



### PPS-jaarrapportage 2018

De PPS-en die van start zijn gegaan onder aansturing van de topsectoren dienen jaarlijks te rapporteren over de inhoudelijke en financiële voortgang. Voor de inhoudelijke voortgang dient dit format gebruikt te worden. Voor PPS-en die in 2018 zijn afgerond is een apart format "PPS-eindrapportage" beschikbaar.

**De jaarrapportages worden integraal gepubliceerd op de websites van de TKI's/ topsector. Zorg er s.v.p. voor dat er geen vertrouwelijke zaken in de rapportage staat.**

De PPS-jaarrapportages dienen voor 1 maart 2019 te worden aangeleverd bij de TKI's via [info@tkitu.nl](mailto:info@tkitu.nl) of [info@tki-agrifood.nl](mailto:info@tki-agrifood.nl). Voor Wageningen Research loopt de aanlevering via een centraal punt.

Algemene gegevens	
PPS-nummer	KV 1605-020 / TU-16006
Titel	Novel genetic and genomic tools polyploid crops
Thema	Better Plants for New Demands
Uitvoerende kennisinstelling(en)	Wageningen Universiteit & Research
Projectleider onderzoek (naam + emailadres)	Paul Arens - <a href="mailto:paul.arens@wur.nl">paul.arens@wur.nl</a> Chris Maliepaard - <a href="mailto:chris.maliepaard@wur.nl">chris.maliepaard@wur.nl</a>
Penvoerder (namens private partijen)	Aike Post
Contactpersoon overheid	Dhr Oprel
Totale projectomvang (k€)	3198
Adres projectwebsite	
Startdatum	1 februari 2017
Einddatum	31 december 2020

### Goedkeuring penvoerder/consortium

De jaarrapportage dient te worden besproken met de penvoerder/het consortium. De TKI's nemen graag kennis van eventuele opmerkingen over de jaarrapportage.

De penvoerder heeft namens het consortium de jaarrapportage	<input checked="" type="checkbox"/> goedgekeurd <input type="checkbox"/> niet goedgekeurd
Eventuele opmerkingen over de jaarrapportage:	

### Planning en voortgang (indien er wijzigingen zijn t.o.v. het projectplan svp toelichten)

Loopt de PPS volgens planning?	Nee
Zijn er wijzigingen in het consortium/de projectpartners?	Nee
Is er sprake van vertraging en/of uitgestelde opleverdatum?	Ja er is wat vertraging in read count data analyse. In andere aspecten loopt project iets voor (bijv probability schattingen) Nee, verwachting is dat vertraging gedurende de looptijd kan worden ingelopen
Is er sprake van inhoudelijke knelpunten, geef een korte beschrijving	Nee
Is er sprake van afwijkingen van het ingezette budget/de begroting?	Project is maand later begonnen daarnaast is er vertraging door ziekte en met name in WP 4 door het moeten aantrekken van een medewerker en het later uitvoeren van analyses door het nog niet beschikbaar zijn van een genoom sequentie in aardbei.

**Korte omschrijving inhoud/doel PPS**

Wat is er aan de hand en wat doet het project daaraan?

Wat gaat het project opleveren en wat is het effect hiervan?

De mogelijkheden om erfelijke eigenschappen van planten op basis van hun DNA te analyseren zijn de afgelopen jaren enorm toegenomen. De plantenveredeling is hierdoor in een stroomversnelling gekomen. In bepaalde gewassen hebben veredelaars echter nog nauwelijks kunnen profiteren van deze ontwikkeling, omdat in deze plantensoorten het erfelijk materiaal niet in twee kopieën aanwezig is, maar in meer dan twee kopieën. Dit verschijnsel, dat polyploidie wordt genoemd, leidt tot veel complexere overerving. Voorbeelden van polyploïde gewassen zijn aardappel, prei, roos, alstroemeria en chrysant.

In het project 'Novel genetic and genomic tools for polyploid crops' werken onderzoekers in nauwe samenwerking met veredelingsbedrijven aan methodologie en software die het mogelijk maakt om ook in polyploïde gewassen resultaten van DNA-onderzoek te analyseren en interpreteren.

De uitkomsten van het onderzoek – genetische kaarten en software om DNA-analyses te kunnen interpreteren - zijn voor bedrijven een belangrijk hulpmiddel in de veredeling. Dankzij deze tools kunnen bedrijven beter selecteren op belangrijke eigenschappen zoals resistenties tegen ziekten en plagen. Tegelijk gaat het hier ook om excellente wetenschap.

