

Vorhabensbeschreibung des Projektantrags:

[Direkt zu Resistenz, Qualität und Ertrag mit Ackerbohnen-Linien \(Abo-Direkt\)](#)

FKZ 2820EPS003

Akronym: [Abo-Direkt](#)

Antragsteller: Prof. Dr. Wolfgang Link, DNPW, Georg-August-Universität Göttingen

Projektbeginn: 1. Dezember 2022. Projektdauer: 3 Jahre.

I Zielsetzung, Gesamtziel und Teilziele des Vorhabens

Die Ackerbohne (*Vicia faba* L., eine einheimische Mähdrusch-Körnerleguminosen wie Erbse, Lupine, Linse, Sojabohne, besticht durch ihren vergleichbar hohen Sameneiweiß-Gehalt (circa 29%; im Vergleich zu circa 23% bei Erbse; www.bundessortenamt.de), durch ihre den anderen Körnerleguminosen weit überlegene Symbioseleistung (bis zu 648 kg/ha Stickstoff; Köpke und Nemecek 2010) und wegen ihrer Bedeutung für Nektar- und Pollen-suchende Insekten (Marzinzig et al., 2018). Sie realisiert wegen ihrer natürlichen, teilweisen Fremdbefruchtung (Brünjes et al., 2021; Kirsch et al., 2022), im Gegensatz zu den anderen anderen Körnerleguminosen Hybridwüchsigkeit (Heterosis), außerdem gibt es neue Winter-Ackerbohnenarten (www.bundessortenamt) mit im Vergleich zur Sommerung besserer Trockenheits-Toleranz. Dennoch ist der Anbau der Ackerbohne in Deutschland relativ gering (57.500 Hektar im Jahr 2021; voraussichtlich 67.000 Hektar im Jahr 2022; trotz steter Flächenzunahme seit 2008). Die Anbaufläche entspricht zurzeit etwa 60% der Erbsenfläche in Deutschland, 170% der Soja- und 200% der Süßlupinenfläche (www.destatis.de). Aktuell erlebt die Züchtung und Züchtungsforschung der Ackerbohne große Fortschritte durch die Verfügbarkeit von SNP Chips und SPET-Methodik, durch die Sequenzierung ihres Genoms und detaillierte Analysen der weltweiten Diversität der Spezies (www.suscrop.eu/projects-first-call/pro-faba; Adhikari et al., 2021; Kiel-Skovbjerg et al., 2022). Damit werden nunmehr auch für die Ackerbohne die neuen Züchtungsansätze realisierbar, insbesondere die Genomische Vorhersage, zur besseren und effizienteren Ausschöpfung ihres genetischen Potential an Leistung, Resistenz und Qualität (Adkhikarai et al., 2021).

In dem hier beantragten Forschungs- und Entwicklungsprojekt soll für Ackerbohnen erstmals (1) ein direkter, schneller Weg zu homozygoten Linien erschlossen werden und es soll (2) Genomische Vorhersage (GV) in die Züchtung implementiert werden. Damit sollen zwei wichtige züchterische Lücken im Vergleich zum Methodenbesteck der großen Kulturen geschlossen werden. Diese beiden Neuerungen werden weitreichende züchtmethodische Verbesserungen ermöglichen. Außerdem sollen durch die hier vorgeschlagene Arbeit Ackerbohnen gezüchtet werden, die gegenüber aktuellen Sorten und dem Ausgangsmaterial sehr deutlich verbessert sind.

Da dieses Vorhaben als Promotionsprojekt geplant ist, resultiert wissenschaftlicher Nachwuchs mit Züchtungs-Expertise in heimischen Körnerleguminosen. Durch das parallele Arbeiten in Hohenlieth (NPZ Lembke KG), Göttingen (Universität) und Wartmannsroth (Naturland) wird eine nahtlose Übertragung von Resultaten (Konzept, Zuchtmaterial) in die Praxis gewährleistet. Das Projekt ist relevant für Wissenschaftlerinnen, Züchter, Landwirte, Berater, Saatgutproduzenten und Händler, Futter- und Lebensmittelindustrie und Verbraucher, sowohl mit konventioneller als auch mit ökologischer Ausrichtung.

Es ergeben sich **fünf Ansätze und Teilziele** (siehe auch Abbildungen 1 und 2).

