgsc_2bs_v1_5195782	Chr. 2B	TaUGT5 can reduce the proliferation and destruction of <i>Fg</i> and enhance the ability of FHB resistance in wheat [102].
TaUGT6	Glycosyltransferases	TraesCS5B02G436300	Chr. 2B	The protein TaUGT6 can transform the toxin DON (deoxynivalenol) into non-toxic D3G (D3-glucoside); Overexpression of TaUGT6 in wheat enhanced the resistance of plant to <i>Fg</i> [106].

Table 2. Cont.

Nomenclature	Protein	Gene ID	Location on Chr. */ Flanking Markers	Function
TaUGT12887	Glycosyltransferases	TraesCS5B02G148300 GenBank accession JX624788	In the interval of <i>QTL Fhb1</i>	Confers plant weak resistance against DON [98].
TaWRKY45	WRKY-like transcription factor	EMBL/GenBank accession numbers AB603888, AB603889; AB603890	Chr.2	Overexpression of the TaWRKY45 transgene conferred an enhanced resistance against <i>Fg</i> in wheat [119,120].
TaWRKY70	WRKY-like transcription factor	TraesCS2D02G489700	In the interval of <i>QTL-2DL</i>	TaWRKY70 silencing lines not only increased fungal biomass but also decreased expressions of downstream resistance genes TaACT, TaDGK, and TaGLI1, along with decreased abundances of RRI metabolites biosynthesized by them [108].
TaWAK2A-800	Wall-associated kinase	TraesCS2A02G071800.1	Chr.2A	TaWAK2A-800 participates positively in the resistance responses to <i>Fg</i> , possibly through regulating the chitin-triggering immune pathway marker genes, TaCERK1, TaRLCK1B, and TaMPK3 in wheat [121].
UDP-UGT	Uridine diphosphate (UDP)- glucosyltransferase (UGT)	Traes_2BS_14CA35D5D	Chr. 2B	Improving the resistance of plant to FHB and the tolerance to DON as well as potentially conjugating DON into D3G in plants [105].
WFhb1-1	Putative membrane protein	GenBank # KU304333.1)	In the interval of <i>Qfhb1</i>	Overexpressing <i>WFhb1-1</i> in non- <i>Qfhb1</i> -carrier wheat led to a significant resistance to <i>Fg</i> [122].

* Chr. represents chromosome, *Fg* represents the abbreviation of *F. graminearum*; Italics represents the Latin names of species.

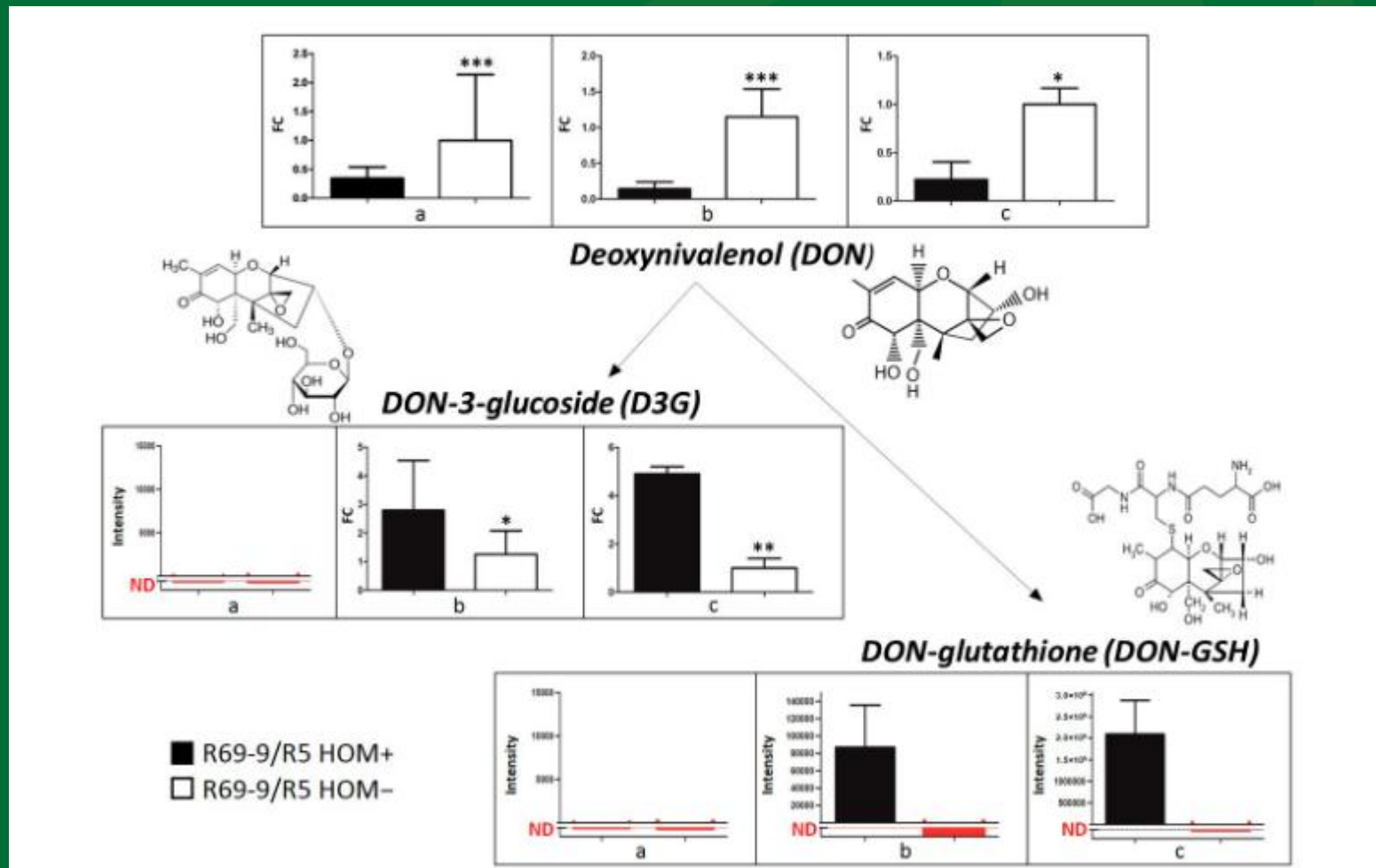


Gen *Fhb7* pochodzący od *Tinophyrum elongatum* nadaje odporność na FHB poprzez detoksykację trichotecenów.