**Resultaten 2018**

Geef een korte beschrijving van de high-lights van 2018

Geef een korte beschrijving van de projectdeliverables 2018

**Highlights 2018**

- Verdediging van het proefschrift van Peter Bourke: 'Genetic mapping in polyploids', 15 juni 2018, kreeg een *cum laude (with distinction)*. Dit proefschrift is een direct resultaat van het onderzoek dat Peter Bourke deed binnen dit en het vorige polyploïdenproject.
- Een mini-symposium georganiseerd over polyploïde genetica en veredeling van polyploïden georganiseerd (14 juni 2018) met presentaties van Peter Bourke, Aike Post, Christine Hackett, Jeff Endelman.
- Co-auteurschap mensen uit het polyploïden project mbt de publicatie in *Nature Plants* (Hibrand Saint-Oyant et al. 2018) van de DNA-sequentie van roos, gevalideerd aan de hand van een genetische kaart van roos eerder gepubliceerd door onze groep.
- Samenwerkingen met onderzoekers in polyploïde gewassen in een internationaal consortium geleid door David Byrne, USA; met onderzoekers in Nieuw Zeeland (Crop and Food Research), Korea (GARES, rose) en verschillende groepen in China (Nanjing University, chrysant; Beijing Forestry University roos; Zhengzhou Fruit Institute, kiwibes; Henan Industrial Crop Research Institute, pinda).
- Een software-workshop en twee voortgangsbijeenkomsten met alle partners

**Deliverables 2018**

- Alle sequencing data van bait capture sequencing is beschikbaar voor bioinformatica-analyses en vervolgens als input data voor methoden- en software-ontwikkeling (Alstroemeria, Chrysanthemum, leek and potato). WP1
- Whole-genome sequencing van twee kleinere F1-populaties van aardbei en een panel van cultivars/veredelings-materiaal, gesequenced met verschillende diepten.
- Aardbei-vruchten van mapping-populatie aangeleverd door FreshForward voor metabolomics-analyses (WP1)
- Methoden/software voor haplotypering verder ontwikkeld (Polyhaplotyper voor SNP array dosage data; TriPoly – gepubliceerd, PopPoly, HEMpoly – nog te publiceren, voor sequentiereads) ontwikkeld en gevalideerd op gesimuleerde en echte data en de software voor sequentiereads ook vergeleken met andere haplotyperings-software voor polyploïden, namelijk SDHaP, HapCompass en HapTree. (WP1+extra)
- Als overgang van genotypering op basis van SNP dosage-data naar genotypering op basis van counts van sequentie-reads is een methode ontwikkeld die in plaats van discrete dosage data gebruik maakt van de waarschijnlijkheden (probabilities) van deze dosages, eerst nog voor SNP array data, maar later ook te gebruiken voor data uit sequentie-reads. (WP1)

- Deze methode is gevalideerd op een experimentele dataset van aardappel door een genetische kaart te maken op basis van de waarschijnlijkheden van dosages en deze te vergelijken met een al gepubliceerde dataset en genetische kaart op basis van discrete dosage data (Bourke et al. 2016). (WP1)
- QTL-analyse onder situaties met preferentiële chromosoomparing mogelijk gemaakt binnen polymapR (WP2)
- QTL-analyse voor kruisingen tussen verschillende ploïdie-nivo's (triploid, pentaploid) mogelijk gemaakt (WP2)
- QTL-analyse met meerdere QTLs mogelijk gemaakt door mogelijkheid merkers als cofactor mee te nemen in de QTL-analyse. (WP3)
- De mogelijkheid om te gaan met multivalenten en dubbele reductie in QTL-analyse van polyploïden bekeken en vergeleken met modellen op basis van bivalenten zonder dubbele-reductie. (WP3)
- De mogelijkheid van QTL-analyses voor QTLs met dominantie en voor QTLs met dosage effecten geïmplementeerd (WP3)
- Meenemen van preferentiële paring bij QTL-analyse geïmplementeerd (WP3)
- TetraOrigin aangepast om te kunnen omgaan met waarschijnlijkheden van dosages i.p.v. discrete dosages (WP3)
- Mogelijkheid om gebruik te maken van multi-allelische merkers uit DNA-sequentiereads bekeken (WP3)
- Simulatiesoftware ontwikkeld waarmee voor dezelfde populatie zowel data vanuit SNP arrays met verschillende nauwkeurigheid voor de signaal-intensiteiten kunnen worden gegenereerd als data voor tellingen van sequentiereads (WP3, extra) voor verschillende ploïdie-nivo's.
- Simulaties uitgevoerd om multi-ouder-populaties met verschillende maten van verwantschap en structuur te genereren voor de ontwikkeling van analyse-software voor analyse van dergelijke multi-ouder populaties (WP4)
- De geschiktheid van data uit verschillende experimentele populaties (roos, Phalaenopsis) voor WP4 onderzocht (WP4)
- Drie verschillende methoden van QTL-analyse voor dergelijke multi-ouder-populaties geïmplementeerd (1. Op basis van het SNP allel onafhankelijk van de herkomst; 2. Op basis van specifieke oudercombinaties, 3) op basis van gemeenschappelijke founder-allelen) en met elkaar vergeleken onder verschillende scenario's (WP4)
- GWAS-analyse roos gedaan voor Botrytis-resistentie (WP4, extra)