1. **Machbarkeitsstudie**: Identifizierung (mittels genomischer Daten) von homozygoten Genotypen (Inzuchtlinien), die in der züchterischen Basispopulation *a priori* vorhanden sind; das ist ein erstmalig vorgeschlagener direkter Weg zu homozygoten Inzuchtlinien und Baustein von Punkt 4.
2. **Entwicklung der Genomische Vorhersage** der agronomischen Leistung dieser Inzuchtlinien (,genomic prediction‘; ,genomic selection‘); Züchtung von Linien mit deutlicher Verbesserung in Ertragsstabilität und Ertragspotential, verbesserter Verdaulichkeit, höherer Resistenz, besserer Standfestigkeit und erhöhtem Frost- und Trockenstress.
3. **Machbarkeitsstudie**: Genomische Vorhersage für Individuen vor ihrer Aussaat, mittels DNA aus ihren Saat-Samen (,chipped seed‘); als Baustein für Punkt 4.
4. **Konzeptionelle Arbeit**: Basierend auf einzelpflanzenweiser genomischer Analyse der sog. Basispopulation soll getrennt werden: die (1) Rekombination und Selektion von der (2) Sortenentwicklung. Damit geht eine Verkürzung der Zucht-Zyklen, Schonung der genetischen Diversität und eine deutliche Erhöhung des züchterischen Erfolges in der Ackerbohnenzüchtung einher ([Gaynor et al., 2017](#)).
5. **Theoretische Studien** zur genetischen Zusammensetzung von Populationen bei partieller Allogamie und der Bestimmung der individuellen Inzuchtgrade, zu LD-Abbau bei partieller Allogamie, zur effektiven Populationsgröße der Basispopulation; Optimierung des neuen zuchtmethodischen Konzeptes (Abbildungen 1 und 2) unter Ausnutzung der natürlichen, partiellen Allogamie (basierend auf Gaynor et al., 2017) als Unterfütterung für Punkt 4.

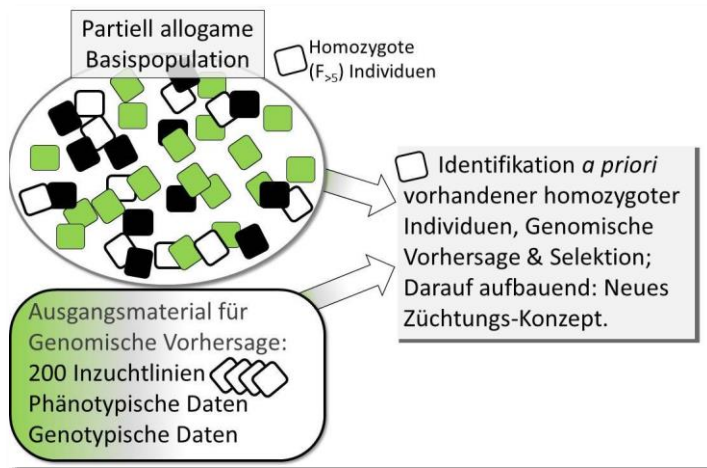


Abbildung 1. Andeutung des Zusammenspiels zwischen der Grund-Idee, Homozygote anhand von SNP-Daten zu erkennen, mit der Entwicklung der Genomischen Vorhersage und den daraus resultierenden zuchtmethodischen Alternativ-Konzepten.

Wissenschaftliche und/oder technische Arbeitsziele des Vorhabens

Im Sinne „Aufklärung eines Phänomens“ soll die minimale Anzahl SNP-Marker aufgeklärt werden, die zur Identifizierung der jeweiligen Inzucht-Kohorte (siehe unten) gebraucht werden; desweiteren soll der Muster und Geschwindigkeit des LD-Abbaus in Populationen bei partielle Allogamie aufgeklärt werden (LD, also ‚linkage phase disequilibrium‘ ist eine Voraussetzung für Genomische Vorhersage).

Im Sinne „Verbesserung des Materials“ sollen Ackerbohnen gezüchtet und identifiziert werden, die gegenüber aktuellen Sorten und gegenüber dem Ausgangsmaterial sehr deutlich verbessert sind (Ertrag, Resistenz, Qualität; siehe unten).

Im Sinne „Herstellung eines Prototyps“ und „Verbesserung des Verfahrens“ sollen merkmalspezifische Algorithmen für Genomische Vorhersage und entsprechend Genomische Selektion erarbeitet werden (für homozygote und nicht-ingezüchtete Genotype). Es soll außerdem experimentell gezeigt werden, wie man zuchtmethodisch sog. ‚chipped seed‘ benutzen kann, also die Technik, Individuen vor ihrer Aussaat über zu bewerten und zu selektieren.

II

Stand der Forschung und Stand des Wissens

Stand des Wissens zu Ertrag, Wuchshöhe, Standfestigkeit, Winterhärte, Trockenstress-Toleranz, Vicin- und Convicingehalt, Ascochyta-Resistenz, Reaktion auf Leguminosenmüdigkeit.

