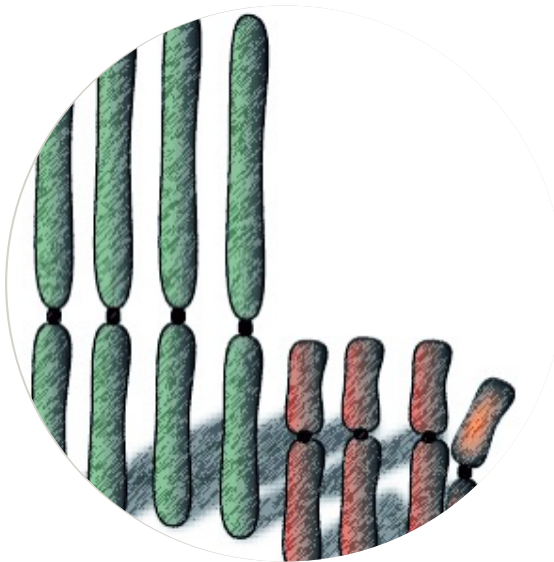


Tools voor genetische analyse in polyploïde gewassen: een brug tussen aardappels, bloemen en groenten

11 november 2022, KoM Netwerkdag, Wageningen

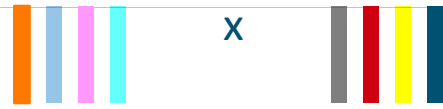
René Smulders, Plant Breeding



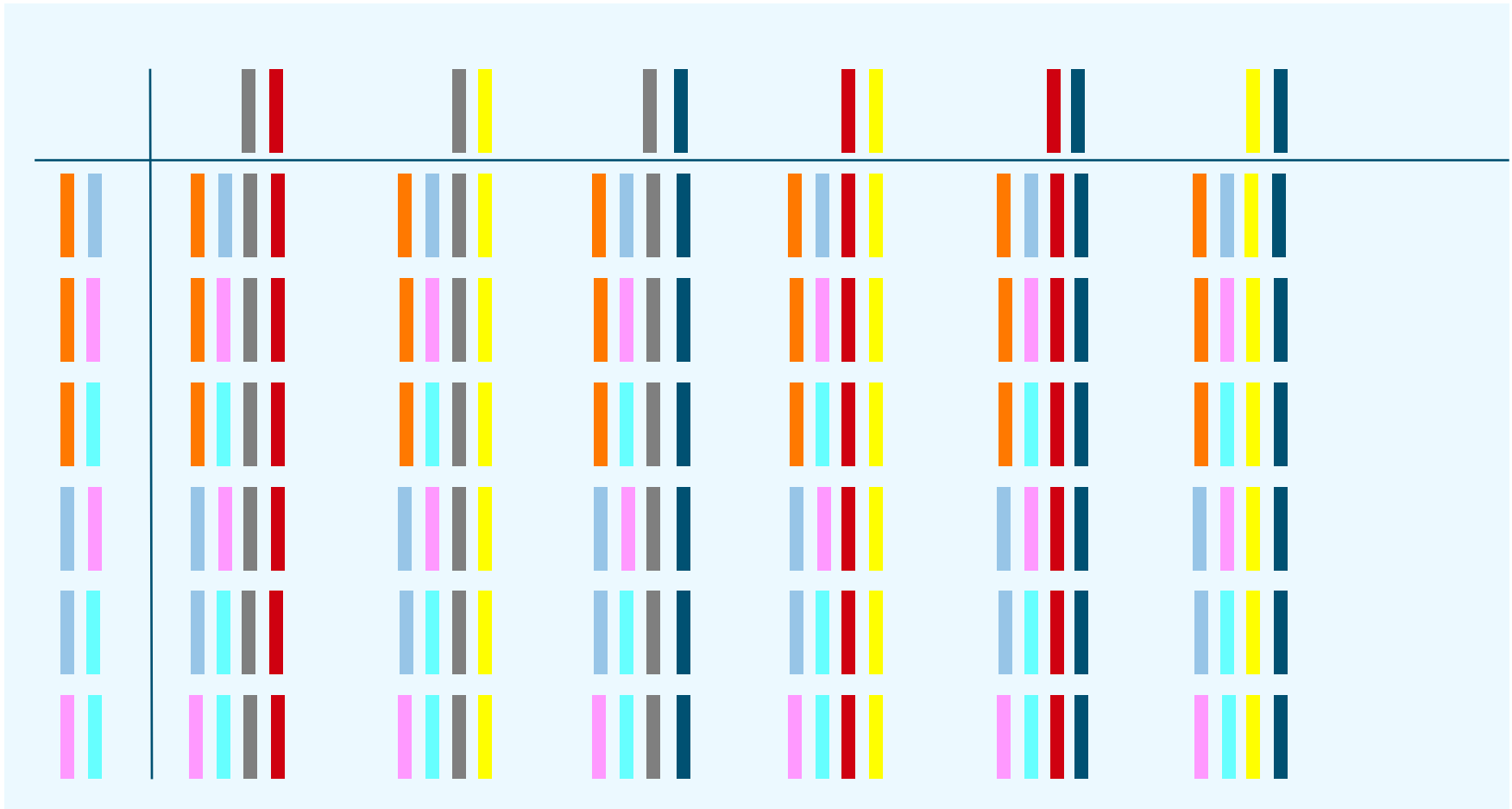
Achtergrond project

- Diploïden: genetische kartering met DNA-merkers inmiddels standaard
- (Auto-)polyploïde kruisings-populaties
 - Veel complexere genetica
