

Slutrapport

Blad som sporfällor för förbättrade prognostiseringsmetoder

Leaves as spore traps for improved forecasting methods

Projektnummer: O-16-20-767 Projekttidsperiod: 2017-01-01

Huvudsökande:

Anna Berlin, Inst. Skoglig mykologi och växtpatologi, SLU, anna.berlin@slu.se

Medsökande:

Hanna Friberg, Inst. Skoglig mykologi och växtpatologi, SLU

Anders Lindgren, Växtskyddscentralen Uppsala, Jordbruksverket

Lars Johansson, Växtskyddscentralen Skara, Jordbruksverket

Del 1: Utförlig sammanfattning

Plants are increasingly recognized as holobionts, a term used to describe an individual host with its associated microbial community. Plant associated microorganisms play an important role for plant fitness through regulation of several biological processes such as nutrient acquisition and resistance to biotic stresses. Microbial strains or communities may have direct influence on plant pathogenic fungi and disease development. Knowledge about these interactions is useful to increased our understanding of plant disease epidemics.

The purpose of the project was to create a basis for improved disease forecasting methods of plant diseases based on molecular identification of fungi in wheat and in spore traps, as well as to understand the relationship between weather, occurrence of pathogen and disease severity. The project was divided in 3 sub-projects: In the first part, the fungal community was studied both in spore traps and in wheat leaves in relation to disease development and weather. In part 2 we investigated how presence of pathogen in the field in the autumn influenced the development of disease in the

Projekt har fått finansiering genom:

following season. In part three, the aim was to investigate the development of *Fusarium* fungi during a season.

The fungal communities between the spore traps and the plants overlapped to a large extent, overall results shows that the sporetrap catches a hinger number of species than the wheat leaves. The differences in weather between the years influenced the presence and abundance of spices. The number of species correlated with temperature; i.e., the number of speices increased with temperature. When a species can be detected depends on its biology; as an example, fungi favoured by warm temperatures will be more common during summer. Several important disease-causing fungi were identified within the samples, such as *Blumeria graminis* causing mildew, *Zymoseptoria tritici* causing Septoria tritici blotch, *Pyrenophora tritici-repentis* causing tan spot, *Puccinia triticina* and *Puccinia striiformis* causing the cereal brown and yellow rust. Several fusarium species were also identified, but these can not be identified to species level in the barcoding method. For this reason, we used genus specific method to analyze the Fusarium complex during two years.

The project has also collaborated with related projects, which has both put our results in a broader perspective and strengthen the support for the method. In one project, the fungal communities in three different type of landscapes, agricultural fields, pine forests and deciduous forests were investigated. The main finding was that the spore communities across location with the same vegetation type were more similar than the spore communities within an area. In another project, the possibility to quantify species within fungal communities. Based on artificially assembled community with different properties three different sequencing methods were evaluated (Illumina MiSeq, PacBio RS II and PacBio Sequel). In conclusion, the PacBio technologies produce results that better reflect the community composition and the method could be used to semiquantify the presence of species of interests.

Our studies showed that monitoring with molecular methods is possible and confirm that this method can be used for early detection of leaf spot diseases, rust and fusarium in wheat. When a fungus can be detected is dependent on its biology, as an example, fungi favoured by warm temperatures will be more common during summer. The differences in weather between years influence the presence and abundance of a species. The project have provided us important information about the presence of a fungi in the air affects the actual exposure of the wheat to pathogenic fungi. By being able to connect this to the plant protection centres' disease scoring, we can draw unique conclusions about the presence of pathogens in the air and disease development for several diseases.

Sammanfattning (SV)

Växter anses allt oftare vara holobionter, en term som används för att beskriva en värd och dess tillhörande mikrobiella samhällen. Växtassocierade mikroorganismer spelar en viktig roll för växternas hälsa genom reglering av flera biologiska processer såsom näringsupptag och resistens mot biotisk stress. Mikrobiella arter eller samhällen kan ha direkt inverkan på växtpatogena svampar och sjukdomsutveckling. Kunskap om dessa interaktioner är användbar för att öka vår förståelse av växtsjukdomars epidemier.