Zu [Ertrag](#), [Wuchshöhe](#), [Standfestigkeit](#) gibt es umfangreich Literatur (Dantuma et al., 1983; Sass, 2009; Link et al., 1994b; Stelling et al., 1994; Zeid et al., 2004; Ebmeyer, 1988; Beschreibende Sor-

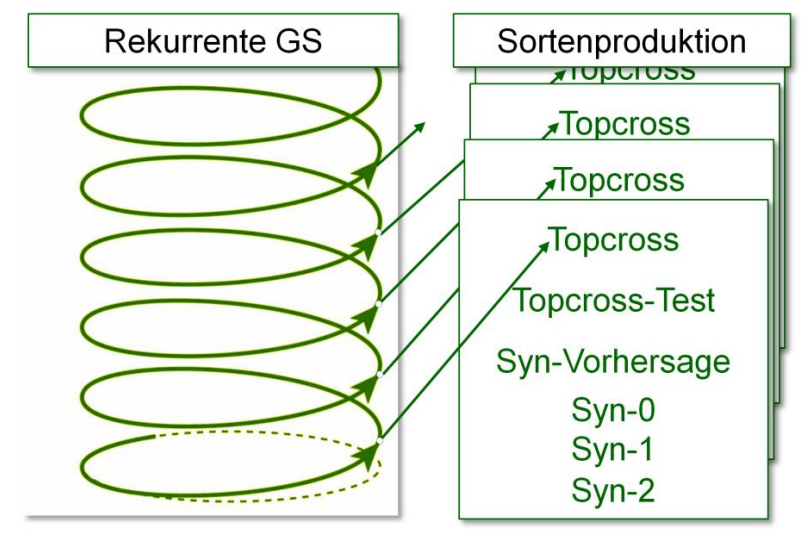
tenliste, alle Jahrgänge). Wuchshöhe und Standfestigkeit sind genetisch ungünstig verbunden; besonders für die ökologische Landwirtschaft, weil kurzer Wuchs einerseits der Standfestigkeit dient sowie in Reinsaat und Gemengesaat die Erntbarkeit verbessert (Nelson and Siebrecht-Schöll et al., 2021), andererseits aber das Ertragspotential verringert und die Unkrautunterdrückung vermindert (Ghaouti et al., 2015).

Zu **Winterhärte**, **Frosttoleranz** und **Trockenstresstoleranz** wurden in Ali et al. (2016) GWAS-Resultate vorgestellt (s.a. Stoddard et al., 2006). Es sind komplexe Merkmale, die sehr stark von der konkreten Witterung abhängen, insbesondere in Abhängigkeit von Härtung und Enthärtung. Es wurden in Winterackerbohnen insgesamt neun QTL für Frosttoleranz und zwölf QTL für Teilaspekte der Trockenstresstoleranz identifiziert. **Vicin- und Convicin-Gehalt** (antinutritive Inhaltsstoffe) sind Gegenstand aktueller Forschung. Auf Chromosom 1 der Ackerbohne liegt ein major-QTL mit einem Allel (*vc⁻*) für sehr niedrigen Gehalt von Vicin und Convicin. Der Gehalt variiert im ‚üblichen‘ Zuchtmaterial etwa von 0,4% bis über 1% im Samen. Bei Homozygotie für *vc⁻* dagegen beträgt er etwa 0,04%. Das Gen wurde mit hoher Wahrscheinlichkeit als RIBA1-Gen identifiziert (Björnsdöter et al., 2020; Khazaei et al., 2019; Tacke et al., 2022). Es ist offen, ob der sehr niedrige Gehalt durch das Gen *vc⁻* (der sich auch in den anderen Pflanzenorganen wie der Wurzel zeigt) mit einer entsprechend verringerten Widerstandskraft gegen bodenbürtige Pathogene einhergeht (Pavlik et al., 2002; Tacke et al., 2022). Gegebenenfalls wäre unter Verzicht auf das Gen *vc⁻*, jedoch unter Ausnutzung der Wildtyp-Variation, eine Züchtung auf einen intermediär niedrigen Gehalt von etwa 0,4% zu wählen, um Verdaulichkeit und Pathogenabwehr zu kombinieren (Tacke et al. 2022; Puspitasari et al., 2022).