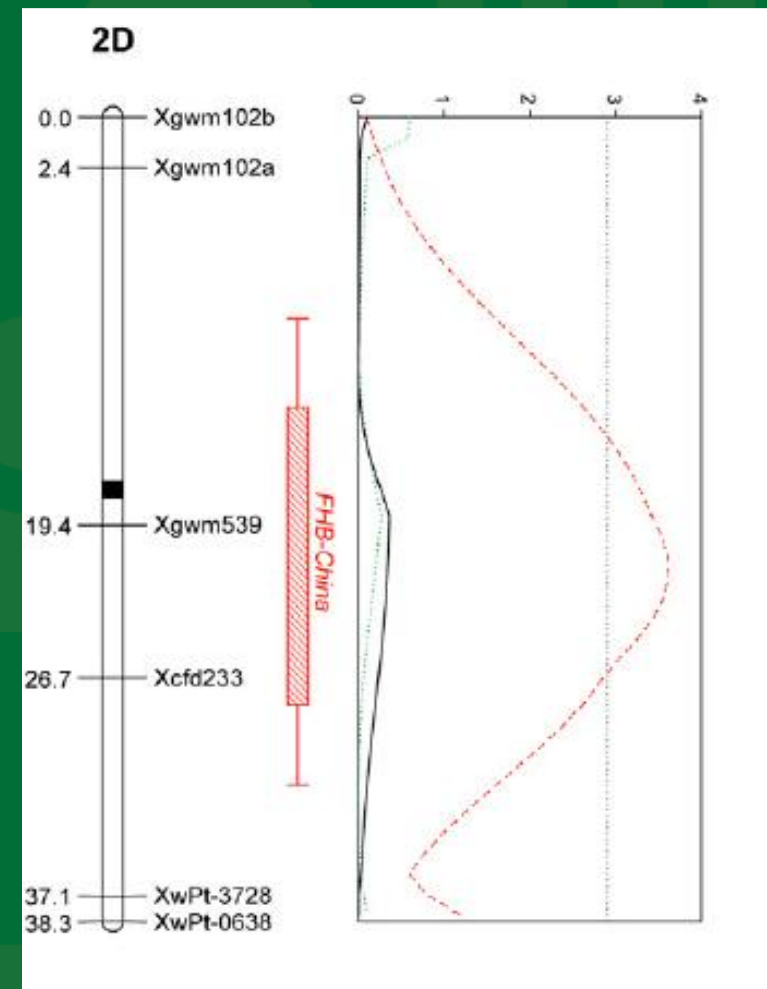
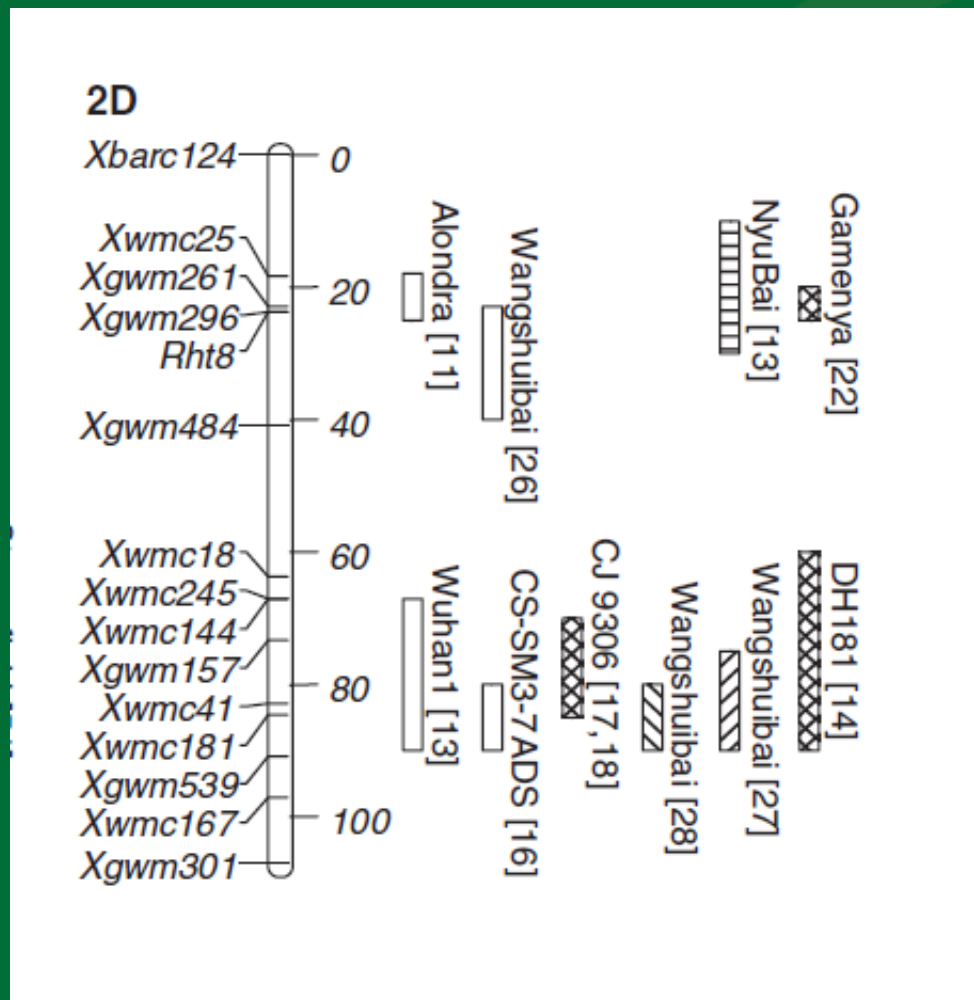
(A) *Fhb7* w genomie *Th. elongatum* prawdopodobnie pochodzi od grzyba *Epichloë* w wyniku horyzontalnego transferu genów. *Fhb7* zwiększa odporność na FHB po introgresji z *Thinopyrum* do pszenicy.

