

“How can genomic selection be used in ryegrass breeding?”

FAUPE, Højbakkegaard 20-11-14

Christian Sig Jensen

The Perfect Forage Grass



Perennial ryegrass

- High yielding
- Disease resistant
- Highly persistent
- Highly digestible
- High sugar content
- High protein level
- Winter hardiness
- Stress tolerant
- High seed yielder

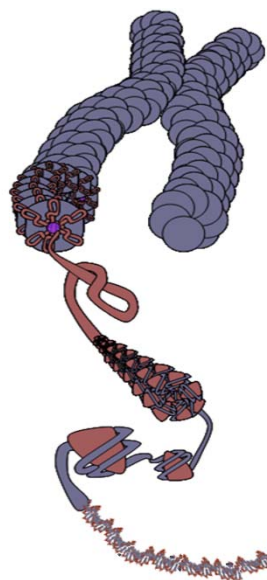


Why Genomic Selection?



Associate phenotypes to the genotypes

DNA-profile



...ATTCGCCGTATGAT
GATGCAGTAGATTCG
CCGTATGATGATGCA
GTAGTTGATGATGCA
GTAGATTCGCCGTAT
GATGATGCAGTAGAT
TCGCCGTATGATGAT
GCAGTAGTTGATGAT
GCAGTAGATTCGCCG
TATGATGATGCAGTA
GATTCGCCGTATGAT
GATGCAGTAGTTGAT
GATGCAGTAGATTCG
CCGTATGATGATGCA
GTAGATTCGCCGTAT
GATGATGCAGTAGTT
GATGATGCAGTAG

XXX markers
in 1000 F2 families



Calculate
GEBV

Traits



Yield



Seed yield



Rust res.



Stress tol.



NUE



Digest.
Sugar
Protein (NIR)

Breeding and selection



10,000 parents

0



500 F2 in yield trials

5



100 SYNS in yield trials

8



500 crosses

1



50 best F2 in nursery

6



8 SYNS in Official test

11



3



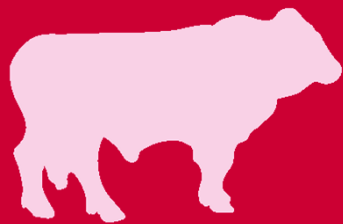
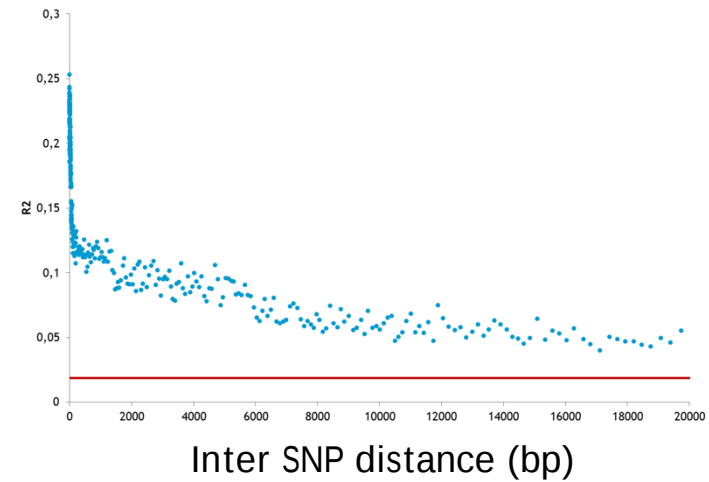
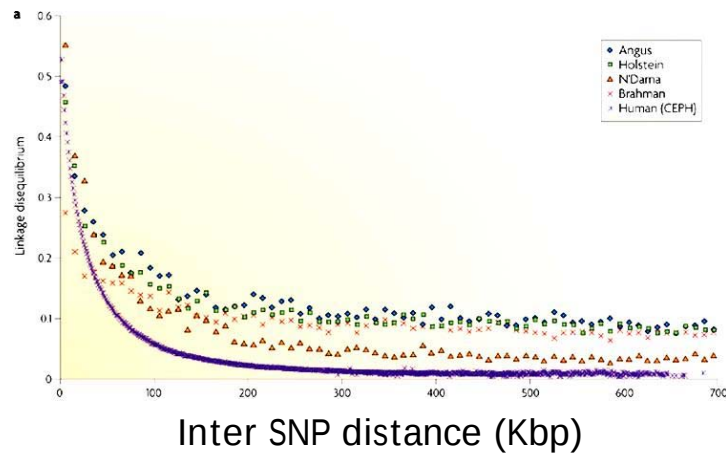
100 Synthetics