 - Groot aantal merkers nodig
 - Methoden en software nodig
- Niet gewasafhankelijk: generiek voor veel polyploïde gewassen

Meer allelen in een kruising



36 combinations per single locus !
(without double reduction)

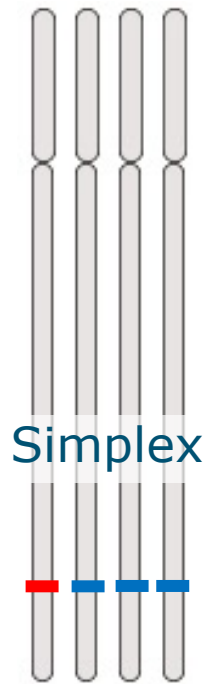


Allelen in verschillende aantallen

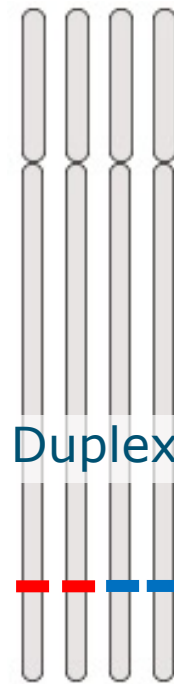
- Polyploid genotyping requires knowing marker ***dosage***
 - *How many copies of a certain allele are there ?*