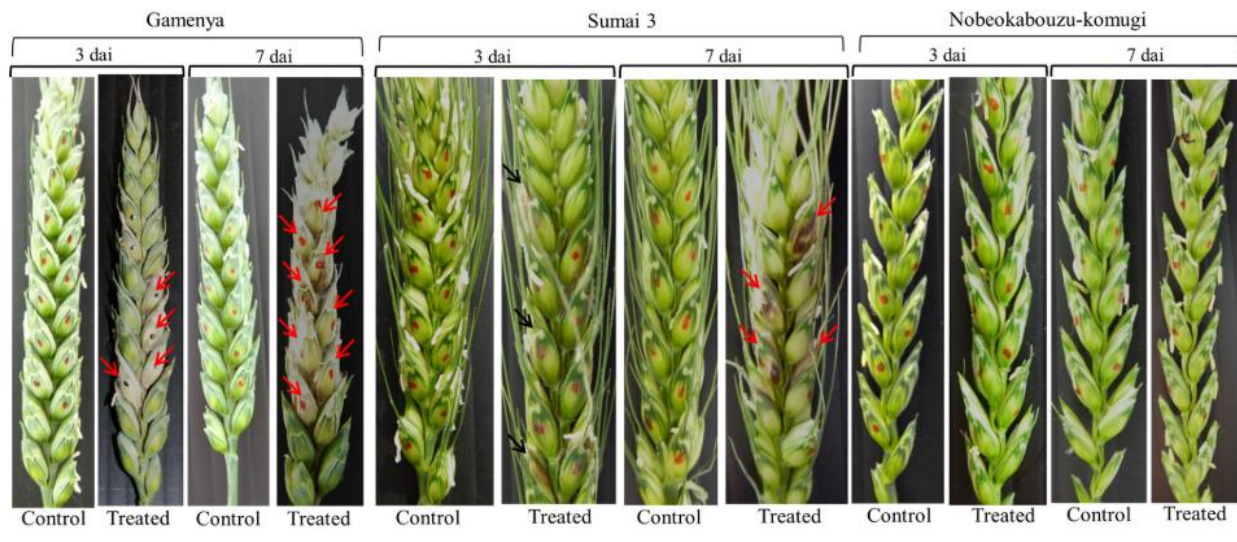
(B) *Fhb7* koduje S-transferazę glutationu (GST), która detoksykującą trichoteceny wytwarzane przez *Fusarium* poprzez przyłączenie glutationu GSH (niebieski) do grupy epoksydowej (czerwony).

Wpływ obecności genu *Fhb7* w liniach pszenicy twardej (HOM+) na zawartość DON i jego modyfikowanych form 3-glikozydu DON oraz glutationu DON



Gen odporności na chromosomie 2DS (*QFhs.kibr-2D*) warunkujący odporność na toksynę DON (glikozyłacja)