6



2-3
listings

Scientific Challenges



x 3,000 – 10,000



50K – 750K

1 0 1 0 1



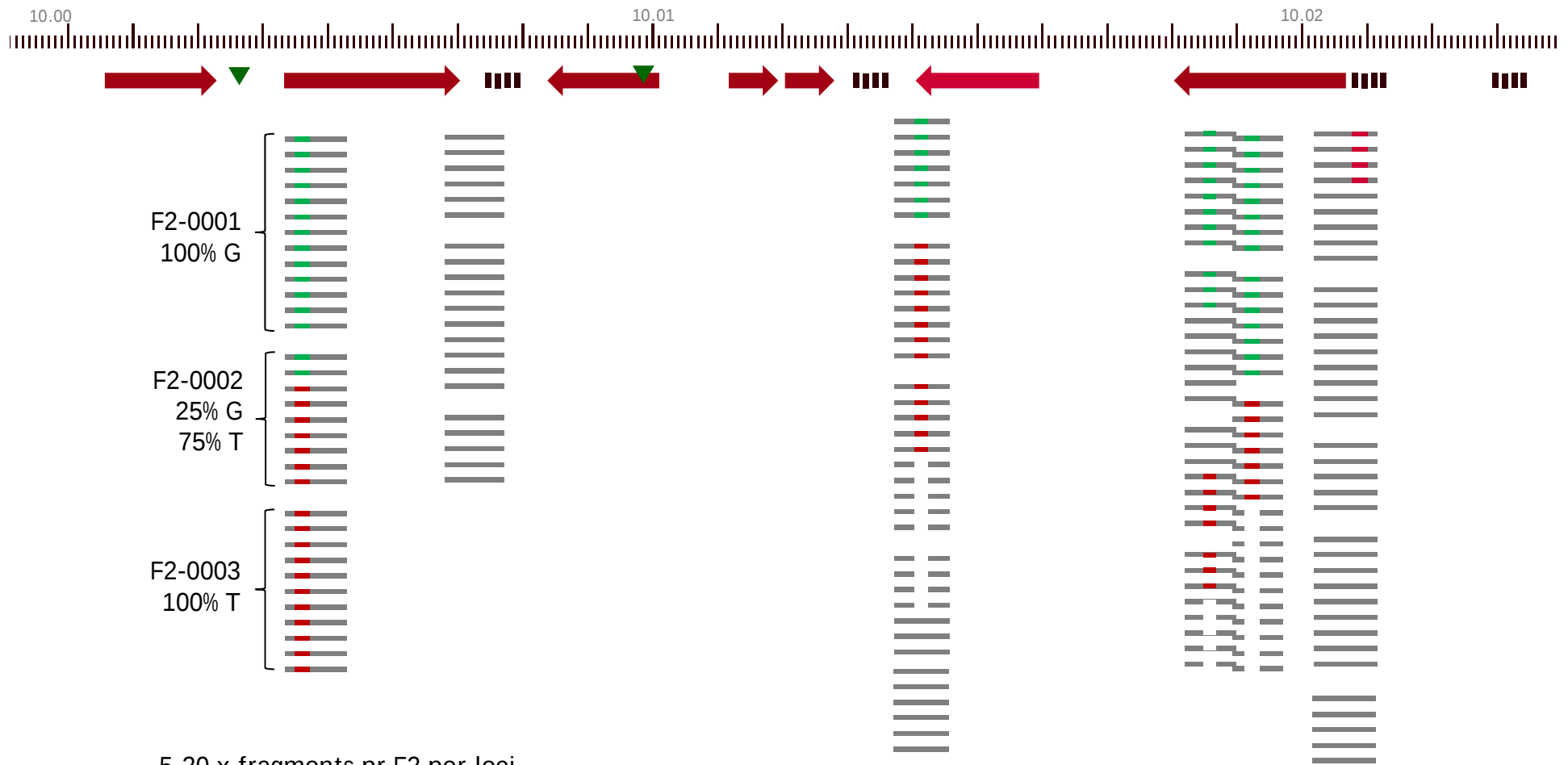
x 1,000



1.5K – 10K

0.75 0 0.5 0.25 1

Genotyping-by-Sequencing



5-20 x fragments pr F2 per loci

1,820,000 SNP markers

Statistical model

$$Y = trial + IDg + IDi + e$$

Fixed effect

G-matrix
(genomics effect)

I-matrix
(family effect)

	A	B	C	D	...
A	1.2	0.4	0.8	0.5	...
B	0.4	1.3	0.6	0.4	...
C	0.8	0.6	1.8	0.3	...
D	...	...	...	...	...
...	...	...	...	...	...