<b>Aantal opgeleverde producten in 2018</b> (geef in een bijlage de titels en/of omschrijvingen van de producten of een link naar de producten op de projectwebsite of andere openbare websites)			
Wetenschappelijke artikelen	Rapporten	Artikelen in vakbladen	Inleidingen/workshops
7	0	1	2
<b>Titels/omschrijvingen van belangrijkste producten in 2018 (max. 5) en hun doelgroepen</b>			
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Publicatie PolymapR en software updates hierin en polyQTL. Doelgroep voor publicatie zijn alle veredelingsbedrijven die veredelen in polyploïde gewassen. Doelgroepen updates zijn de betrokken bedrijven.</li> <li>• Genoom sequentie roos en QTL studies in roos voor belangrijke eigenschappen. Doelgroep rozenveredelaars en andere geïnteresseerden.</li> <li>• Methodes en software voor haplotypering in polyploïden (Polyhaplotyper, TriPoly, Poppoly, HemPoly). Doelgroepen onderzoekers en veredelingsbedrijven die aan polyploïden werken</li> </ul>			

## **Bijlage: Titels/omschrijvingen van alle producten in 2018 of een link naar deze producten op de projectwebsite of andere publieke websites**

### **Publicaties**

- Genetic Mapping in Polyploids, PhD thesis of Peter Bourke (2018)
- Bourke PM, Voorrips RE, Visser RGF and Maliepaard C (2018) Tools for Genetic Studies in Experimental Populations of Polyploids. *Front. Plant Sci.* 9: 513. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00513> (open access)
- Bourke PM, G van Geest, RE Voorrips, J Jansen, T Kranenburg, A Shahin, RGF Visser, P Arens, MJM Smulders, C Maliepaard (2018) polymapR – linkage analysis and genetic map construction from F1 populations of outcrossing polyploids. *Bioinformatics* 34: 3496–3502. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty371> (open access)
- Bourke PM, VW Gitonga, RE Voorrips, RGF Visser, FA Krens, C Maliepaard (2018) Multi-environment QTL analysis of plant and flower morphological traits in tetraploid rose. *Theor Appl Genet* 131: 2055-2069. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3132-4> (open access)
- Hibrand Saint-Oyant L, T Ruttink, L Hamama, I Kirov, D Lakhwani, N-N Zhou, P Bourke, N Daccord, L Leus, D Schulz, H Van de Geest, T Hesselink, K Van Laere, K Debray, S Balzergue, T Thouroude, A Chastellier, J Jeauffre, L Voisine, S Gaillard, T Borm, P Arens, RE Voorrips, C Maliepaard, E Neu, M Linde, M-C Le Paslier, A Bérard, R Bounon, J Clotault, N Choisne, H Quesneville, K Kawamura, S Aubourg, S Sakr, MJM Smulders, E Schijlen, E Bucher, T Debener, J De Riek, F Foucher (2018) A high-quality genome sequence of *Rosa chinensis* to elucidate ornamental traits. *Nature Plants* 4: 473-484. <https://doi.org/10.1038/s41477-018-0166-1> (open access)
- Motazed E, R Finkers, C Maliepaard, D de Ridder (2018) Exploiting next-generation sequencing to solve the haplotyping puzzle in polyploids: a simulation study. *Briefings in Bioinformatics* 19: 387–403. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw126>
- Motazed E, D de Ridder, R Finkers, S Baldwin, S Thomson, K Monaghan, C Maliepaard (2018) TriPoly: haplotype estimation for polyploids using sequencing data of related individuals. *Bioinformatics* 34: 3864–3872. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty442>
- Smulders MJM, P Arens (2018) New developments in molecular techniques for breeding in ornamentals. In: J. Van Huylbroeck (ed.), *Ornamental Crops, Handbook of Plant Breeding* 11, 213-230. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-90698-0\\_9.pdf](https://doi.org/10.1007/978-3-319-90698-0_9.pdf)
- Smulders MJM, E Heuvelink, T Kierkels (2018). Ontrafeling rozengenen nuttig voor veredeling op kwaliteit en resistentie: Roos en aardbei genetisch bijna hetzelfde. *Onder Glas* 15 (9): 10-11. <https://hortinext.nl/ontrafeling-rozengenen-nuttig-voor-veredeling-op-kwaliteit-en-resistentie/>