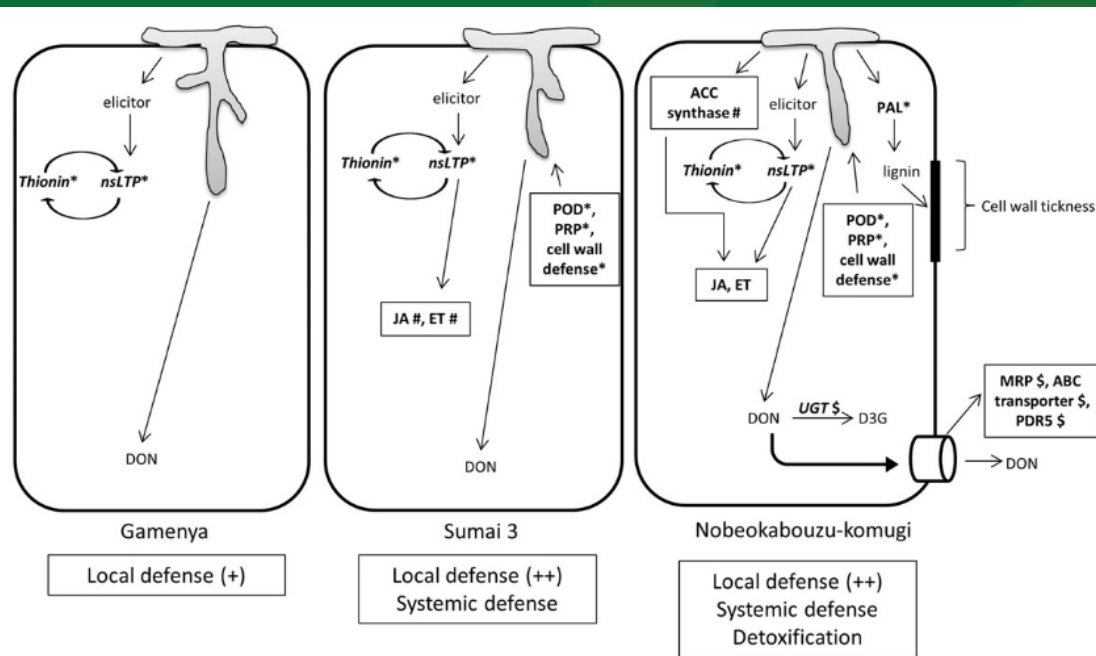




Model reakcji trzech genotypów pszenicy na infekcję *F. graminearum*
 Gamenya - reakcja lokalna
 Sumai 3 – reakcja lokalna, reakcja systemiczna
 Nobeokabouzu - reakcja lokalna, reakcja systemiczna, detoksykacja

nsLTP: niespecyficzne białko transportera lipidów
 POD: peroksydaza
 PRP: białka związane z patogenezą
 JA: kwas jasmonowy
 ET: etylen

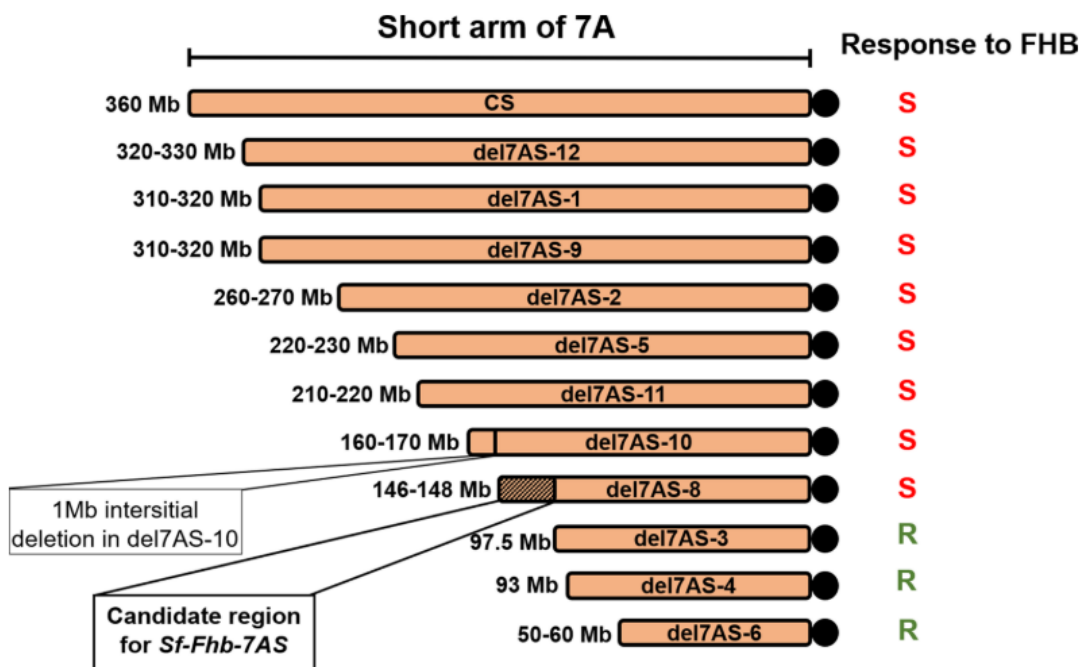
PAL: liaza amoniakalna fenyloalaniny
 Syntaza ACC: syntaza 1-aminocyklopropano- α -karboksylowa; MRP: oporność wielolekowa - powiązane białko;
 PDR5: plejotropowe białko oporności na leki 5;
 UGT: glikozylotransferaza UDP
 DON: deoksyniwalenol
 D3G: 3-glikozyd deoksyniwalenolu.



Sumai 3 – gen odporności *Fhb1*
 Nobeokabouzu – locus odporności *QFhs.kibr-2D*

Odkrycie czynnika podatności na fuzariozę kłosów na chromosomie 7A pszenicy

Fig. 6 Deletion-bin mapping of the candidate region for susceptibility gene *Sf-Fhb-7AS*. Deletion lines are depicted in decreasing order of the length of 7A short arm present in them. Response to FHB is shown as S (susceptible) or R (resistant) on right of each of the line. Diagonal pattern filled section of del7AS-8 shows the candidate region of *Sf-Fhb-7AS*. Location of 1 Mb interstitial deletion in del7AS-10 has also been shown in the figure