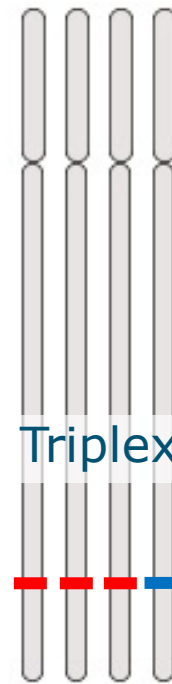
0 red
CCCC



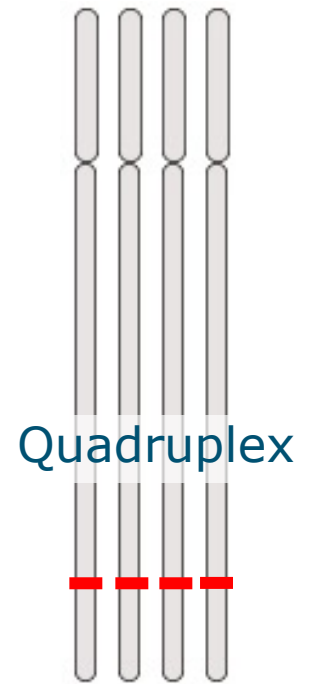
1 red
ACCC



2 red
AACC



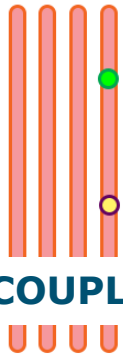
3 red
AAAC



4 red
AAAA

Fasering

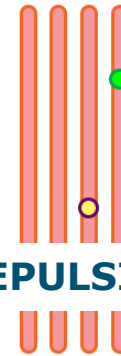
■ Simplex x Duplex & Simplex x Simplex



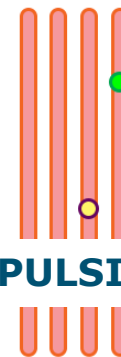
COUPLING / COUPLING



COUPLING / REPULSION



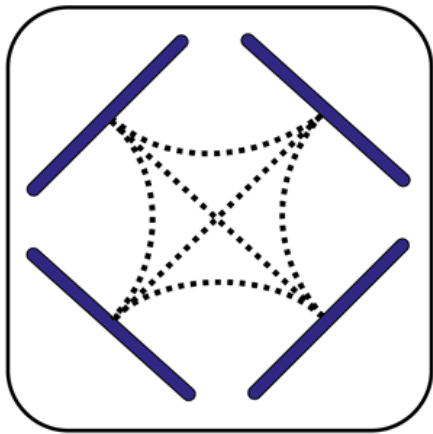
REPULSION / COUPLING



REPULSION / REPULSION

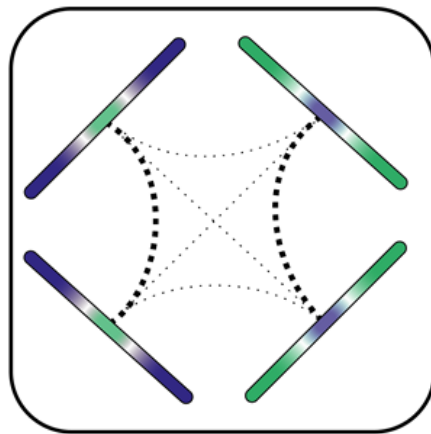


Chromosoomparing in de meiose



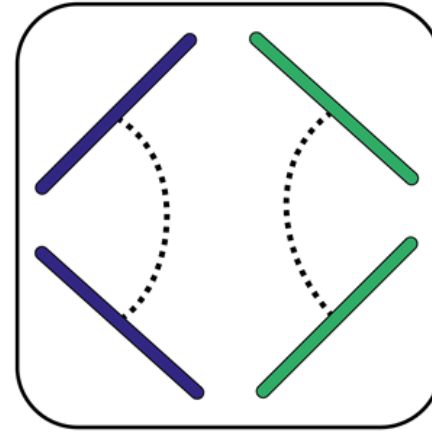
Autopolyploid

Random bivalents or multivalents – pairing non-preferential



“Segmental allopolyploid”

Intermediate – Pairing partially preferential



Allopolyploid

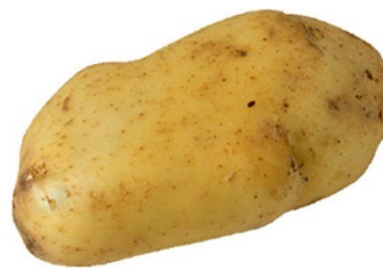
Pairing preferential

Doelen van het project

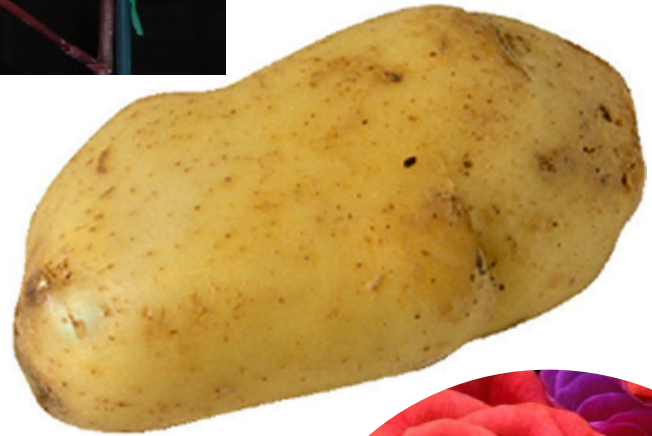
- Methoden voor genetische analyse in polyploïden
- Software voor toepassing
- Betere kennis over de genetica van polyploïden
- Kennisuitwisseling en overdracht – over gebruik van methoden en software
 - Bijna elk jaar een workshop voor bedrijfspartners met de meest recente versie van de software
- De software komt beschikbaar als open source (in R)
 - *Volgend jaar een workshop vanuit ons KoM project*