### **Lezingen**

- Bourke PM (Peter) Genetic linkage mapping in experimental populations of polyploids EPS Mini symposium Polyploid Genetics and Breeding, 14 Juni 2018
- Geest G. van (Geert) An example: Chrysanthemum. Christchurch, Crop and Food Research, Nieuw-Zeeland, 27 februari 2018
- Geest G. van (Geert) An example: Chrysanthemum. Te Puke, Crop and Food Research, Nieuw-Zeeland, 2 maart 2018
- Maliepaard C (Chris) a genetic analysis pipeline for polyploids, Christchurch, Crop and Food Research, Nieuw-Zeeland, 27 Februari 2018
- Maliepaard C (Chris) a genetic analysis pipeline for polyploids, Te Puke, Crop and Food Research, Nieuw-Zeeland, 2 maart 2018
- Maliepaard C (Chris) a genetic analysis pipeline for polyploids, Dunedin, AgResearch, Nieuw-Zeeland, 6 Maart 2018
- Maliepaard C (Chris) A Genetic analysis pipeline for polyploids, Henan Industrial Crop Research Institute Zhengzhou, China. Oct. 2018
- Maliepaard C (Chris) A Genetic analysis pipeline for polyploids, Zhengzhou Fruit Institute, Zhengzhou, China. Oct. 2018
- Maliepaard C (Chris) A Genetic analysis pipeline for polyploids, Nanjing University, China. Oct. 2018
- Maliepaard C (Chris), Peter M Bourke, Roeland Voorrips, Geert van Geest, Paul Arens, René Smulders. Genetic mapping and QTL analysis in polyploids. Genomics and Gene editing congress, Rotterdam, 15 mei 2018
- Post A (Aike) Chrysanthemum Breeding, EPS Mini symposium Polyploid Genetics and Breeding, 14 Juni 2018
- Smulders MJM (René), Peter M. Bourke, Roeland E. Voorrips, Paul Arens, Chris Maliepaard. High-density SNP maps for genetics and genomics in tetraploid rose. Lezing op CAAS, Dept of Vegetables and Ornamentals, Beijing, China, 25 Juni 2018

- Smulders MJM (René), Peter M. Bourke, Chris Maliepaard, Roeland E. Voorrips, Paul Arens. Multi-allelic QTL analysis in tetraploid rose using an ultra-dense linkage map. Invited lecture at RGC9, the 9th Rosaceae Genomics Conference, Nanjing, China, 26-30 Juni 2018
- Smulders MJM (René), Peter M. Bourke, Roeland E. Voorrips, Paul Arens, Chris Maliepaard. High-density genetic maps for assisting breeding in tetraploid rose. Lecture at Gyeonggide Agricultural Research & Extension Services GARES, Hwaseong-city, Korea, 2 July 2018
- Smulders MJM (René), Peter M. Bourke, Roeland E. Voorrips, Paul Arens, Chris Maliepaard. High-density genetic maps for assisting breeding in tetraploid rose. Lecture at the Floriculture Research Division, National Institute of Horticultural and Herbal Science, RDA, Jeonju-si, Korea.

### **Poster & Flash presentaties**

- Bourke PM (Peter), Geert van Geest, Roeland E Voorrips, Johannes Jansen, Twan Kranenburg, Arwa Shahin, Richard Visser, Paul Arens, Marinus MJ Smulders, Chris Maliepaard. Genetic linkage mapping at higher ploidy levels using polymapR. Eucarpia Biometrics Symposium Ghent, Sept. 2018
- Motazedi E (Ehsan) C. Maliepaard, D. de Ridder, R. Finkers. PopPoly: haplotype estimation for polyploid F1 populations using sequence data. Experimental Plant Sciences Theme 4 Symposium, Lunteren, April 2018
- Motazedi E (Ehsan), C. Maliepaard, D. de Ridder, R. Finkers. Family based haplotype estimation using DNA sequence reads. BioSB Conference Lunteren, May 2018
- Motazedi E (Ehsan), C. Maliepaard, D. de Ridder, R. Finkers. PopPoly: haplotype estimation for polyploid F1 populations using sequence data. Eucarpia Biometrics Symposium, Ghent, Sept. 2018