

# Status meeting



# Formålet med arbejdsplanpakke 2

- At udvikle og implementere en anvendelsesorienteret selektionsstrategi som gør det muligt at identificere det bedste forædlingsmateriale for byg, hvede, græsser og kartofler til bæredygtig intensivning af dansk landbrug.
- At udvikle og implementere en anvendelsesorienteret forædlingsstrategi der hurtigere og mere præcist kan selektere for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet i græsser, byg, hvede og kartofler.
- At udvikle og implementere en anvendelsesorienteret analysestrategi som gør det muligt at forædle for forbedret abiotisk- og biotisk stresstolerance og udbyttestabilitet i forskellige miljøer.



# Arbejdspakker

- Arbejdspakke 2.1. Udvikling af analyseprocedurer til selektion for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet
- Arbejdspakke 2.2. Prædiktion og selektion for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet i græsser, cerealier og kartofler
- Arbejdspakke 2.3. Formidling og vidensoverførsel



## Arbejdspakke 2.1. Udvikling af analyseprocedurer til selektion for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet

- Pilotforsøg svarende til 15% af aktiviteterne i Arbejdspakke 2, hvor vi vil teste hvilke typer af OMICS-data der bedst kan anvendes til at forklare og prædiktere den fænotypiske variation.
  - DNA-niveau (DNA markører)
  - Epigenetisk niveau (epigenetiske markører)
  - RNA niveau (genekspression)
- Udvikle statistiske prædiktionsmodeller for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet
- Arbejdspakke 2.1 vil blive gennemført i 2017 og i de første seks måneder i 2018.



## Arbejdspakke 2.2. Prædiktion og selektion for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet i græsser, cerealier og kartofler

- Genomisk prædiktion og efterfølgende selektion for vand- og kvælstofudnyttelseeffektivitet og roddybde i græsser, cerealier og kartofler
- Arbejdspakke 2.2 vil blive gennemført i de sidste seks måneder i 2018 samt i 2019



## Arbejdspakke 2.3. Formidling og vidensoverførsel

- Vi vil afholde to workshops i henholdsvis 2018 og 2019 hvor fokus vil være på vidensdeling og teknologioverførsel, statistiske analyser af fænotypiske data, samt integration af fænotypiske- og OMICS-data og genomisk prædiktion.
- Arbejdspakke 2.3 vil blive gennemført i 2018 og i 2019.



# Developing genomic prediction models for drought response



# Phenotyping for drought response (FAUPE)

- 556 perennial ryegrass genotypes from breeding material, new and old varieties, and ecotypes
- Three clonal replicates established in the spring in two greenhouses (1668 plants)
- 556.000 markers





# Phenotyping for drought response

- Phenotyped for wilting and regrowth after drought stress
- Scale from 0 to 5
- Six time points for wilting
- Three time points for regrowth after drought









# Drought response - GWAS

## Wilting tolerance

SNPs significantly associated with the trait		
	Genomic scaffold	SNP position
1	scaffold_18122_ref0009539	561
2	scaffold_7887_ref0032346	25,845
3	scaffold_3321_ref0032633	41,081
4	scaffold_16760_ref0017352	3,259
5	scaffold_1993_ref0021191	107,527
6	scaffold_3220_ref0047937	9,079
7	scaffold_7361_ref0020044	18,951
8	scaffold_17756_ref0031831	1,537
9	scaffold_3308_ref0020198	31,769
10	scaffold_1171_ref0022503	106,314

## Regrowth after drought stress

SNPs significantly associated with the trait		
	Genomic scaffold	SNP position
1	scaffold_7843_ref0005643	18,539
2	scaffold_39959_ref0009226	544
3	scaffold_39959_ref0009226	550
4	scaffold_1090_ref0030910	118,955
5	scaffold_10365_ref0010652	28,594
6	scaffold_10365_ref0010652	28,497
7	scaffold_39959_ref0009226	551
8	scaffold_7580_ref0000036	24,526
9	scaffold_16826_ref0041763	8,950
10	scaffold_6326_ref0048352	55,824
11	scaffold_9623_ref0006795	1,936
12	scaffold_2116_ref0018541	52,787
13	scaffold_162_ref0012852	89,529