Växter erkänns alltmer som holobionter, ett ord som används för att beskriva en enskild värd och dess tillhörande mikrob samhälle. Vi vet idag att mikroorganismer som lever på växter spelar en viktig roll för växternas hälsa genom reglering av flera biologiska processer såsom näringsupptag och resistens. Mikrober och mikrobiella samhällen kan ha direkt inverkan på växtpatogena svampar och om eller hur en sjukdom utvecklas. Kunskap om dessa interaktioner är därför användbar för att öka vår förståelse av utbrott av växtsjukdomar.

Syftet med projektet var att skapa en grund för förbättrade prognostiseringsmetoder för växtsjukdomar baserade på molekyllär identifiering av svampar i vete och i sporfällor, samt att förstå sambandet mellan väder, förekomst av patogen och sjukdomens svårighetsgrad. Projektet var uppdelat i tre delprojekt: I den första delen studerades svampsamhället både i sporfällor och i veteblad i relation till sjukdomsutveckling och väderlek. I del två undersökte vi hur förekomst av patogen i fält på hösten påverkade sjukdomsutvecklingen under den följande säsongen. I del tre var syftet att undersöka utvecklingen av *Fusarium*svampar under en säsong.

Svampsamhällena mellan sporfällorna och växterna överlappade i stor utsträckning, övergripande resultat visar att sporfällorna fångar ett större antal arter än vetebladen. Skillnaderna i väder mellan åren påverkade närvaron och antal arter. Antalet arter korrelerade med temperatur; d.v.s. antalet arter ökade med temperaturen. När en art kan upptäckas beror på dess biologi. Som exempel kommer svampar som gynnas av varma temperaturer att vara vanligare under sommaren. Flera viktiga sjukdomsframkallande svampar identifierades i proverna, såsom *Blumeria graminis* som orsakar mjöldagg, *Zymoseptoria tritici* som orsakar svartpricksjuka, *Pyrenophora tritici-repentis* som orsakar vetets bladfläcksjuka, *Puccinia recondita* och *Puccinia striiformis* som orsakar brunrost respektive gulrost. Även flera *Fusarium*arter identifierades, med hjälp av artgrupps-specifik metod för att analysera *Fusarium*-komplexet för proverna.

Projektet har även samarbetat med liknande projekt, vilket både har satt våra resultat i ett bredare perspektiv och stärkt metoden. I ett projekt undersöktes svampsamhällena i tre olika typer av landskap; jordbruksmark, barrskog och lövskog. Huvudresultatet var att sporsamhällena på olika platser med samma vegetationstyp var mer lika än sporsamhällena inom ett område. I ett annat projekt undersöktes möjligheten att kvantifiera förekomst av olika arter inom svampsamhällena. Baserat på ett artificiellt sammansatt mikrobiell samhälle utvärderades tre sekvenseringsmetoder (Illumina MiSeq, PacBio RS II och PacBio Sequel). Sammanfattningsvis ger PacBio-teknologierna resultat som bättre speglar mikrobiell samhällens sammansättning och metoden kan även användas för att semikvantifiera förekomst av olika arter.

Våra studier visar att övervakning med molekyllära metoder kan användas för tidig upptäckt av bladfläckssjukdomar, rost och *Fusarium* i vete. När en svamp kan upptäckas är beroende av dess biologi, till exempel kommer svampar som gynnas av varma temperaturer att vara vanligare under sommaren. Skillnaderna i väder mellan åren påverkar förekomsten och förekomsten av en art. Projektet har gett oss viktig information om förekomsten av en svamp i luften påverkar den faktiska exponeringen av vete för patogena svampar. Genom att kunna koppla detta till växtskyddscentralernas sjukdomsgraderingar kan vi dra unika slutsatser om förekomsten av patogener i luften och sjukdomsutveckling för flera vete-sjukdomar.

