



### PPS-jaarrapportage 2019

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 2019 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 informatie in de rapportage staan.**

De PPS-jaarrapportages dienen voor 1 maart 2020 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	BPND
Uitvoerende kennisinstelling(en)	Wageningen University & Research - Plant Breeding
Projectleider onderzoek (naam + emailadres)	Paul Arens ( <a href="mailto:paul.aren@wur.nl">paul.aren@wur.nl</a> ) – Chris Maliepaard ( <a href="mailto:chris.maliepaard@wur.nl">chris.maliepaard@wur.nl</a> )
Penvoerder (namens private partijen)	Aike Post – Deliflor chrysanten BV
Adres projectwebsite	<a href="https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksprojecten-LNV/Expertisegebieden/kennisonline/TU-16006-Novel-genetic-and-genomic-tools-polyploid-crops.htm">https://www.wur.nl/nl/Onderzoek-Resultaten/Onderzoeksprojecten-LNV/Expertisegebieden/kennisonline/TU-16006-Novel-genetic-and-genomic-tools-polyploid-crops.htm</a>
Startdatum	2017
Einddatum	31 dec 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 type="checkbox"/> goedgekeurd <input type="checkbox"/> niet goedgekeurd
Eventuele opmerkingen over de jaarrapportage:	

### Inhoudelijke samenvatting van het project

Probleemomschrijving	<p>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.</p> <p>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.</p>
----------------------	---

Doelen van het project	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.

<b>Resultaten</b>	
Beoogde resultaten 2019	<p><i>WP1: Uitbreiden karteringspijplijn voor gebruik multi-allele haplotypes</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Software voor probability schattingen van dosage gereed voor publicatie</li> <li>• Tellingen van haplotypes vertaald in schattingen van allel dosage en gevalideerd door vergelijk met SNP array dosage scores</li> <li>• Uitbreiding van mapping software om probabilistische dosage-schattingen te gebruiken ipv discrete dosages</li> <li>• Data set bait capture voor een allopolyploid (aardbei)</li> </ul> <p><i>WP2: Mogelijk maken van analyse mapping data voor disome, polysome en gemengde segregatie (polysoom en disoom)</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• In polymapR is analyse onder gemengde segregatie mogelijk gemaakt (partiële preferentiële paring) voor tetraploïden. IBD-berekeningen staan zowel preferentiële paring toe als het optreden van multivalenten, waarmee QTL-analyse onder gemengde segregatie en bij dubbele reductie is mogelijk gemaakt.</li> <li>• polymapR is ook uitgebreid naar gebruik in diploïden, en daarmee ook in situaties met complete preferentiële paring in allopolyploïden</li> <li>• Fijn tunen software voor gebruik in andere WPs</li> <li>• Wetenschappelijke publicatie: een voorbeeld van QTL-analyse in een rozenpopulatie, in meerdere omgevingen, waarin partiële preferentiële paring voorkwam is gepubliceerd in Bourke et al. (2018)</li> </ul> <p><i>WP3: Nieuwe QTL mapping methoden</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Multi-allelische QTL modellen en testen voor meerdere functionele QTL allelen ontwikkeld en geëvalueerd op gesimuleerde en echte data. Is er met echte data gewerkt?</li> <li>• Strategie voor volgen gunstige QTL allelen aanwezig in mapping populatie met gebruik van gekoppelde haplotypes is geschetst. Visualisatie van een geselecteerde regio (QTL) en geselecteerde individuen (op basis van phenotype) is ontwikkeld die het mogelijk maakt de lokale allelische samenstelling te zien van individuen die hoog scoren op het phenotypische kenmerk.</li> </ul> <p><i>WP4: Combineren GWAS met pedigree gebaseerde (PBA) QTL analyse</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Validatie populatie onderzocht voor bekende en onbekende pedigree relaties gebaseerd op serie lokale haplotypes</li> <li>• Verschillende methodes voor correctie op populatie structuur en verwantschap worden bekeken</li> <li>• Effect van gebruik van haplotypes met betrekking tot bepalen populatie structuur en kwantificering LD afname in een GWAS populatie is gekwantificeerd.</li> <li>• Onderzoeken voordeel van gebruik van IBD data ten opzichte van initiële IBS data</li> </ul>