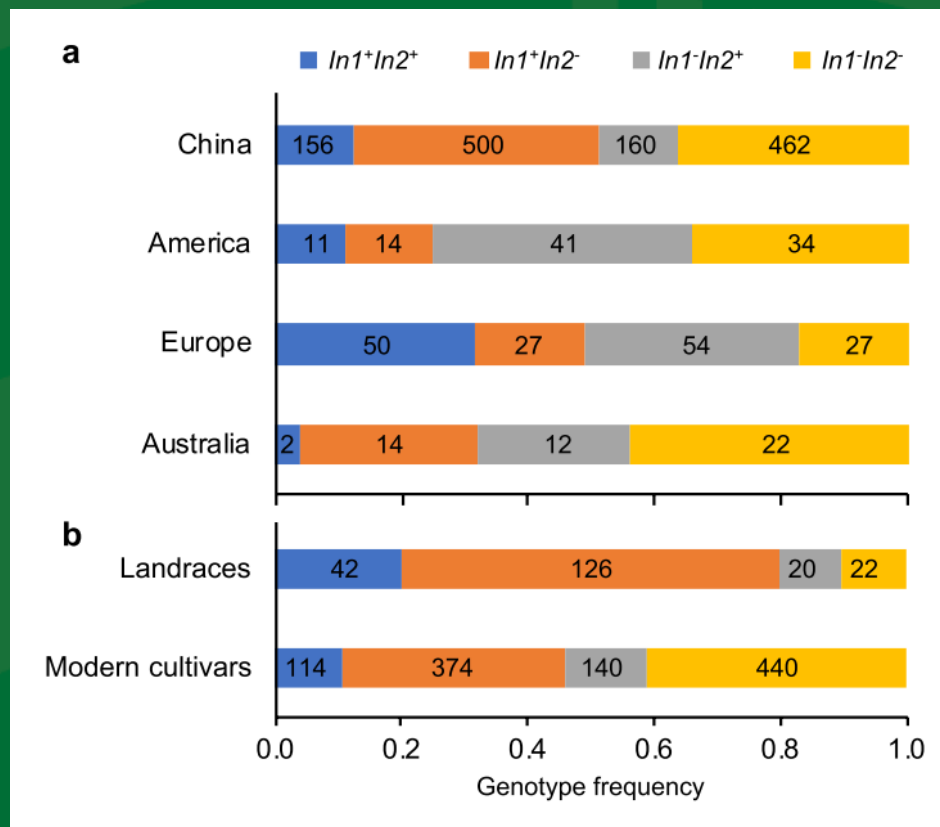
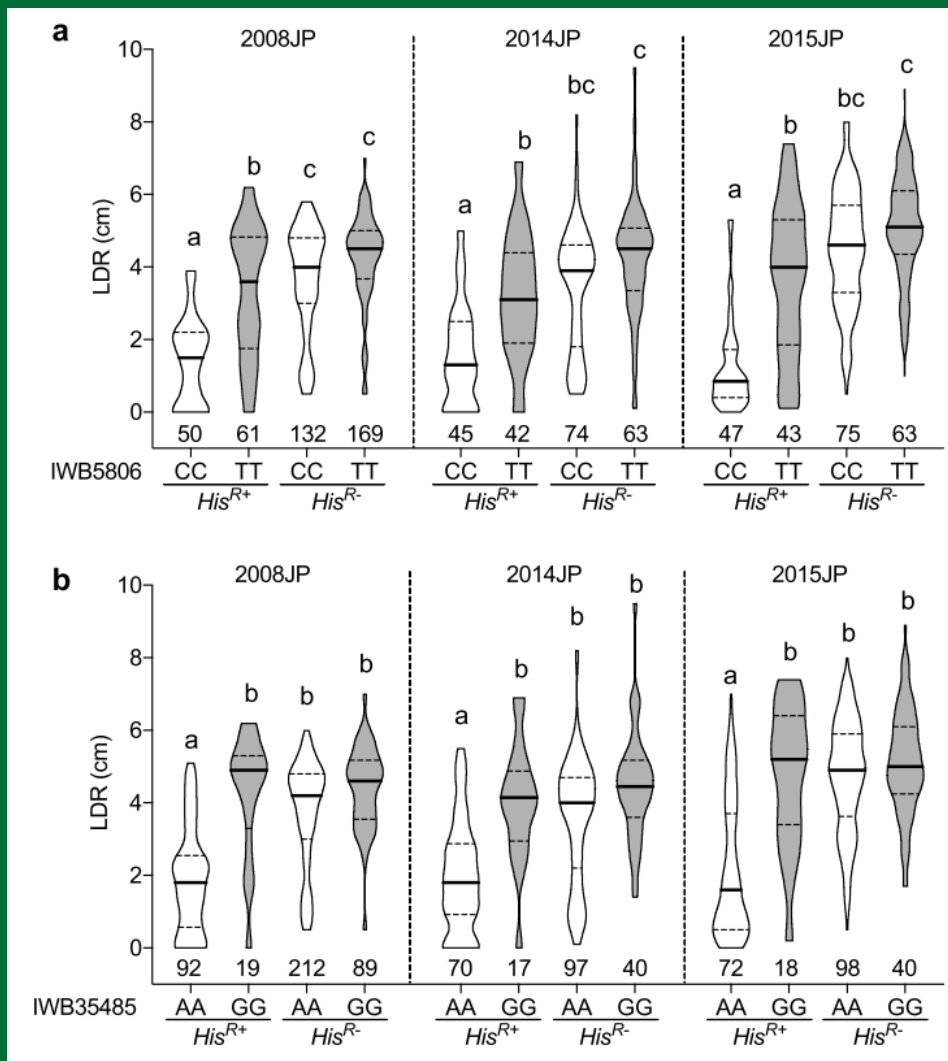
Czynnik podatności *Sf-Fhb-7AS*

Chhabra, B., Tiwari, V., Gill, B.S., Dong, Y., Rawat, N. 2021. discovery of a susceptibility factor for Fusarium head blight on chromosome 7A of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 1: 3
DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03825-y>

Linie delecyjne pszenicy Chinese Spring bez czynnika podatności (del7AS-3, del7AS-4, del7-AS6) wykazujące podwyższoną odporność na fuzariozę kłosów



Inhibitory odporności na fuzariozę kłosów warunkowaną przez *Fhb1* u pszenicy (*Triticum aestivum* L.)



Częstość występowania różnych kombinacji inhibitorowych alleli *In1* (5B) i *In2* (6A) w odmianach pszenicy na świecie oraz w chińskich odmianach lokalnych i nowoczesnych odmianach.