# Genomic prediction for drought

## Greenhouse 1

Table 1	Table 5
Table 2	Table 6
Table 3	Table 7
Table 4	Table 8

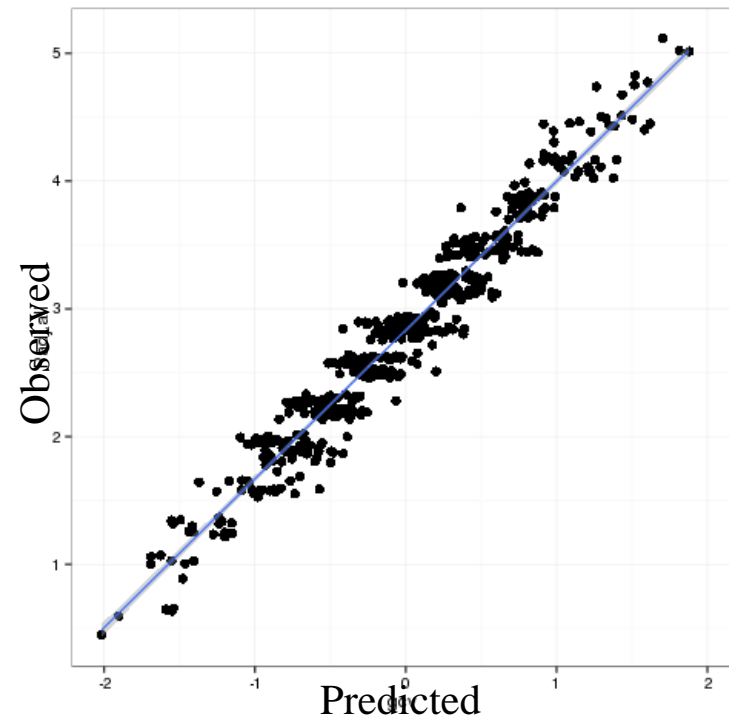
## Greenhouse 2

Table 9	Table 13
Table 10	Table 14
Table 11	Table 15
Table 12	Table 16



# Genomic prediction for drought

- Predictive ability of a pot: 0.734
- Predictive ability of an ID: 0.950
- Heritability: 0.621
- Note: ongoing work