Del 2: Rapporten

Inledning

Alla levande arter sprider DNA till sin miljö, vilket ger en möjlighet att övervaka biologisk mångfald med hjälp av molekylära metoder. Övervakning av biologisk mångfald med hjälp av DNA-baserade tekniker har blivit ett komplement till andra typer av inventeringar och ett viktigt verktyg för att förstå olika ekosystem (Tedersoo et al 2022). Våra grödor, ofta odlade i monokultur och därför sårbara för sjukdomsutbrott, hotas av sjukdomar men som både påverkar mängd och kvalitet på skörden. Ett sätt att möta detta hot är övervakning patogener i jordbruksekosystem för att effektivt och tidigt kunna förebygga och hantera av sjukdomar.

Växter erkänns alltmer som holobionter, en term som används för att beskriva en individuell värd med dess tillhörande mikrobiella gemenskap (Theis et al. 2016). Växtassocierade mikroorganismer spelar en viktig roll för växternas hälsa genom reglering av flera biologiska processer såsom näringsinsamling och resistens mot biotisk och abiotisk stress. Enskilda mikrobarter eller samhällen kan ha direkt negativ inverkan på växtpatogena svampar och sjukdomsutveckling genom konkurrens, parasitism eller produktion av sekundära metaboliter, eller indirekt påverkan genom effekter på växters försvar (Schlatter et al 2017). Kunskap om dessa interaktioner har ökat vår förståelse för växtsjukdomars epidemiologi. Det finns också situationer när växtassocierade mikrober kan underlätta infektion av växtpatogener och gynnar sjukdomsutveckling (Dewey et al 1999). Detta är ofta fallet när växter samtidigt koloniserar av mer än en patogen art.

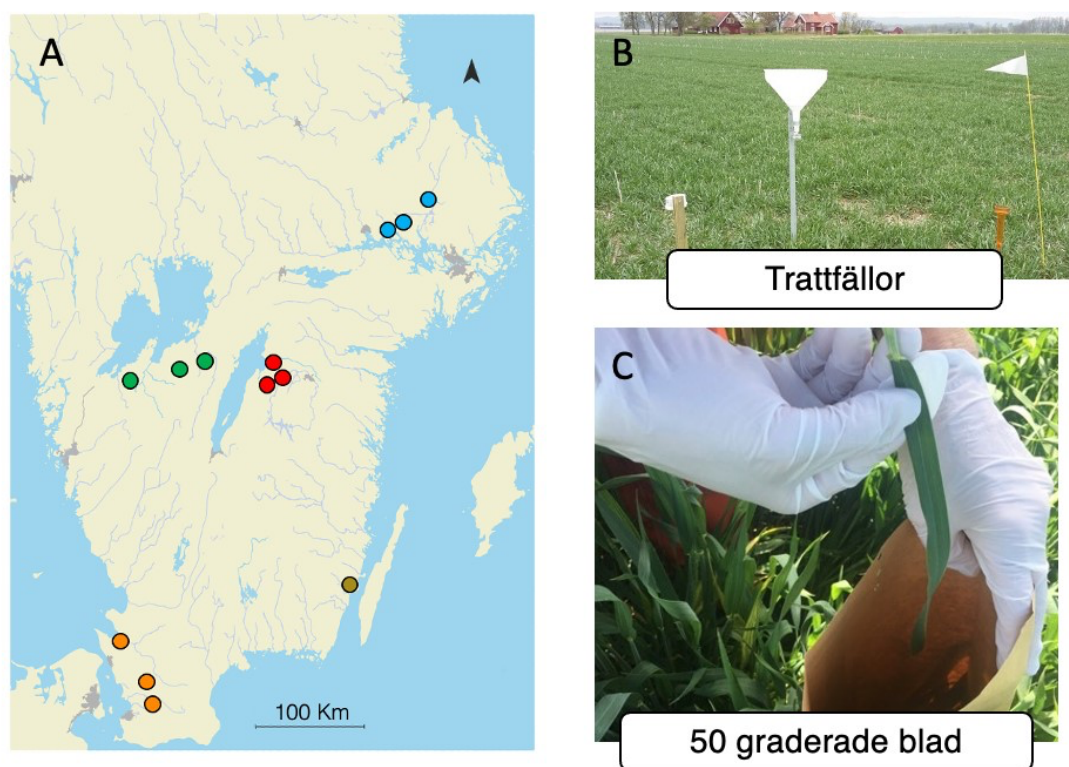
En sjukdom som orsakas av ett komplex av svamparter är axfusarios i spannmål, där 17 arter inom släktet *Fusarium* spp. och 2 arter inom det närbesläktade släktet *Microdochium* spp. har beskrivits infektera spannmål i Europa (Karlsson et al 2021). Axfusarios är en av de viktigaste spannmålssjukdomarna i världen. Förutom att det orsakar skördeminskningar, påverkar det spannmålskvaliteten på grund av mykotoxinproduktionen hos arten som orsakar sjukdomen. Trots dess ekonomiska betydelse är epidemiologin av axfusarios inte väl förstådd. Det faktum att sjukdomen orsakas av ett artkomplex snarare än en enda art bidrar sannolikt till våra svårigheter att förstå den. För några av arterna i komplexet, särskilt *F. graminearum*, identifieras flera riskfaktorer (Manstretta & Rossi 2015, Hjelkrem et al. 2022) medan i andra fall, som *F. langsethiae*, forskare fortfarande kämpar med att beskriva de grundläggande egenskaperna av dess livscykel (Hjelkrem et al 2018).