Partners TKI polyploïden-project

- 2 Aardappel-veredelingsbedrijven
- 2 Groenten-veredelingsbedrijven
- 5 Siergewassen-veredelingsbedrijven
- 1 Amerikaanse bedrijfspartner, akkerbouwgewas
- Plant Breeding, Biometris
- TKI Tuinbouw en Uitgangsmaterialen



Crops



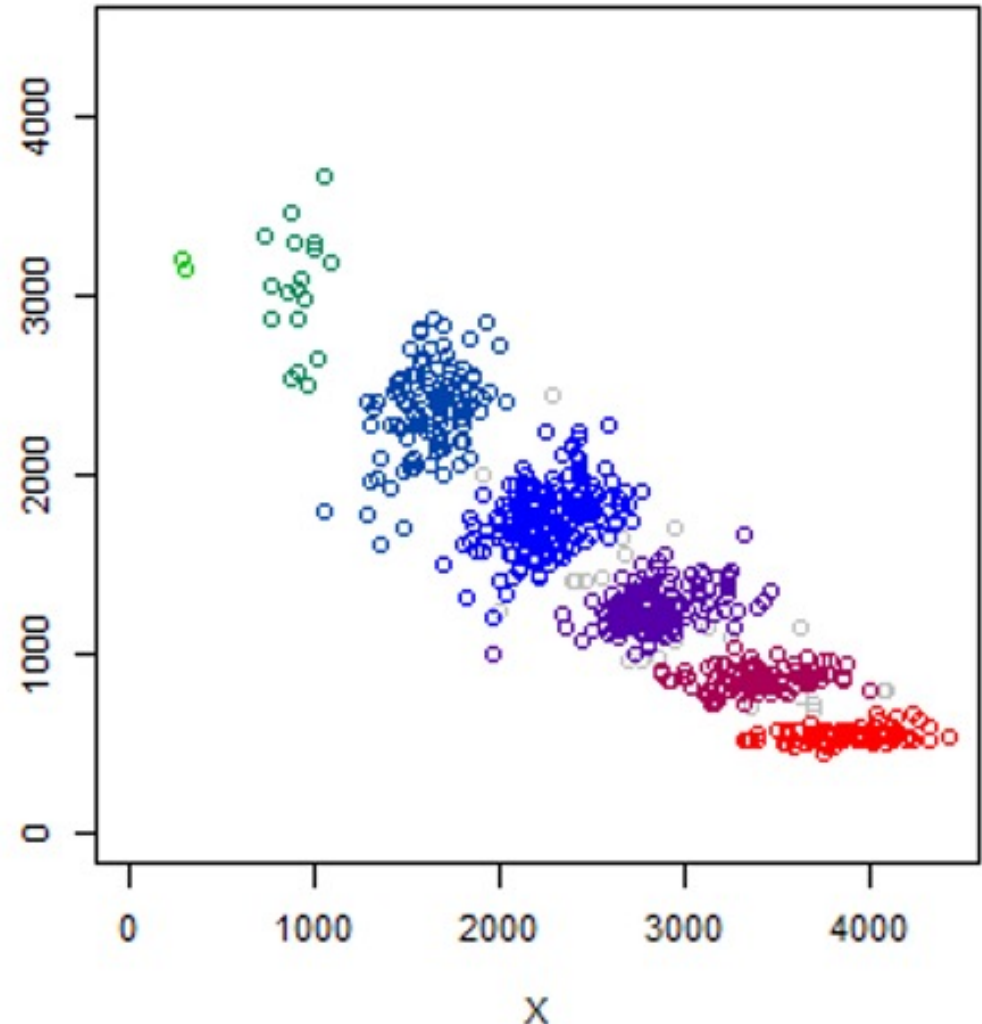
Meerwaarde kruisbestuiving typen bedrijven