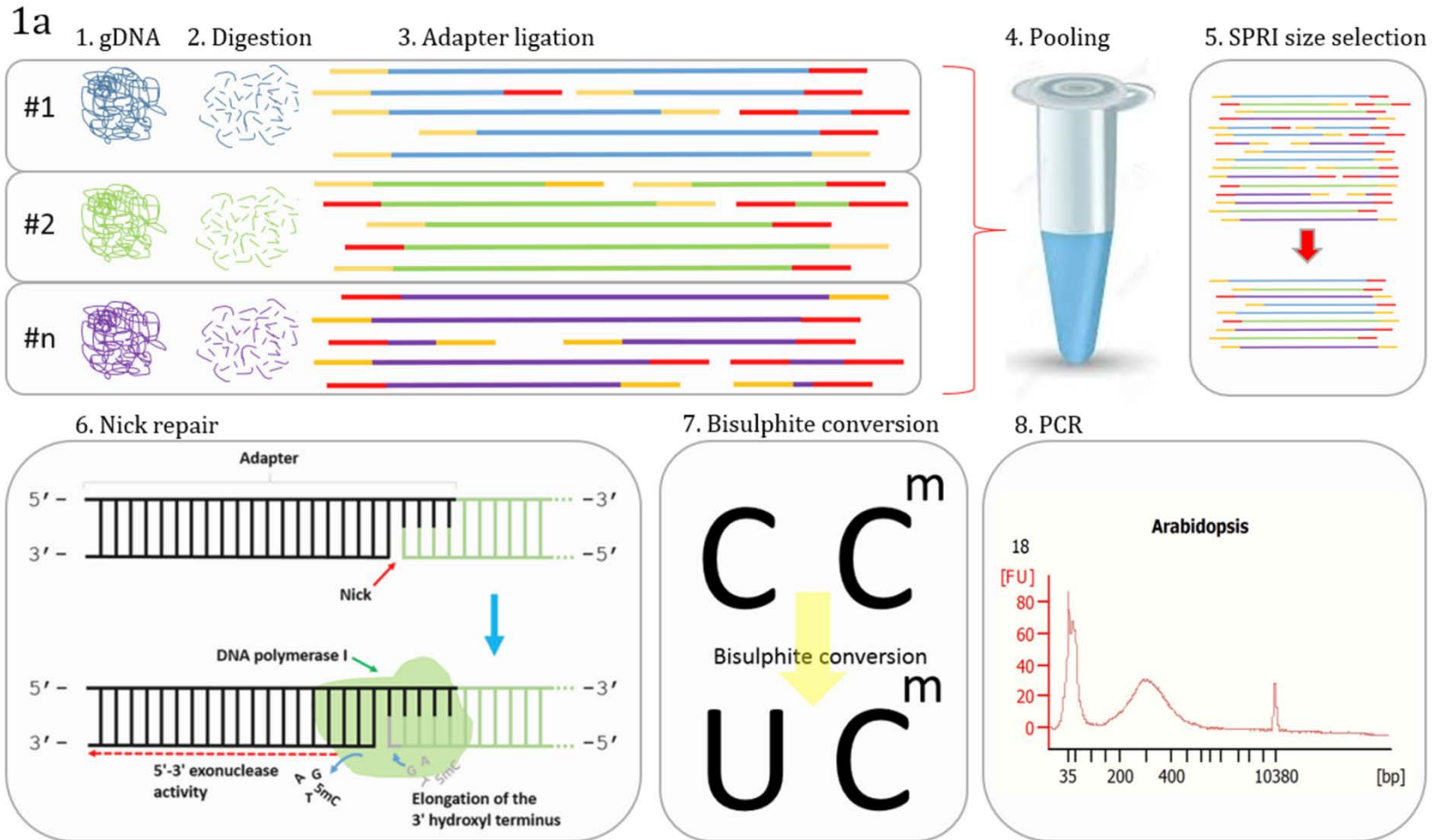


# epiGBS: reference-free reduced representation bisulfite sequencing

- Cost-effective exploration and comparative analysis of DNA methylation and genetic variation in hundreds of samples
- Uses genotyping-by-sequencing of bisulfite-converted DNA followed by reliable de novo reference construction, mapping, variant calling, and distinction of single-nucleotide polymorphisms (SNPs) versus methylation variation