Syftet med projektet är att skapa underlag för förbättrade prognostiseringsmetoder av växtsjukdomar i fält baserat på molekylär identifiering av svampar i vete och sporfällor, samt sambandet mellan svampförekomst och sjukdomsgraderingar. Projektet bygger vidare på ett tidigare projekt finansierat av Stiftelsen Lantbruksforskning (H1233031). Projektet bestod av 3 delar, i del 1 studerades svampsamhället i sporfällor och från veteblad i relation till sjukdomsutveckling och väder, i del 2 undersökte vi hur sjukdomsangrepp på hösten påverkar utvecklingen av angrepp under nästkommande säsong och i del 3 var målet att undersöka fusariumsvampars utvecklas under en säsong.

Projektet har även samarbetat med liknande projekt, vilket både har satt våra resultat i ett bredare perspektiv och stärkt stödet för metoden. I ett samarbetsprojekt undersöktes svampsamhällena i tre olika typer av landskap, jordbruksmarker, tallskogar och lövskogar (Redondo et al 2020). I ett annat projekt undersöktes möjligheten att kvantifiera arter inom svampsamhällena Castaño et al 2020).

Material och metoder

Projektet bygger på insamlingar genomförda av Jordbruksverkets växtskyddsentraler i Skåne, Östergötland, Västergötland, Kalmar och Uppsala. Totalt har 13 fält provtagits varje vecka under två säsonger, 2017 och 2018. Samtidigt har prover från sporfällor placerade intill rutorna samlats in vid samma tillfällen. För att undvika variation på grund av olika sorter, valdes endast fält av höstvetesorten Julius ut för provtagning (Fig 1). Proverna frystes ned och skickades efter säsong till labbet för vidare analys.



Figur 1. Provtagningen genomfördes under två år i 13 fält av Jordbruksverkets växtskyddsentralers prognosfält (A). Varje vecka under odlingssäsongen samlades prover från trattsporfällor (B) och de av jordbruksverket 50 graderade bladen (C).

För **delprojekt 1** har prover de veckovis insamlade proverna från sporfällor och veteblad under två odlingssäsonger (2017 och 2018) frystorkats, DNA har extraherats och svampsamhällena i varje prov sekvenserats med PacBio (Ihrmark et al 2012). Ibland kallas denna metod för "environmenal DNA" eller eDNA (Giulai et al 2022). För **delprojekt 2** har prover från sådd, strax innan invintring och början av tillväxt samlats in under hösten och vintern 2017/2018 och sekvenserats med samma metod som i delprojekt 1.