Biomass yield, cut 3, N = 2772 plots, 2 reps



1264	1175	1605	1591	1374	1527	1698	1769	1579	1633	1355
1341	1489	1423	2198	1505	1355	1475	1589	1095	1048	1348
1310	1321	1427	1518	1556	1015	1113	1254	1287	1592	1840
1875	1193	1249	1190	1408	1544	1877	1822	1765	1911	2164
1340	1235	1445	1386	1786	1428	1160	1136	1200	1190	1246
1125	1359	1199	951	1098	1293	1330	1073	1255	1806	1970
2294	2503	2262	1779	2054	1411	1679	1526	1220	1479	1483

10,0	10,4	5,4	12,1	10,7	8,1	3,6	6,8	5,2	6,7	8,6
11,9	4,9	5,7	10,2	4,8	10,3	8,8	6,9	12,8	4,2	6,8
5,1	7,5	13,1	6,9	7,2	8,2	8,9	5,0	5,6	5,0	9,4
7,1	8,1	8,4	8,2	5,0	7,4	6,0	5,3	7,6	11,1	8,2
7,7	8,6	10,3	10,3	6,0	8,9	10,0	8,6	12,5	8,7	9,4
13,8	7,5	7,5	13,8	10,1	29,6	9,8	11,3	11,6	6,4	6,2

Spring growth, score 1-9, N = 2772 plots, 2 reps



7,1	7,1	7,1	7,3	6,9	7,3	6,8	6,8	7,3	7,4	6,8
6,3	6,7	6,4	7,1	7,5	7,9	7,7	7,6	7,3	7,6	7,6
7,9	7,6	7,7	7,6	7,8	7,2	7,4	7,6	7,7	7,5	7,6
7,8	7,0	6,8	7,1	7,1	7,0	7,0	7,2	7,2	7,0	7,2
7,0	7,1	7,3	7,3	7,4	7,6	7,9	7,9	8,1	7,7	7,4
8,0	7,8	8,2	7,9	7,8	7,8	8,5	8,4	8,1	7,4	7,4
7,3	7,1	7,6	7,4	7,3	6,1	6,8	6,9	7,3	6,3	6,3

5,7	4,8	5,9	5,8	4,0	5,0	6,1	6,2	6,0	4,5	5,5
5,9	5,3	4,7	5,8	4,8	3,9	4,7	2,9	4,7	4,1	4,8
3,2	5,2	4,6	3,5	4,3	4,4	5,4	4,4	6,1	4,0	4,8
5,5	5,7	4,6	4,2	5,7	5,3	3,6	5,8	2,3	6,1	5,9
5,3	4,9	4,6	5,4	4,2	3,6	4,5	3,9	4,1	5,2	4,5
3,9	5,0	4,6	4,0	4,3	4,0	3,5	5,8	6,0	4,8	4,6

Heading date, N = 2772 plots, 2 reps



141	139	143	143	145	144	146	146	144	145	145
146	148	147	143	142	135	135	135	136	136	137
135	137	136	139	136	139	138	139	138	138	140
139	147	146	145	146	147	147	146	146	148	146
146	147	146	147	146	146	140	139	139	139	143
137	143	141	142	141	143	135	138	139	139	142
144	147	147	143	145	144	137	136	135	143	143

0,9	1,0	0,8	0,6	0,7	0,7	1,0	1,0	0,7	0,8	1,0
0,8	0,8	0,6	0,6	0,6	0,9	1,0	0,7	1,0	0,7	0,7
0,7	1,0	0,8	1,0	0,9	1,0	0,9	0,8	0,8	0,6	0,9
0,8	0,8	1,0	0,9	0,8	1,0	0,9	0,5	0,7	0,6	0,8
0,9	1,0	0,8	0,8	1,0	0,8	0,9	0,7	0,8	0,6	0,9
0,8	0,9	0,7	0,9	0,6	0,9	0,8	0,9	0,7	0,6	0,5