Van Grup, 2016



Van Grup, 2016

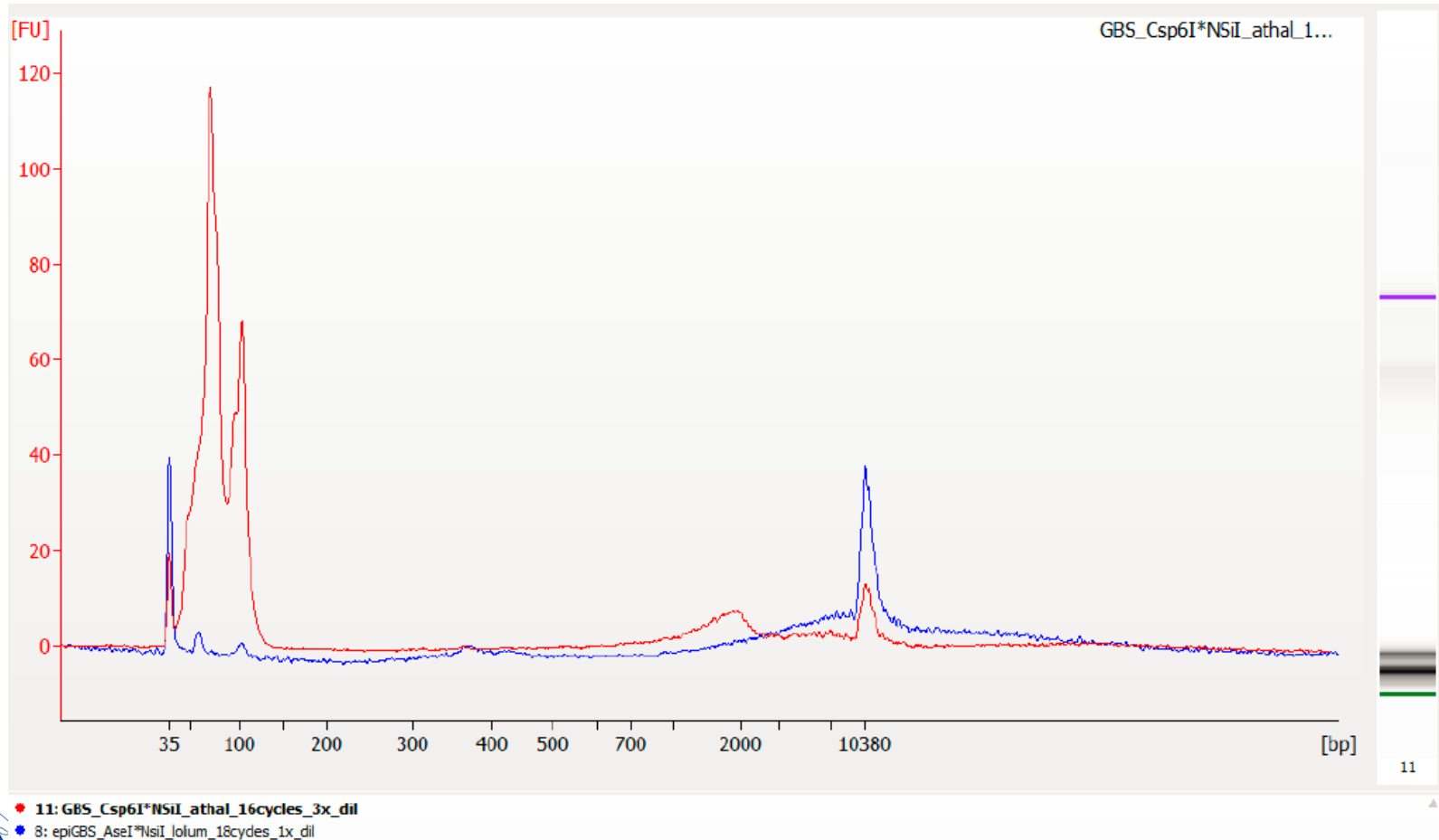
# epiGBS in barley, potato, and Lolium

- Choice of restriction enzyme(s) is important
  - Pilot study needed to determine the optimal enzyme for each species
  - Modified primers are expensive
  - Pilot project in collaboration with the authors of the epiGBS paper to save costs
  - Optimal restriction enzyme already known for barley; no pilot study needed
  - Pilot study needed for Lolium. Using samples from Mariola's RNA-seq drought experiment. Six samples (ongoing)
  - Pilot study for potato will be performed during the 2017 growth season





# epiGBS library profile



# epiGBS in barley, Lolium and potato

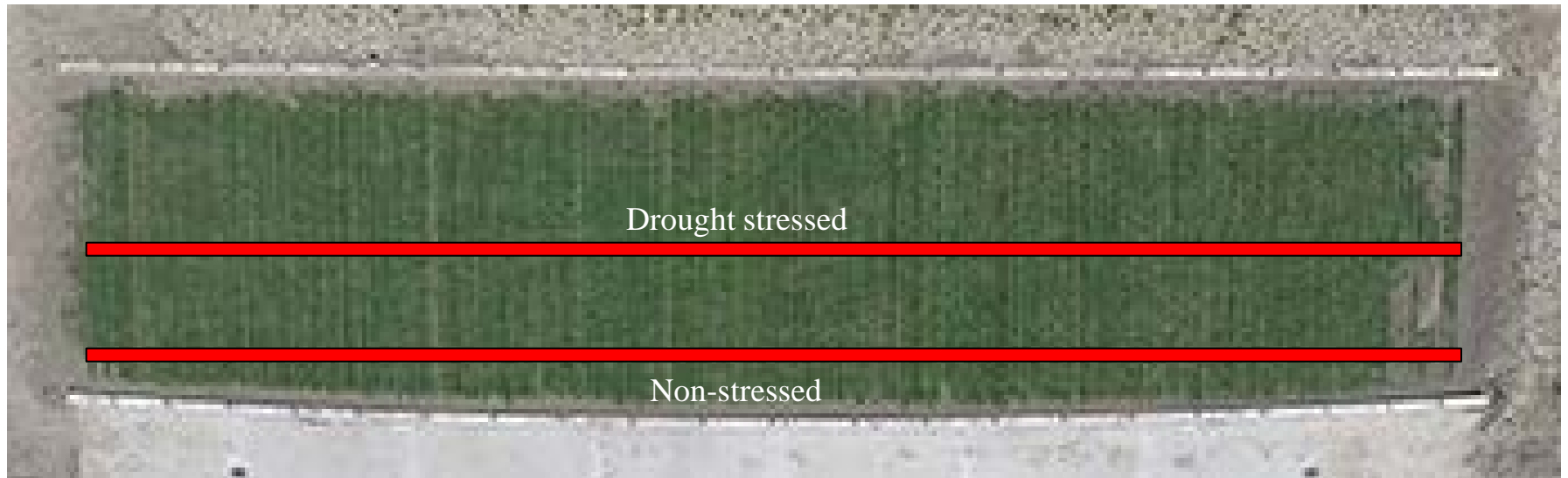
- Status:
  - Lolium - first epiGBS library constructed and scheduled for sequencing
  - Barley – ready for next step
  - Potato – pilot experiment established this week



Van Grup, 2016

# epiGBS and Radimax

Suggestion for sampling strategy in 2017



# Implementation in breeding

- Markers to select for GxE and stress tolerance
- Improved prediction accuracy
- Easy implementation in existing breeding plans, e.g. simultaneous selection for stress adaptation (epigenetic markers), e.g. drought stress and SNP genotyping



Van Grup, 2016