- Kennisuitwisseling merkers, genetica polyploïden
- Wat voor 1 gewas is ontwikkeld, bruikbaar voor andere
- Met elke nieuwe dataset van een gewas werden andere factoren toegevoegd

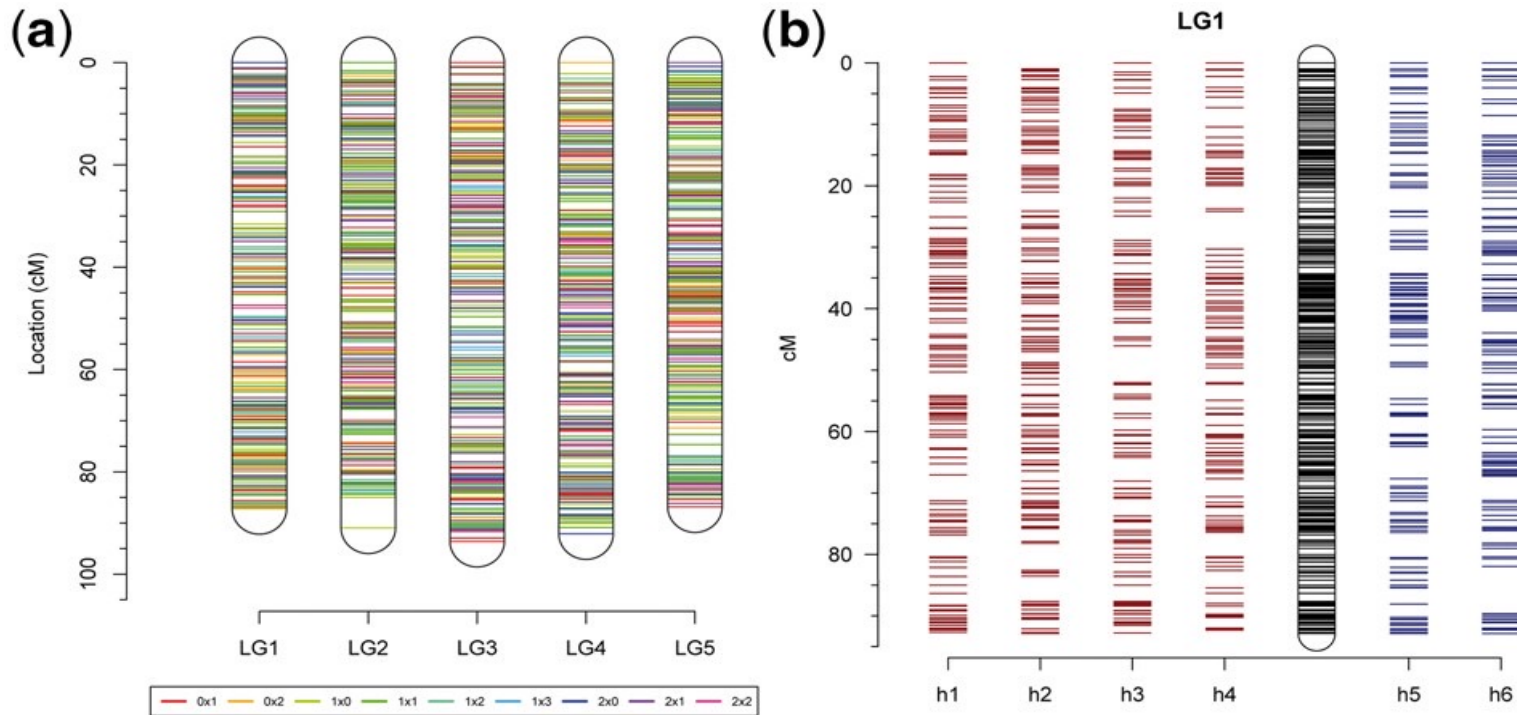
Software for SNP dosage scoring

- fitTetra (Voorrips et al. 2011), now fitPoly
- R package fitPolyTools

181 Cm15092_c0g2i1_323_P

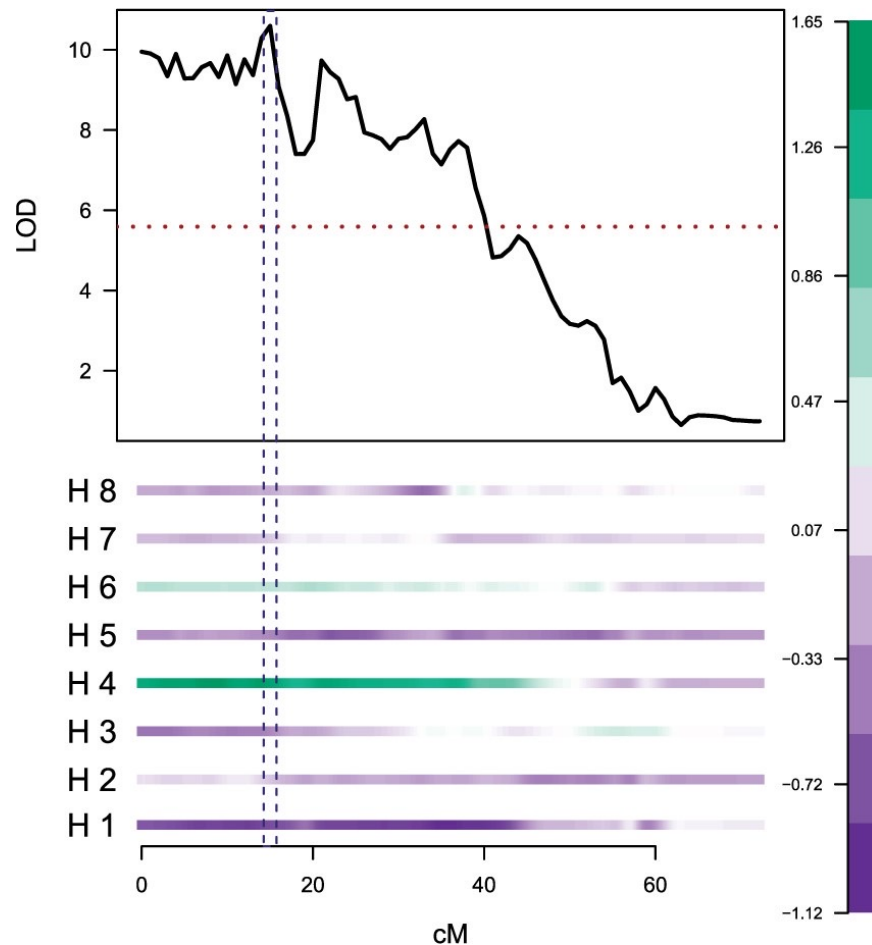


Linkage mapping: polymapR



Bourke et al. (2018) *Bioinformatics* 34: 3496–3502,
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty371>

QTL mapping: polyqtIR



Bourke et al. (2021) *Bioinformatics* 37: 3822–3829,
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btab574>

The Polyploids team

- Roeland Voorrips, Chris Maliepaard (project lead, quant. genetics)
- Paul Arens (project lead, ornamental crops, genomics)
- Eric van de Weg (strawberry & pedigree-based analysis)
- René Smulders (management, rose genetics)
- Danny Esselink (bioinformatics)
- Herma Koehorst-van Putten (mapping)
- Choazhi Zheng, Gerrit Gort (statistics)
- Postdocs (now in industry or researchers at WUR)
 - Peter Bourke, Geert van Geest, Arwa Shahin, Giorgio Tumino, former and current PhD students
 - Mirjana Vukosavljev, Ehsan Motazed, Michiel Klaassen, Konrad Zych, Yanlin Liao, Alejandro Therese Navarro, Ran Wang
- Many MSc students
- Support from lab assistants, participating companies

Spin-off

We are now worldwide recognised as experts on polyploids. This led to

- A project on rose genetics with Korea
- Catalyst project with New Zealand and US
- CaRo project with France and Germany
- US “SCRI Tools for Polyploids” project
- TKI project LWV20.112 “Application of sequence-based multi-allelic markers in genetics and breeding of polyploids”