Ascochyta verursacht (wie auch *Botrytis*, *Peronospora*, *Uromyces*) eine wichtige, ökonomisch hoch relevante Pilzkrankheit. Für *Ascochyta fabae* sind bestätigte QTL beschrieben (Atienza et al., 2016; Díaz-Ruiz et al., 2009; Faridi et al, 2021), für Resistenz von Blatt, Stängel, Hülse. Die Wirksamkeit der QTL in Winterbohnen wird in Faridi et al. (2021) diskutiert. Leguminosenmüdigkeit bezeichnet verminderte Wüchsigkeit durch fruchtfolgebedingten Stress (u.a. bodenbürtige Pilze). In Zusammenhang mit dem hohen und genetisch variablen Gehalt von Vicin und Convicin in den Wurzeln der Ackerbohnen und der fungiziden Wirkung dieser Inhaltsstoffe ist die Frage weiter offen, ob eine radikale genetische Verminderung agronomisch nachteilig sein kann (Pavlik et al., 2002; Bruns et al., 2014; Tacke et al., 2022).

Stand der Forschung zur Zuchtmethodik unter Einbeziehung von Genomischer Vorhersage; Stand der Forschung zur Populationsstruktur bei partieller Allogamie.

Es gibt Fortschritte zur künstlichen Beschleunigung des Samenansatzes bei Ackerbohnen, die auch bei Winterackerbohnen zumindest zwei Generationen pro Kalenderjahr als realisierbar erscheinen lassen (Mobini et al., 2020).



Der Einsatz der Genomischen Vorhersage (GV) in der Züchtung großer Kulturen wie Mais folgt dem Erfolg dieses Ansatzes in der Tierzüchtung (Yunbi Xu et al., 2020). Ein entscheidender Vorteil der Pflanzenzüchtung ist die Möglichkeit, Genotypen (insbesondere Inzuchtlinien) mit beliebig vielen Individuen zu testen, was hochwertige, orthogonale Daten aus vielen Umwelten incl. Wieder-

holungen möglich macht. Wäre statt einer wirkmächtigen Leistungsprüfung in mehreren Umwelten schon die Auslese an einzelnen ‚unikaten‘ Pflanzen-Individuen in einer einzelnen Umwelt effektiv, dann könnte die züchterische Auslese direkt an den Individuen einer (in möglichst kurzen Zyklen rekombinierenden) Basispopulation geschehen. Eben dieses wird von Gaynor et al. (2017) als Versprechen der GV an die Pflanzenzüchtung herausgestellt.

In der Pflanzenzüchtung ist die (bisher phänotypische) **Auslese an Einzelpflanzen** kein erfolgversprechender Ansatz. Die GV ändert nun möglicherweise diese Lage; sie erlaubt die Trennung der Genotypen, welche phänotypische Daten aus Feldversuchen liefern von den (Genen und) Genotypen, welche der Rekombination und Selektion unterworfen werden; die Rollen „Rekombinations-einheit“, „Selektionseinheit“, „Testeinheit“ sind durch GV trennbar. Mit der GV kann die Selektion an Einzelpflanzen in der rekurrent selektierten Basispopulation geschehen und aus der Sorten‘züchtung‘ herausgenommen werden. Die Sortenzüchtung wandelt sich damit in eine Sorten‘produktion‘. Basierend auf diesen Ideen und Einsichten entsteht ein neues Bild der pflanzenzüchterischen Methode (Abbildung 2; Jighly et a., 2019; Gaynor et al., 2017).

Abbildung 2. Trennung von Genomischer Selektion und Rekombination, beides mittels Einzelpflanzen in einer rekurrent selektierten Basispopulation, von der Sortenproduktion (basierend auf Genomisch selektierten Inzuchtlinien, hier am Beispiel von synthetischen Sorten); inspiriert von Gaynor et al. (2017).

Die zyklische Rekombination und Selektion wird in eine Basispopulation gelegt, die durch möglichst kurze Generationszyklen und also rasche Selektionsschritte geführt wird. Die Produktion von

Inzuchtlinien als Basis der Sortenproduktion erfolgt dann als „Ausgründung“ aus der Basispopulation. Parzellen-basierte phänotypische und genotypische Daten aus der Phase der Sortenproduktion verbessern kontinuierlich die Kalibration der Genomischen Vorhersage für die Einzelpflanzenselektion in der Basispopulation. Ein gewisser Aufwand liegt in der Durchkreuzung der selektierten Individuen und in der Produktion von Homozygoten (für die Sortenbildung). Hier unterscheiden sich die Kulturarten: CMS, Gametozide, Handkreuzung, Inducer, Mikrosporen, SSD; die Techniken für Kreuzung und zur Schaffung von Homozygotie sind artspezifisch. Für die Ackerbohne stehen keine Gametozide, kein stabiles CMS und keine DH-Technik zur Verfügung (Brünjes and Link, 2021). Homozygote Linien werden klassisch, über Selbstungsserien erzeugt, wobei das manuelle Trippen in Isolierhäusern diese Züchtungsphase ungewöhnlich aufwändig macht. Jedoch: als partiell allogame (gemischt fremd- und selbstbefruchtende) Art bietet die Ackerbohne sowohl die Durchkreuzung mit Rekombination als auch die Produktion von Homozygoten gratis und ‚von selbst‘ an! [Bislang werden diese Inzucht-Individuen nur deshalb nicht für die Sortenzüchtung genutzt, weil sie phänotypisch nicht als hochgradig Homozygote erkennbar sind.](#)