Heritabilities

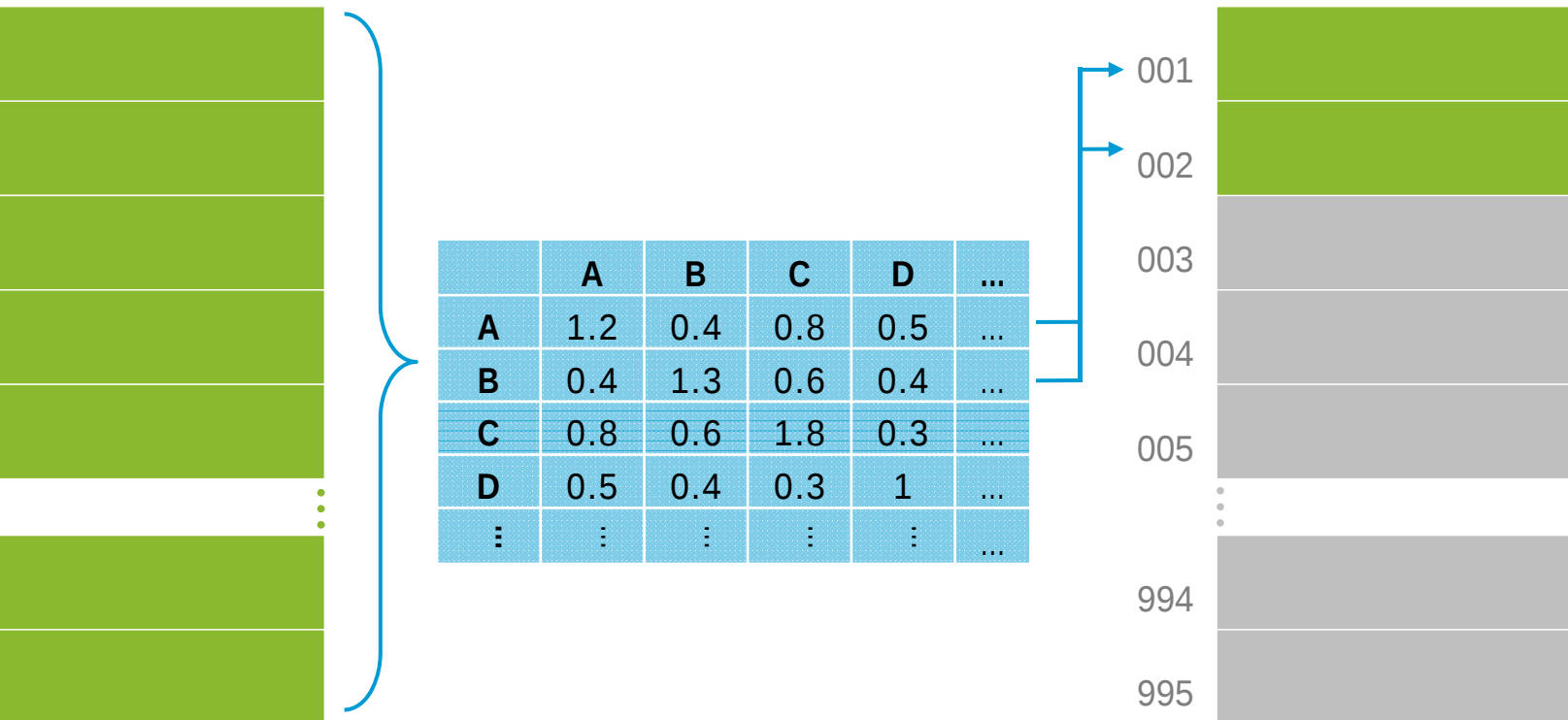


	h^2 across location	h^2 within location
matter – Year 1- Total	0.48	0.72
matter – Year 2 - Total	0.54	0.83
math heading	0.68	0.94
er hardness	0.33	0.81
ity	0.33	0.76
resistance 0	0.55	0.66
resistance	0.66	0.80
g growth	-----	0.96
ing date	-----	1.22