Dataanalyser

Sekvenser filterades för kvalitet, klustrades och de-multiplexades med hjälp av SCATA-pipeline (<https://scata.mykopat.slu.se>). Sekvenserna klustrades i olika taxonomiska enheter, sk OTUs (operational taxonomical units). Sekvenser som förekom få gånger eller ansågs för korta filterades bort. Med hjälp av en taxonomisk klassificeringsdatabas (Index fungorum) och en referenssekvensdatabas (Unite), och genom att använda PROTAX en statistiskt kalibrerad sannolikhet för den taxonomiska placeringen av ITS-sekvensen över sex taxonomiska nivåer från fylta till art samt referenssekvensen med den bästa matcha med frågesekvensen. För att utesluta OTU:er som tillhör växter, använde vi minst vanliga förfader-analys i MEGAN (Huson et al., 2007). Var och en av OTU:erna tilldelades en taxonomisk identitet med hjälp av programvaran Protax (Somervuo et al 2016) i PlutoF (<https://plutof.ut.ee>) med ett tröskelvärde på 0,5 (tänkbar klassificering) (Abarenkov et al 2018). De OTU:er som inte kunde tilldelas fylum av Protax och klassificerade som "svamp" i MEGAN behölls som och fördes samman med OTU:erna som tidigare klassificerats som svampar av Protax. Den trofiska nivån för varje OTU erhöles sedan genom att använda FUNguild (Nguyen et al 2016).

Från delprojekt 1 och 2 varje även information om mikroklimatdata (temperatur och relativ luftfuktighet), Växtskyddscentralernas sjukdomsgraderingar samt väderinformation från SMHI samlats in och analyseras tillsammans med informationen från mikrobiotsamhället i luften och i vetebladen. Sammansättningen för varje för det ackumulerade svampsamhället på varje sporfälla, d.v.s. sammanslagning av alla sekvenseringsdata från varje vecka för varje sporfälla av svampsamhället i luften jämfördes med svampsamhället i vetebladen.

Dessa analyser är pågående och vi undersöker nu hur samhället förändras inom varje fält, och även hur de skiljer sig åt mellan varje vecka och månad. Vi kommer att testa hur sambandet mellan skillnaderna i svampsamhället samverkar med väder, dagtemperatur för både luft- och blad mikrobiotet för alla OTU:er med linjär regression (se liknande analyser i tex Redondo et al 2022). Detta visar om ökande/minskande relativ förekomst av en OTU i svampsamhället i luften är associerad med dess ökning/minska relativa förekomst i vete bladen i de olika fälten.

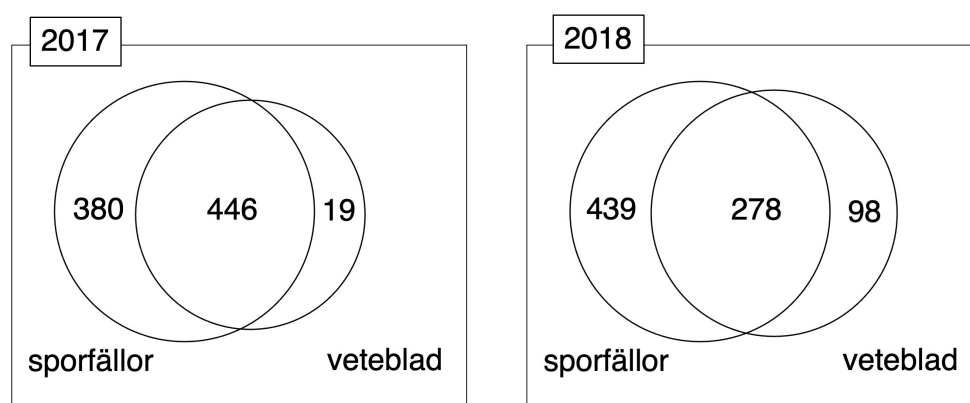
I **projekt del 3** ville vi undersöka förekomst av *Fusarium* i axen med förekomst av toxinhalterna i kärnsörden. Eftersom halterna av fusariumtoxiner i spannmål under 2017 rapporterades vara ovanligt låga, valde vi att samla in provmaterial även 2018. Resultaten från 2018 års fusariumtoxininventering visade dock att toxinhalterna var ännu lägre under 2018. Vi justerade därför försöksupplägget och valde istället ut axen för sista provtagningstidpunkten för båda åren. För dessa 26 prover (13 från varje år) frystorkades axen och DNA extraherades från både kärnor och agnar. Proverna analyserades med samma metod som bladen och sporfällorna, samt för vilka *Fusarium*arter som använts (Karlsson et al 2016). Sekvenseringsresultatet i del 3 har och kommer att analyseras med liknande metoder som delprojekt 1 och 2.