Linie z *Fhb1* (*His^{R+}*) bez *Fhb1* (*His^{R-}*)
 TT, GG – linie z inhibitorami odporności; LDR – porażenie

Mapowanie asocjacyjne genów odporności na fuzariozę kłosów u chińskich odmian pszenicy zwyczajnej

Table 1. Fourteen FHB QTL detected by GWAS.

QTL	Marker Interval	Physical Position (Mb)	Physical Distance (Mb)	No. of Significant SNPs	PVE (%)	Average PVE (%)	Panels	No. Replications
<i>gFHB-1A.1</i>	tplb0025b13_2054~Kukri_c4900_2435	3.4~46.2	43	26	5.1~19.3	9.4	I & II	5
<i>gFHB-1A.2</i>	RAC875_rep_c120644_74~BS00009104_51	527.2~534.3	7.1	15	7.2~15.9	9.8	I & II	4
<i>gFHB-1A.3</i>	AX-110478077~AX-94942875	579.4~591.3	11.9	25	5.0~17.3	6.3	I & II	5
<i>gFHB-1B</i>	Kukri_c51864_225~AX-109320151	582.9~607.9	25	32	5.9~16.2	8.6	I & II	5
<i>gFHB-2B</i>	Tdurum_contig96648_102~BS00065136_51	694.1~704.0	9.9	27	7.3~18.2	12.5	II	4
<i>gFHB-3A.1</i>	Tdurum_contig76679_307~IAAV1155	1.3~14.9	13.5	57	8.1~19.7	13.8	II	4
<i>gFHB-3A.2</i>	AX-110433978~AX-109645516	539.7~570.8	31.1	100	5.0~9.7	8.2	I	4
<i>gFHB-3B</i>	Kukri_c64588_274~AX-110404403	3.3~14.3	11	12	6.1~17.8	11.4	I & II	5
<i>gFHB-3D</i>	Excalibur_c9485_707~Excalibur_c60530_113	0.8~9.7	9	21	7.9~19.7	14.3	Panel II	4
<i>gFHB-5A</i>	AX-89432740~Ku_c12469_983	577.9~596.5	18.6	33	8.8~13.4	10.7	I & II	5
<i>gFHB-5D</i>	AX-111388087~BobWhite_c31_2478	524.8~565.7	41	13	5.9~12.9	9.8	I & II	7
<i>gFHB-6B</i>	BS00003897_51~Kukri_c38732_546	132.1~151.1	19	13	8.8~16.9	12.1	II	4
<i>gFHB-7A</i>	BobWhite_c17904_259~Tdurum_contig30621_328	8.3~68.0	59.8	29	7.1~16.6	12.2	II	4
<i>gFHB-7B</i>	AX-109345488~Tdurum_contig10980_1229	128.9~199.8	70.9	114	5.8~10.4	8.4	I & II	5



Wykryto czternaście QTL stabilnych w dwóch środowiskach. *gFHB-1B* (582,9 ~ 607,9 Mb na chromosomie 1B) i *gFHB-5A* (577,9 ~ 596,5 Mb na 5A) były dwoma nowymi loci oporności.

Lokalizacje chromosomowe istotnych SNP związanych z pięcioma stabilnymi loci oporności na FHB (*gFHB-1B*, *gFHB-3A.1*, *gFHB-3A.2*, *gFHB-3D* i *gFHB-5A*).

Evaluation of Fusarium Head Blight Resistance Through a Genome-Wide Association Study in CIMMYT and South Asian Wheat Germplasm

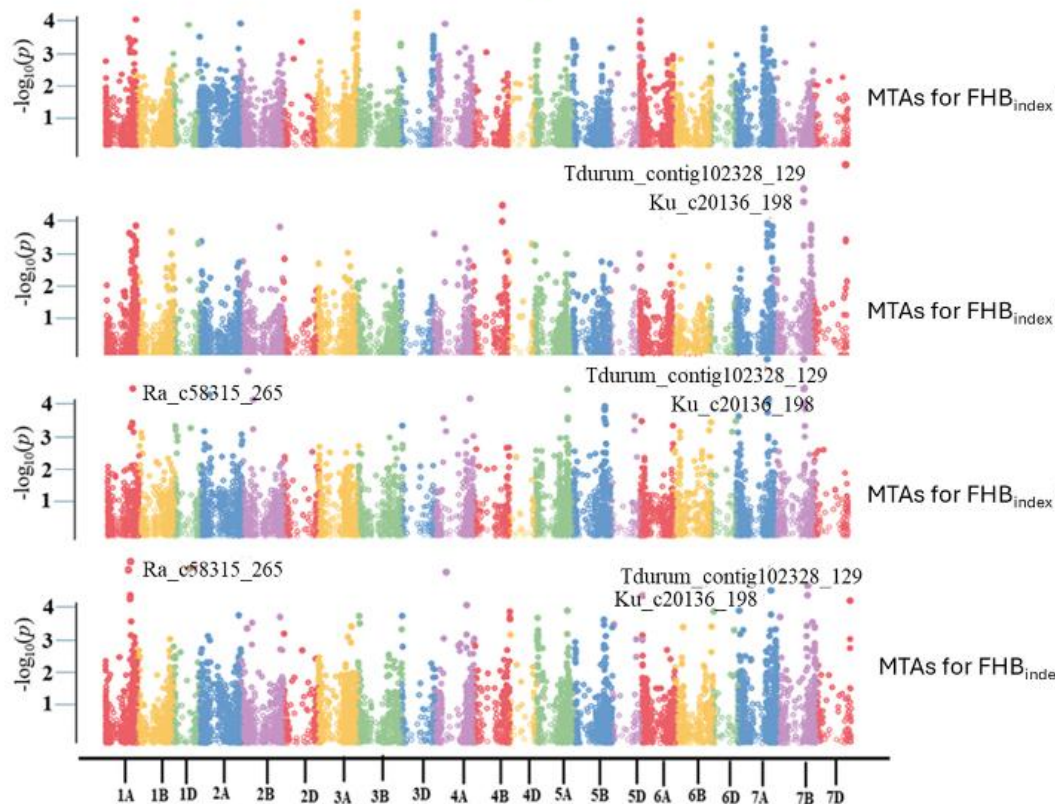
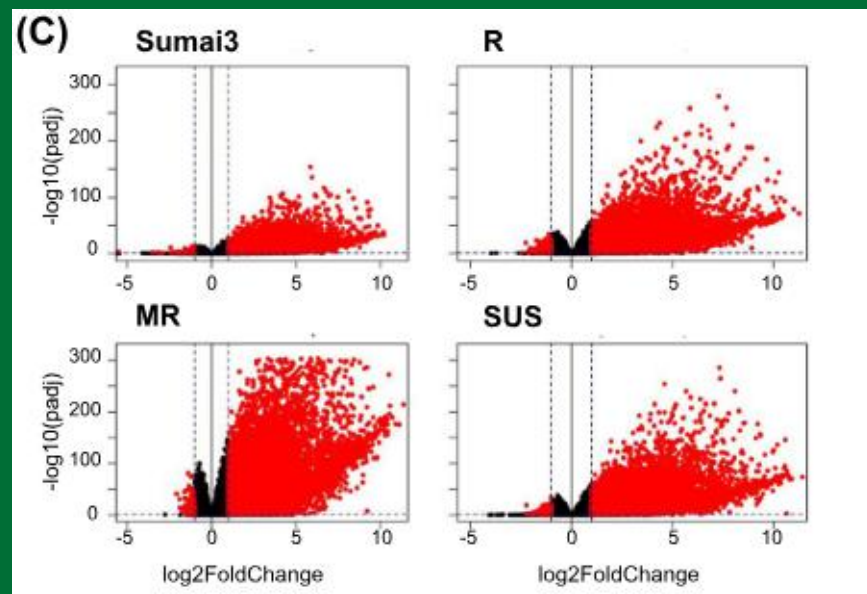