Die populationsgenetische Zusammensetzung partiell allogamer Populationen im Allgemeinen ist dargestellt in Cockerham and Weir (1984) und Kelly and Williamson (2000) und ist für die Ackerbohne Gegenstand der Forschung von Link et al. (1994a) und Brünjes und Link (2021). Eine solche Population besteht demzufolge aus Kohorten von Genotypen (Individuen), die pro Kohorte denselben Inzuchtstatus haben (also entweder $F=0$ oder $F=1/2$ oder $F=3/4$; etc). Bei der Ackerbohne kennen wir langjährige Mittelwerte für den Fremdbefruchtungsgrad (Link et al., 1994a; Brünjes and Link, 2021); diese Werte liegen den hier folgenden Angaben zugrunde. Es ergibt sich eine theoretische Häufigkeit von etwa 34% an Hybrid-Individuen in jeder neuen Generation. Es wird also in jeder Generation effizient rekombiniert und effizient LD abgebaut (Tabelle 1; Karlin, 1968; Weir et al., 1972; Brünjes and Link, 2021). Mit theoretisch etwa 11 % neuer Homozygoter (F_5 und höher homozygot) in jeder neuen Generation sollten in einer solchen (züchterischen Basis-) Population stets viele Inzucht-Individuen *a priori* zur Verfügung stehen.

Seit 2020 stehen Hochdurchsatz-Genotypisierungsmethoden (>10.000 SNP) für *Vicia faba* zur Verfügung (www.suscrop.eu/projects-first-call/profaba), und damit die Möglichkeit, pro Datenpunkt preiswerte SNP-Marker in hoher Zahl für unsere Inzuchtlinien erzeugen zu lassen (Winterbohnen; Tabelle 2). Diese und zukünftige genomische Daten erlauben die Bestimmung des Homozygotiegrades von Individuen in Populationen, und damit, indirekt, ihres Inzuchtstatus (und darüberhinaus die GV ihres genotypischen Wertes). Die partiell allogame Durchkreuzung wird durch die Bienen und Hummeln bewirkt. Die Inzucht-Individuen sind ja immer schon direkt vorhanden, sie müssen ‚nur‘ identifiziert werden. Die Erwartung ist, dass die Kosten für die dazu notwendige Genotypisierung weiter fallen.

Tabelle 1. Theoretische Zusammensetzung einer partiell allogamen Population im Identitätsgleichgewicht bei 80% Selbstungsgrad von Genotypen mit $F = 0$ und bei 50 % Selbstungsgrad von Homozygoten; und bei linearer Beziehung zwischen Selbstungsgrad und Inzuchtkoeffizienten (Link 1995; Brünjes and Link, 2021)

Parameter	Hybriden				Homozygote	
	F_1	F_2	F_3	F_4	F_5	$F_{>5}$
Inzuchtkoeffizient	0,000	0,500	0,750	0,875	0,938	>0,968
Häufigkeit in der Population	<u>0,339</u>	0,271	0,176	0,101	<u>0,055</u>	<u>0,057</u>

Weder ist das Vorhaben Gegenstand anderweitiger Forschung und Entwicklung beim Antragsteller oder sonstwo in der Community der globalen Züchtungsforschung bei Ackerbohne, noch stehen Schutzrechte oder Patent-Angelegenheit einer späteren Ergebnisverwertung entgegen. Das Sommerbohnen-Material bleibt Eigentum der Firma NPZ Lembke KG, das Winterbohnen-Material der Universität Göttingen steht allen Interessierten zur Verfügung. Die konzeptionellen und theoretischen Resultate werden im Verlauf des Projektes offen kommuniziert, bei Projektende publiziert und können jederzeit von jedermann genutzt werden.