Resultat och diskussion

Svampsamhällena mellan sporfällorna och vete överlappade i stor utsträckning (Fig. 2), och det övergripande resultat visar att sporfällan fångar ett något högre antal arter än

vetebleden. Skillnaderna i väder mellan åren påverkade vilka och antalet arter som detekterades. Våra resultat visar också att antalet arter korrelerade med temperatur; och antalet arter ökade med temperaturen. När en art kan upptäckas beror på dess biologi; exempelvis kommer svampar som gynnas av varma temperaturer att vara vanligare under sommaren.

Flera viktiga sjukdomsframkallande svampar identifierades i proverna, såsom *Blumeria graminis* som orsakar mjöldagg, *Zymoseptoria tritici* som orsakar svartpricksjuka, *Pyrenophora tritici-repentis* som orsakar vetets bladfläcksjuka, *Puccinia recondita* och *Puccinia striiformis* som orsakar brunrost respektive gulrost. Flera fusariumarter identifierades också, men dessa kan inte identifieras till artnivå i den valda metoden. Av denna anledning använde vi genusspecifik metod för att analysera Fusarium-komplexet under två år.



Figur 2. Analyserna visar att det fler arter detekterades i sporfällorna än i vetebleden. Under 2017 identifierades totalt 845 OTU:er eller taxonomiska enheter, jämfört med det torra året 2018 då 815 OTU:er identifierades.

Projektet har även samarbetat med liknande projekt, vilket både har satt våra resultat i ett bredare perspektiv och stärkt stödet för metoden. I ett samarbetsprojekt undersöktes svampsamhällena i tre olika typer av landskap, jordbruksmarker, tallskogar och lövskogar (Redondo et al 2020). De viktigaste fynden var att sporsamhällena på olika platser med samma vegetationstyp var mer lika än sporsamhällena inom ett område. I ett annat projekt, möjligheten att kvantifiera arter inom svampsamhällena (Castaño et al 2020). Baserat på artificiellt sammansatt mikrosamhälle med olika egenskaper utvärderades tre olika sekvenseringsmetoder (Illumina MiSeq, PacBio RS II och PacBio Sequel I). Längden på fragmenten var den huvudsakliga källan till påverkan och de långa fragmenten var generellt underrepresenterade. Denna bias var tre gånger högre för Illumina MiSeq jämfört med PacBio-teknologierna. Sammanfattningsvis, trots det lägre antal sekvenserna som ges i PacBio teknologierna, ger de teknikerna ett resultat som mer återspeglar samhällets sammansättning och om protokollet är optimerat kan metoden användas för att delvis kvantifiera arter av intressen.

Slutsatser

Metoden metabarcoding (Ihrmark et al 2012) har använts för att studera svampsamhällena i princip alla livsmiljöer. Den använder sig av en sk barcode, som i de flesta fall kan identifiera arter men i vissa fall endast kan identifiera till familj eller

grupp-nivå. Det göra att metoden i denna studien är bra för att se helheten, men att vissa arter behöver kompletteras med andra metoder för molekylär detektion eller diagnostisering, alternativt den nyligen utvecklade metoden ”Shotgun sequencing” där hela prov sekvenseras (Giolai et al 2022).

Våra studier visar att det övervakning med molekylära metoder är en metod att tidigt upptäcka angrepp av både bladfläcksjukdomar, rost och fusarios. När en svamp kan upptäckas är beroende av dess biologi, till exempel kommer svampar som gynnas av varma temperaturer att vara vanligare under sommaren. Skillnaderna i väder mellan åren påverkar förekomsten och mängd av en art. Studierna har gett oss viktig information om hur förekomst av en patogen i luften påverkar vetets faktiska exponering för patogena svampar. Genom att kunna koppla detta till växtskyddscentralernas gradering, kan vi dra unika slutsatser om patogeners förekomst i luften och vetets exponering till sjukdomsutvecklingen för flera sjukdomar.