Table 4. Functional annotation of candidate genes associated with disease resistance.

SNP	Chr	Functional Annotation
Tdurum_contig10036_474	1A	PROTEASOME NON-ATPASE REGULATORY SUBUNIT 5-RELATED
Ra_c58315_265	1A	A/G-SPECIFIC ADENINE GLYCOSYLASE/ENDONUCLEASE III
Excalibur_c59894_97	1A	THYMIDINE KINASE 2
AX-94793903	1D	Defensin and Defensin-like DEFL family
AX-94639168	2B	Unknown
RAC875_c60218_63	4A	F-box and tubby domain-containing protein,
RAC875_c32611_347	4A	C-terminal processing peptidase/Tsp protease
RAC875_c2456_849	4B	Exocyst complex subunit Sec15-like
wsnp_Ex_c11055_17927668	5D	COP1-INTERACTING PROTEIN-LIKE PROTEIN
RAC875_rep_c111159_57	7A	histone acetyltransferase of the TAFII250 family 2
Kukri_c9683_723	7A	Transcription initiation factor TFIID subunit 1
Ku_c20136_198	7B	Putative transmembrane protein cmp44E
Excalibur_rep_c111660_89	7A	AN1-TYPE ZINC FINGER PROTEIN
Tdurum_contig44948_1812	7B	transcription initiation factor TFIID subunit 1
Tdurum_contig28176_55	7B	AN1-TYPE ZINC FINGER PROTEIN
Tdurum_contig102328_129	7B	Cysteine-Rich repeat protein
BS00059062_51	7B	Unknown
BS00059061_51	7B	Unknown
BobWhite_c14736_188	7B	Methyl-CpG binding domain (MBD)

MTA (marker trait associations) w Ra_c58315_265 na 1A i Tdurum_contig102328_129 oraz Ku_c20136_198 na 7B wykazały powtarzalne wyniki, z fenotypowym wpływem na oporność na FHB odpowiednio 6,05%, 3,54% i 3,92%.

Fusarium head blight resistance in European winter wheat: insights from genome-wide transcriptome analysis



W grupach odporności Sumai3, R, MR i SUS odpowiednio 8741, 10,118, 10,825 i 10,741 geny pszenicy reagowały na infekcję *Fusarium* przy czym większość genów miała zwiększoną ekspresję (~ 95%)

Większość genów indukowanych w odpowiedzi na *F. graminearum* była wspólna dla różnych grup odporności, co wskazuje, że aktywacja podstawowych mechanizmów odpowiedzi obronnej była w dużej mierze niezależna od poziomu odporności linii pszenicy.