Hier verwendete Litetatur

- Adhikari, K.N., H. Khazaei, L. Ghaouti, F. Maalour, A. Vandenberg, **W. Link**, D.M. O’Sullivan, 2021: Conventional and molecular breeding tools for accelerating genetic gain in faba bean (*Vicia faba* L.). *Frontiers in Plant Science* 12: 744259.
- Ali, M.B.M, G.C. Welna, A. Sallam, R. Martsch, C. Balko, B. Gebser, O. Sass, and **W. Link**, 2016: Association analyses to genetically improve drought and freezing tolerance of faba bean (*Vicia faba* L.). *Crop Science* 56: 1-13.
- Atienza, S. G., Palomino, C., Gutiérrez, N., Alfaro, C., Rubiales, D., Torres, A. M., and C.M Ávila, C. M., 2016: QTLs for ascochyta blight resistance in faba bean (*Vicia faba* L.): Validation in field and controlled conditions. *Crop and Pasture Science*, 67: 216-224.
- Beschreibende Sortenliste, Bundessortenamt Hannover, viele Jahrgänge. <https://www.bundessortenamt.de/bsa>.
- Björnsdotter, E., M. Nadzieja, W. Chang, L. Escobar-Herrera, D. Mancinotti, A. Deepti et al., 2020: VC1 catalyzes a key step in the biosynthesis of vicine from GTP in faba bean. In: *bioRxiv*, 2020.02.26.966523. DOI: 10.1101/2020.02.26.966523.
- Bradbury, PJ, Zhan, Z., Kroon DE, Casstevens, TM, Ramdoss, Y., and ES Buckler, 2007: TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatic Applications Note* 23: 2633-2635.
- Brünjes, L. and **W. Link**, 2021: Paternal outcrossing success differs among faba bean genotypes and impacts breeding of synthetic cultivars. *Theoretican and Applied Genetics* 134, 2411-2427.
- Bruns, C., B. Bohne, M. Finckh, A. Gronle, O. Hensel, H. Schmidt, D. Werren, 2014: Wie kann die Pflanzengesundheit von Erbsen und Ackerbohnen beeinflusst werden? Kapitel 3. In: *Körnerleguminosen und Bodenfruchtbarkeit, Strategien für einen erfolgreichen Anbau*. BLE. <https://orpringes.org>.
- Cockerham C.C. and B.W. Weir, 1984: Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. *Biometrics* 40: 157 – 164.

Dantuma, G., E. von Kittlitz, M. Frauen, and D.A. Bond, 1983: Yield, yield stability and measurements of morphological and phonological characters of faba bean (*Vicia faba* L.) varieties grown in a wide range of environments in Western Europe. *Z. Pflanzenzüchtg* 90: 85-105.

Díaz-Ruiz, R., Satovic, Z., Avila, C. M., Alfaro, C. M., Gutierrez, M. V., Torres, A. M., and B. Román, 2009: Confirmation of QTLs controlling *Ascochyta fabae* resistance in different generations of faba bean (*Vicia faba* L.). *Crop and Pasture Science*, 60: 353-361.

Ebmeyer, E., 1988: Heterosis and genetic variances and their implications for breeding improved varieties of spring beans (*Vicia faba* L.). *Plant Breeding* 101: 200-207.

Endelman, J., 2019: Package ‘rrBLUP’: Ridge Regression and other kernels for genomic selection. <https://cran.r-project.org/>.

Faridi, R., A. Schierholt, B. Koopmann, W. **Link**, 2021 (in Vorbereitung): Guided-association analyses to genetically study the resistance of faba beans (*Vicia faba*) to the fungus *Ascochyta fabae*. *Euphytica*.

Frisch, M., and A.E. Melchinger, 2007: Variance of the parental genome contribution to inbred lines derived from biparental crosses. *Genetics* 176: 477-488.

Gaynor, R.C., G. Gorjanc, A.R. Bentley, E.S. Ober, P. Howell, R. Jackson, I.J., Mackay, and J.M. Hickey, 2017: A two-part strategy for using genomic selection to develop inbred lines. *Crop Science* 57: 2372-2386.

Ghaouti, L., A. Schierholt, and W. **Link**, 2015: Effect of competition between *Vicia faba* and *Camelina sativa* as a model weed in breeding for organic conditions. *Weed Research* 56: 159-167.

Gyawali, A., V. Shrestha, K.E. Guill, S. Flint-Garcia, and T.M. **Beissinger**, 2019: Single Plants GWAS coupled with bulk segregant analysis allows rapid identification and plant-height candidate SNPs. *BMC Plant Biology* 19: 412.

Jighly, A., T. Lin, L.W. Pembleton, N.O I. Cogan, G.C. Spangenberg, B.J. Hayes, and H.D. Daetwyler, 2019: Boosting genetic gain in allogamous crops via speed breeding and genomic selection. *Frontiers in Plant Science* 10: 1364.