År 2018 var ett annorlunda odlings år på grund av torkan. Detta kan till viss del ha påverkat resultaten då skillnaderna gjort att resultaten inte helt kan översättas till normala år. Samtidigt vet vi att klimatförändringarna kommer att innebära att variationen i väder mellan år kommer att öka, och det finns vissa tendenser att dessa onormala år leder till kraftig selektion på några arter. Ett exempel på det är att vetets bladfläcksjuka (orsakad av svampen *Pyrenophora tritici-repentis*) har ökat i förekomst efter 2018.

Nytta för näringen och rekommendationer

Att fått möjligheten att undersöka svampsamhällen både från sporfällor och veteblad har avsevärt bidragit till förbättrat förståelsen för epidemiologin hos flera svampsjukdomar i vete. Resultaten från projektet visar, i likhet med flera andra studier, att övervakning av mikroorganismer i luften och på växter kan vara en del i att förstå och förutse utbrott av sjukdomar.

Metoden användas idag för att övervaka och förstå förändringar i biodiversitet över tid, och det borde även gälla i jordbruksmark. Exempelvis skulle det då kunna förklara vilka faktorer som ligger bakom ett utbrott, beror det på ankomsten av en ny virulent patogen eller en förändring i odlingen av grödor? Det skulle även i ett längre perspektiv vara värdefullt att skapa en tidsserie med prover från blad är viktigt för att kunna upptäcka hur klimatförändringar påverkar utvecklingen av olika patogener i ett ändrat klimat.

Andra, mer specifika molekylära metoder kan användas för att undersöka förekomst och utbredning av specifika arter. För mycket betydelsefulla patogener kan ibland en specifik molekylär metod vara motiverad, för att tidigt upptäcka nya varianter av etablerade sjukdomar. För detta finns flera artspecifika eller till och med metoder som detekterar inom-artvariation (exempel molekylär identifiering av gulrostraser, se Radhakrishnan et al. 2019).

Referenser

Abarenkov *et al.* 2018. Protax-fungi: a web-based tool for probabilistic taxonomic placement of fungal internal transcribed spacer sequences. *New Phytol* 220: 517-525

- Castaño, Berlin, Brandström Durling, Ihrmark, Lindahl, Stenlid, Clemmensen, Olson. 2020. Optimized metabarcoding with Pacific Biosciences enables semi-quantitative analysis of fungal communities. *New Phytologist* 228: 1149–1158
- Dewey *et al.* 1999. Bacteria associated with *Stagonospora (Septoria) nodorum* increase pathogenicity of the fungus. *New Phytologist*. 144: 489–497.
- Giolai *et al.* 2022. Air-seq: Measuring air metagenomic diversity in an agricultural ecosystem bioRxiv 2022.12.13.520298
- H1233031 Prediction of plant disease based on molecular methods and spore traps. Projekt finansierat av SLF 2013-2015 huvudsökande Jonathan Yuen
- Hjelkrem *et al.* 2018. HT-2 and T-2 toxins in Norwegian oat grains related to weather conditions at different growth stages. *European Journal of Plant Pathology* 151:501–514.
- Hjelkrem *et al.* 2022. Weather patterns associated with DON levels in Norwegian spring oat grain: A functional data approach. *Plants* 11: 73.
- Huson, *et al.* 2007. MEGAN analysis of metagenomic data. *Genome Res* 17: 377–386
- Ihrmark, Bödeker, Cruz-Martinez, Friberg, Kubartova, Schenck, Strid, Stenlid Brandström-Durling, Clemmensen, Lindahl. 2012. New primers to amplify the fungal ITS2 region – evaluation by 454-sequencing of artificial and natural communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 82: 666–677. DOI: 10.1111/j.15746941.2012.01437.x
- Karlsson *et al.* 2016. Genus-specific primers for studying *Fusarium* communities in field samples. *Applied and Environmental Microbiology* 82:491–501. doi:10.1128/AEM.02748-15
- Karlsson *et al.* 2017. Agricultural factors affecting *Fusarium* communities in wheat kernels. *International Journal of Food Microbiology* 252: 53–60.
- Karlsson *et al.* 2021. Fusarium Head Blight from a microbiome perspective. *Frontiers in Microbiology* 12:628373.
- Manstretta & Rossi 2015. Effects of weather variables on ascospore discharge from *Fusarium graminearum* perithecia. *PLoS ONE* 10: e0138860
- Nguyen, *et al.* 2016. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology* 20: 241–248
- Radhakrishnan, *et al.* 2019. MARPLE, a point-of-care, strain-level disease diagnostics and surveillance tool for complex fungal pathogens. *BMC Biol* 17, 65.
- Redondo, Berlin, Boberg, Oliva, 2020. Vegetation shapes fungal spore arrival within a forest–agricultural mosaic landscape. *FEMS Microbiology Ecology* 96:fia0082, doi: 10.1093/femsec/fiaa082
- Redondo, M. A., Oliva, J., Elfstrand, E., Boberg, J., Capador, H., Karlsson, B., and Berlin, A. (2022) Host genotype and air mycobiome influence the needle mycobiome of Norway spruce. *Environmental microbiology* doi:10.1111/1462-2920.15974
- Schlatter *et al.* 2017. Disease suppressive soils: new insights from the soil microbiome. *Phytopathology* 107: 1284–1297.
- Somervuo *et al.* 2016. Unbiased probabilistic taxonomic classification for DNA barcoding. *Bioinforma Oxf Engl* 32:2920–2927
- Tedersoo, *et al.* 2022. Best practices in metabarcoding of fungi: From experimental design to results. *Molecular Ecology*, 31, 2769–2795
- Theis *et al.* 2016. Getting the hologenome concept right: an ecoevolutionary framework for hosts and their microbiomes. *mSystems* 1(2):e00028-16.