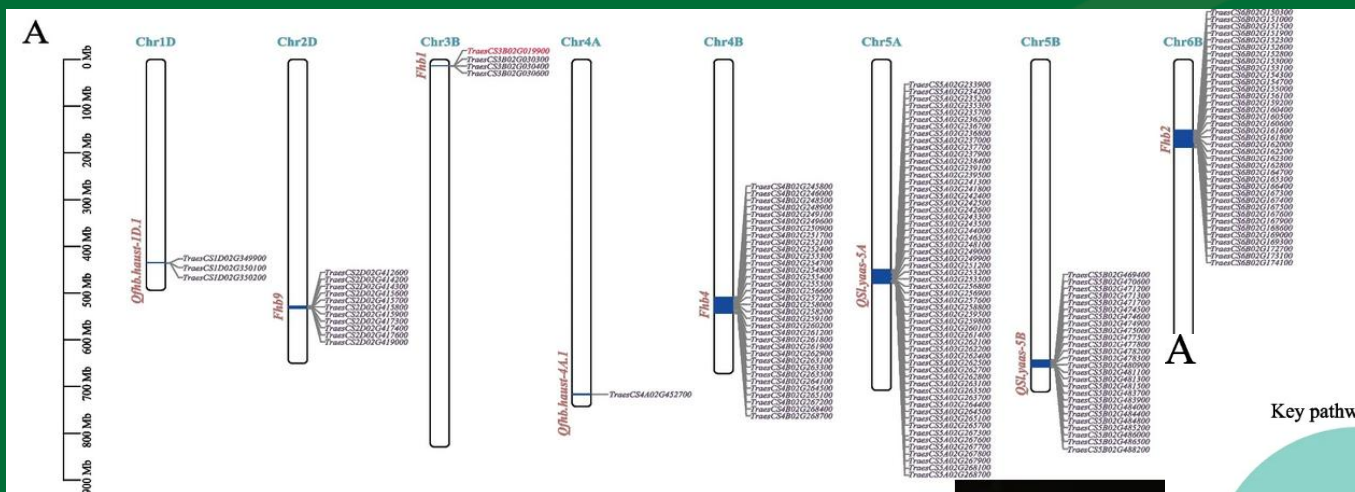
Geny indukowane przez *F.g.* miały wyższy poziom ekspresji w bardziej podatnych genotypach.

W porównaniu z bardziej podatnymi liniami, linie pochodzące od Sumai-3 (*Fhb1*) wykazywały wyższą ekspresję genów związanych ze ścianą komórkową i wtórną biogenezą ściany komórkowej typu roślinnego oraz wyższą ekspresję indukowaną przez *F.g.* genów biorących udział w metabolizmie terpenów.

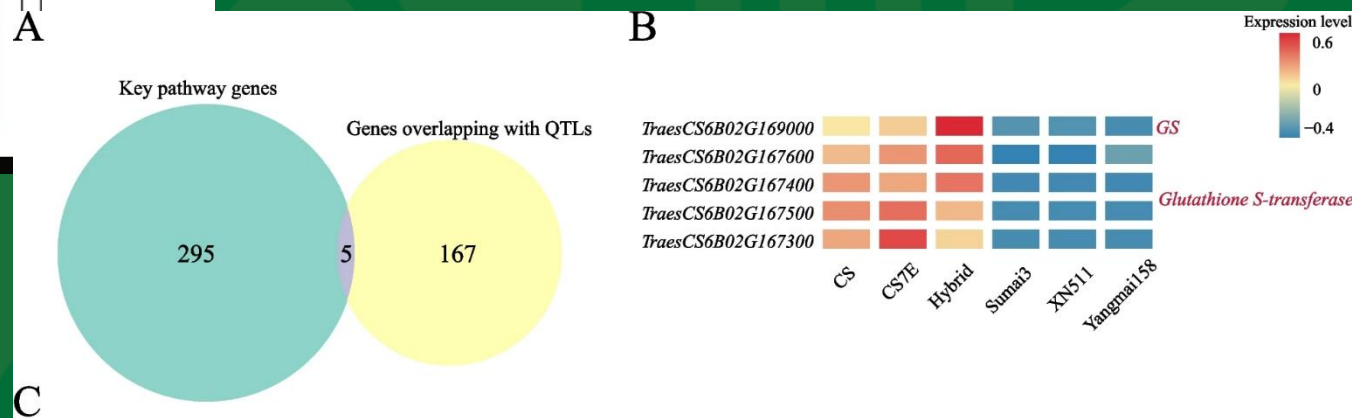
U linii z locus odporności *Qfhs.ifa-5A* zidentyfikowano ekspresję genu kodującego białko odpowiedzi na stres podobne do NST-1 (TraesCS5A01G211300LC) jako gen kandydujący do odporności na FHB. Geny NST-1 są kluczowymi regulatorami wtórnej biosyntezy ściany komórkowej w pylnikach komórki śródłonka.

Nadmierna ekspresja genów kieruje odpowiedź obronną roślin w kierunku programowanej śmierci komórki, która sprzyja nekrotroficznemu wzrostowi *Fusarium*, a tym samym może prowadzić do zwiększonej kolonizacji tkanki pszenicy.

Comparative transcriptomes reveal insights into different host responses associated with Fusarium head blight resistance in wheat



Identyfikacja genów *TraesCS6B02G169000* (syntetaza glutationowa) i czterech genów transferazy glutationowej pokrywających się z *Fhb2* -> mechanizm detoksykacji jak u *Fhb7*



Integracja znanych QTL-i odporności i genów kodujących białka

Na czerwono zaznaczono gen *TraesCS3B02G019900* kodujący białko wiążące wapń bogate w histydyne (histidine rich calcium-binding protein) bezpośrednio związane z odpornością na FHB dla *Fhb1*

gene_id	Pathway	Overlapping QTL	Paired lncRNA	gene and lncRNA mechanism	gene description
<i>TraesCS6B02G169000</i>		<i>Fhb2</i>	<i>LncR_0021777</i>	<i>cis-</i>	Glutathione synthetase
<i>TraesCS6B02G167600</i>		<i>Fhb2</i>	-	-	
<i>TraesCS6B02G167400</i>	Glutathione Metabolism	<i>Fhb2</i>	-	-	Glutathione S-transferase
<i>TraesCS6B02G167500</i>		<i>Fhb2</i>	-	-	
<i>TraesCS6B02G167300</i>		<i>Fhb2</i>	<i>LncR_0021773</i>	<i>cis-</i>	