995 F2 families from
2000, 2002, 2004, 2006, 2009



Cross-validation



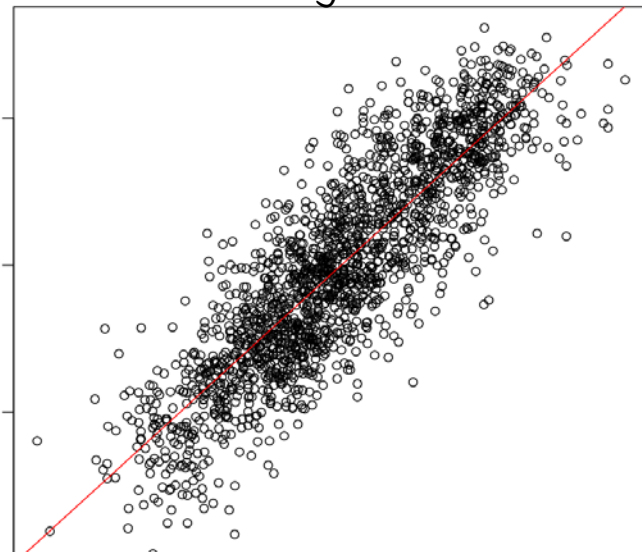
Prediction Accuracy



Predictive ability

$$r(\hat{g}, \bar{y}_i)$$

Heading date



Prediction accuracy

$$r(\hat{g}, g) = \frac{r(\hat{g}, \bar{y}_i)}{r(g, \bar{y}_i)}$$

Trait	Accuracy
rust resistance	0.69
heading date	1.00
salt tolerance	0.45
TKW	(0.37)*

Conclusions and Perspectives



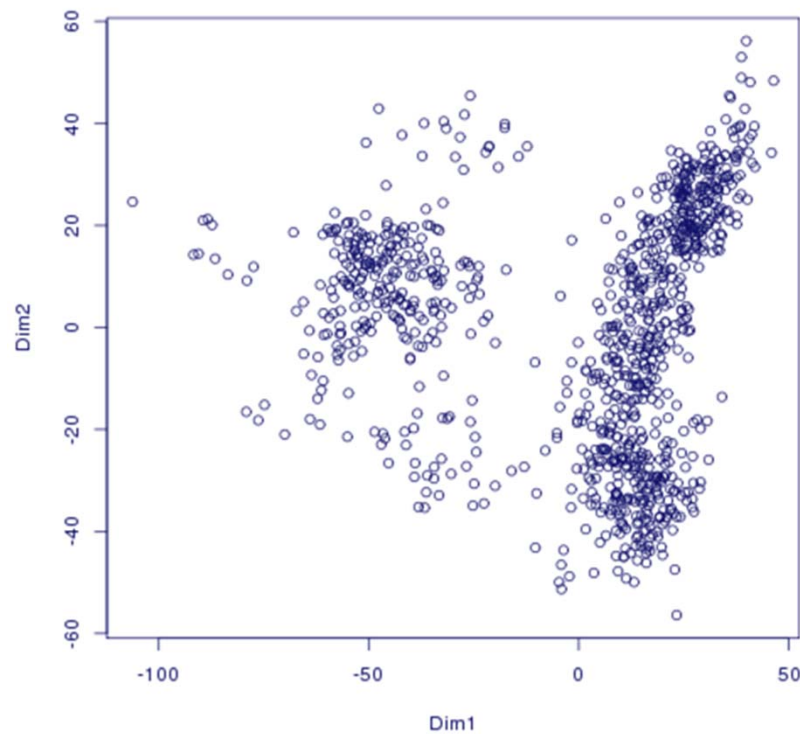
First GWS models including components Trial, ID_g , and ID_i
explains most of the training set phenotypes

Prediction accuracy sufficiently high for most traits

Validation of prediction models in 2015-

Start search for genes with major QTL effects

Perhaps include more exotic material in the future



Thanks to:



Genotyping team



Torben Asp
AU-MQB



Stephen Byrne
AU-MQB



Adrian Czaban
AU-MQB



Chr. Bendixen
AU-MQS



Ingo Lenk
DLF

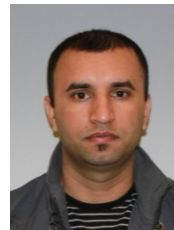
Statistical modelling team



Just Jensen
AU-QGG



Luc Janss
AU-QGG



Bilal Ashraf
AU-QGG



Dario Fé
AU-QGG



Fabio Ciricola
AU-QGG



Vahid Edriss
AU-QGG

Breeding and phenotyping team



I love breeding

(let the computer do the hard work for you)



THANK YOU!