Del 3: Resultatförmedling

Vetenskapliga publiceringar	Karlsson I., Persson P., Friberg H. 2021. Fusarium Head Blight From a Microbiome Perspective. <i>Frontiers in Microbiology</i> 12:628373. doi: 10.3389/fmicb.2021.628373
	Castañó, C., Berlin, A., Brandström Durling, M., Ihrmark, K., Lindahl, B., Stenlid, J., Clemmensen, K., Olson, Å. (2020) Optimized metabarcoding with Pacific Biosciences enables semi-quantitative analysis of fungal communities. <i>New Phytologist</i> 228: 1149-1158
	Redondo, M. A., Berlin, A., Boberg, J. Oliva, J. (2020) Vegetation shapes fungal spore arrival within a forest–agricultural mosaic landscape. <i>FEMS Microbiology Ecology</i> 96:fia0082, doi: 10.1093/femsec/fiaa082
	Berlin, Friberg <i>et al.</i> Study of wheat leaf fungal communities and air spore traps helps to predict disease development (pågående, planerad publicering 2023)
	Friberg, Berlin <i>et al.</i> Can ear fungal community explain the presence of <i>Fusarium</i> spp. complex in wheat ears at harvest (pågående, planerad publicering 2023)
	Berlin <i>et al</i> Leaf as spore traps for improved forecasting methods, 12 th International Congress of Plant Pathology, Lyon 20-25 august 2023 (planerad, abstract)
	Berlin, Boberg and Oliva (2017) Spore trap and molecular detection of fungi. Poster 44 session 2 on 12 th European Foundation for Plant Pathology, Dunkirk, France, May 29-June 2, 2017
Övriga publiceringar	Projektets hemsida: https://www.slu.se/institutioner/skoglig-mykologi-vaxtpatologi/forskning/epidemiology/blad-som-sporfallor-for-forbattrade-prognosticeringsmetoder/
	Nyhet Inst. Skoglig mykologi och växtpatologis hemsida: https://www.slu.se/ew-nyheter/2016/12/bladsom-sporfallor/
	Blad som sporfällor – kan vi detektera sjukdom innan symptom? Populärvetenskaplig artikel/text för spridning av projektets resultat i Sverige (planerad)
Muntlig kommunikation	Mellansvenska växtodlingskonferensen 20 januari 2021: Blad som sporfällor? Presentation av A. Berlin

Övrigt	Deltagit i workshops och kommenterat på rapport om sporfällor till Skogsskadecenter: Olson 2022
	Prestudy; Molecular monitoring for fungal pathogens