Karlin, S., 1968: Equilibrium behavior of population genetic models with non-random mating. Gordon and Breach Publishers. London.

Kirsch, F., A.L. Haß, W. **Link**, C. Westphal, 2022: Intercrops as foraging habitats for bees: Bee do not prefer sole legume crops over legume-cereal mixtures. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, under review.

Khazaei, H., R. Purves, J. Hughes, W. **Link**, D. O’Sullivan, A. Schulman, E. Björnsdotter, F. Geu-Flores, M. Nadzieja, S. Andersen, J. Stougaard, A. Vandenberg, and F. Stoddard, 2019: Eliminating vicine and convicine, the main anti-nutritional factors restricting faba bean usage. *Trends in Food Science & Technology* 91: 549-556.

Kelly, J.K., and S. Williamson, 2000: Predicting response to selection on a quantitative trait: A comparison between models for mixed-mating populations. *Journal of Theoretical Biology* 207: 37-56.

Kiel Skovbjerg, C., Deepti Angra, T. Robertson-Shersby-Harvie, J. Kreplak, W. Ecke, A. Windhorst, L. Kærgaard Nielsen, A. Schiemann, J. Knudsen, N. Gutierrez, V. Tagkouli, L.I. Fehete, A. Warsame, S. Alves, H. Khazaei, W. **Link**, A.M. Torres, D.M. O’Sullivan, and S.U. Andersen, 2022: Genetic analysis of global faba bean germplasm maps agronomic traits and identifies strong selection signatures for geographical origin. In preparation.

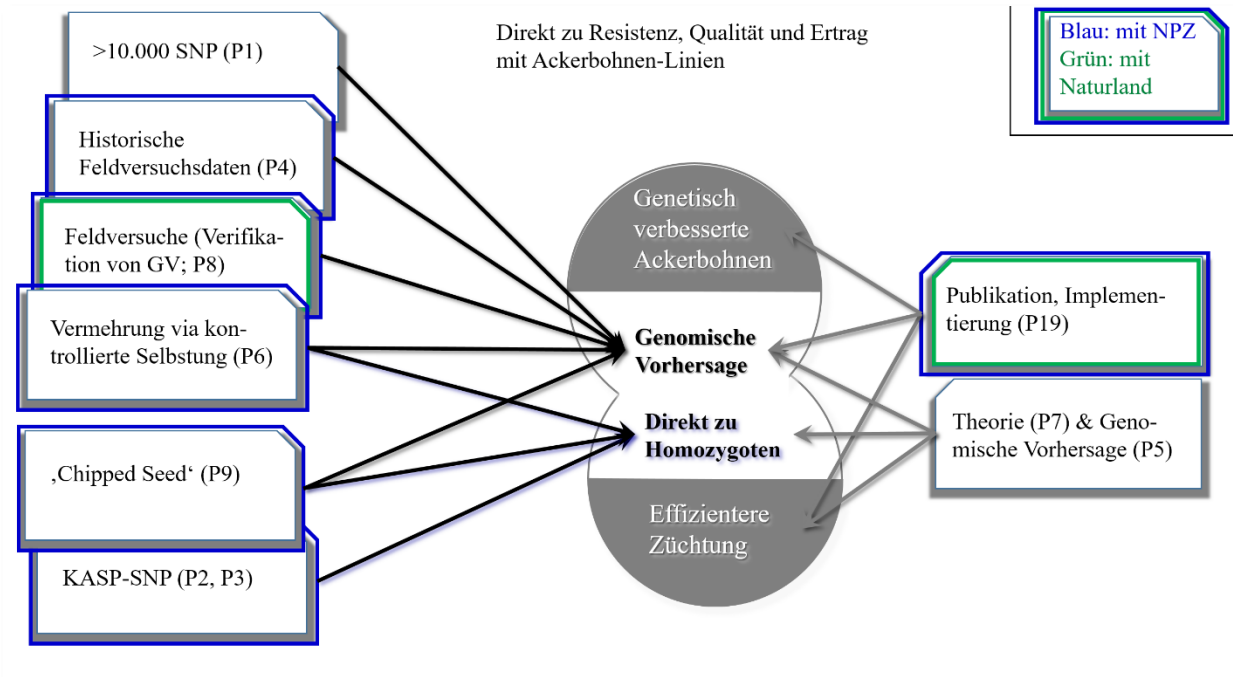
Köpke, U. and T. Nemecek, 2010: Ecological services of faba bean. *Field Crops Research* 115, 217-233.

Link, W., 1987: Züchterische Untersuchungen über das Fortpflanzungssystem der Fababohne (*Vicia faba* L.). *Vorträge für Pflanzenzüchtung*. 12, 273-291.

Link, W., W. Ederer and E. von Kittlitz, 1994a: Zuchtmethodische Entwicklungen: Nutzung von Heterosis bei Fababohnen. *Vorträge für Pflanzenzüchtg*. 30: 201 - 230.

Link, W., D. Stelling and E. Ebmeyer, 1994b: Yield stability in faba beans, *Vicia faba* L. 1. Variation among inbred lines. *Plant Breeding* 112: 24 - 29.

- Link, W.**, 1995: Exploitation of hybrid vigour in faba bean (*Vicia faba* L.). Proc. 2nd European Conference on Grain Legumes, Copenhagen, Denmark, 218 - 219.
- Link, W.** und M. Arbaoui, 2006: Neues von der Göttinger Winterackerbohne. Ber. 56. Arbeitstagung 2005 AG Saatzuchtleiter BAL Gumpenstein, 31-38.
- Marzinzig, B., L. Brünjes, S. Biagioni, H. Behling, **W. Link**, C. Westphal., 2018: Bee pollinators of faba bean (*Vicia faba* L.) differ in their foraging behaviour and pollination efficiency. Agriculture, Ecosystems and Environment 264, 24-33.
- Mobini, S., H. Khazaei, T.D. Warkentin, A. Vandenberg, 2020: Shortening the generation cycle in faba bean (*Vicia faba*) by application of cytokinin and cold stress to assist speed breeding. Plant Breeding 00, 1-9 (online-library).
- Nelson, W.C.D., D.J. Siebrecht-Schöll, M.P. Hoffmann, R.P. Rötter, A.M. Whitbread, and **W. Link**, 2021 (under review): What determines a productive winter bean-wheat genotype combination for intercropping in central Germany? European Journal of Agronomy.
- Pavlik, M., M. Váňová, V. Laudová, and J. Harmatha, 2002: Fungizotoxicity of natural heterocycle glucoside vicine obtained from *Vicia faba* L. against selected microscopic filamentous fungi. Rostolinná Výroba 48: 543-547.
- Puspitasari W., Allemann B., Angra D., Appleyard H., Ecke W., Möllers C., Nolte T., Purves R.W., Renner C., Robertson-Shersby-Harvie T., Tacke R., Windhorst A., Yaman S., and **Link W.**, 2022: NIRS for vicine and convicine content of faba bean seed allowed GWAS to prepare for marker-assisted adjustment of seed quality of German winter faba beans. Journal of Cultivated Plants 74, 1-20.
- Sass, O.**, 2009: Marktsituation und züchterische Aktivitäten bei Ackerbohnen und Körnererbsen in der EU. Journal of Cultivated Plants 61: 306 - 308.
- Stelling, D., E. Ebmeyer, and **W. Link**, 1994: Yield stability in faba beans, *Vicia faba* L. 2. Effects of heterozygosity and heterogeneity. Journal of Plant Breeding 112: 30 - 39.
- Stoddard, F.L., C. Balko, W. Erskine, H. R. Khan, **W. Link**, and A. Sarker, 2006: Screening techniques and sources of resistance to abiotic stresses in cool-season food legumes. Euphytica 147: 67–186.
- Zeid, M., C.-C. Schön, and **W. Link**, 2004: Hybrid performance and AFLP-based genetic similarity in faba bean. Euphytica 139: 207 - 216.
- Tacke R., Ecke, W., M. Höfer, O. Sass and **W. Link**, 2022: Fine-mapping of the major locus for vicine and convicine in faba bean (*Vicia faba* L.) and marker-assisted breeding of a novel, low vicine and convicine winter faba bean population. Plant Breeding, accepted for publication.
- Weir, B.S., R. W. Allard, and A. L. Kahler, 1972: Analysis of complex allozyme polymorphisms in a barley population. Genetics 72: 505-523.
- Yunbi Xu Y., X. Liu, J. Fu, H. Wang, J. Wang, Ch. Huang, B.M. Prasanna, M.S. Olsen, G. Wang, and A. Zhang, 2020: Enhancing Genetic Gain through Genomic Selection: From Livestock to Plants. Plant Communications 1, doi.org/10.1016/j.xplc.2019.100005.



Darstellung der zehn Projektaufgaben und der direkten und abgeleiteten Ziele mit Fokus auf Zuordnung zum Kooperationspartner und auf inhaltliche Logik der Verbindung.