<p>Behaalde resultaten 2019</p>	<p>Alle beoogde resultaten zijn behaald behalve:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• WP1: Data set bait capture voor een allopolyploid: in plaats hiervan is 'Whole genome sequencing' gedaan voor aardbei</li> <li>• De validatie van SNP calling uit de sequentiedata van aardbei door de SNPs te karteren en te evalueren of en hoe goed ze integreren met de bestaande genetische kaart is nog niet gedaan, maar wordt gedaan in 2020. Hangt deels samen met het vrijkomen van een goede aardbei genoom sequentie waarop werd gewacht.</li> <li>• WP3: Het gebruik van multi-allelische QTL-modellen is wel bekeken op gesimuleerde data maar nog niet op echte data. Er is wel bekeken of geschatte QTL-effecten gekoppeld konden worden aan de haplotype-samenstelling van individuen in de regio van een QTL.</li> <li>• WP4: Gebruik haplotypes om mate van verwantschap te schatten in GWAS is opgenomen in mpQTL software. Schatting van Linkage Disequilibrium (LD decay) mbv haplotypes is nog niet uitgevoerd.</li> </ul> <p>Naast beoogde resultaten zijn er ook een aantal niet van te voren beschreven resultaten behaald die van belang zijn voor analyse in polyploïden:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Kaart integratie. De methode voor het integreren van genetische kaarten van meerdere bi-parentele kruisingen is ontwikkeld en uitgeprobeerd op echte data. Geïntegreerde kaarten per populatie en over populaties heen zijn gemaakt en vergeleken met ontwikkelde genoom sequenties voor de vlinderorchidee.</li> <li>• Identificatie van aneuploïdy in de populaties van de vlinderorchidee</li> <li>• Mogelijkheid van haplotypering door amplicon sequencing dmv AgriSeq – Pilot in aardappel en chrysant in samenwerking met service provider Thermo-Fisher</li> <li>• Software voor multi-population QTL analyse die verschillende modellen gebruikt voor analyse is ontwikkeld en gebruik is in workshop aan de partners in het project gedemonstreerd en onderwezen. Evaluatie van de software op gesimuleerde data gebruikmakend van echte haplotypes en geschatte haplotypes.d haplotypes. Analyse met echte data is gepland voor 2020.</li> </ul>
<p>Beoogde resultaten 2020</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Mapping software compleet die genotype schattingen van multi-allele merkers voor gebruik in QTL analyse mogelijk maakt (WP1)</li> <li>• Analyse sequentie data aardbei (WP1)</li> <li>• Wetenschappelijke publicatie (WP1)</li> <li>• QTL-Software geoptimaliseerd voor gebruik bij veredelingsbedrijven en door andere onderzoekers dan de ontwikkelaars zelf (WP3)</li> <li>• Ontwikkelen visualisaties voor QTL significantie, QTL gebied en QTL effect (WP3)</li> <li>• Mogelijkheden ontwikkelen voor identificatie van haplotypes die gunstige QTL allelen taggen en voor identificatie van individuen met een hoge waarschijnlijkheid van het hebben van deze gunstige QTL allelen (WP3)</li> <li>• Wetenschappelijke publicatie (WP3)</li> <li>• Afronden methode en software voor GWAS/PBA QTL analyse in polyploïden met multi-allel haplotypes (WP4)</li> <li>• Validatie van de methode is uitgevoerd op beschikbare GWAS/PBA data met of zonder pedigree informatie</li> </ul>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Het effect van opnemen van zeldzame haplotypes op de gevoeligheid en vals positieven frequentie in GWAS testen en evalueren</li> <li>• Wetenschappelijk artikel</li> </ul>
--	---

<p><b>Opgeleverde producten in 2019</b> (geef de titels en/of omschrijvingen van de producten / deliverables of een link naar de producten op de projectwebsite of andere openbare websites)</p>	
<p><u>Wetenschappelijke artikelen:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Bourke et al. (2019) Quantifying the power and precision of QTL analysis in autopolyploids under bivalent and multivalent genetic models. G3, April 2019</li> <li>• Bourke et al. (2019) Polyploid breeding in the 21st century, Prophyta (in press)</li> <li>• Klaassen et al. (2019) Multi-allelic QTL analysis of protein content in a biparental population of cultivated tetraploid potato. Euphytica 215(2): 14</li> <li>• Motazedi et al. (2019) Family-based haplotype estimation and allele dosage correction for polyploids using short sequence reads. Frontiers in Genetics, April 2019</li> <li>• Smulders et al. (2019) Some thoughts on how to use markers in tetraploid rose breeding. Acta Horticulturae 1232:1-6.</li> <li>• Smulders et al. (2019) In the name of the rose: a roadmap for rose research in the genome era. Horticulture Research 6: 65.</li> <li>• Smulders &amp; Arens (2018) New developments in molecular techniques for breeding in ornamentals. In: J. Van Huylenbroeck (ed.), Ornamental Crops, Handbook of Plant Breeding 11, 213-230.</li> <li>• Klaassen et al. (2019) Genome-wide association analysis in tetraploid potato reveals four QTLs for protein content. Molecular Breeding 39:151</li> <li>• Bourke &amp; Smulders (2019) Polyploid breeding in the 21st century. Prophyta Annual 2019, pp 18-19</li> <li>• Ehsan Motazedi (2019) Haplotype estimation in polyploids using DNA sequence data, PhD Thesis, defended on November 7, 2019. Wageningen University</li> </ul>	
<p><u>Externe rapporten:</u></p>	
<p><u>Artikelen in vakbladen:</u></p>	
<p><u>Inleidingen/posters tijdens workshops, congressen en symposia:</u></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Peter Bourke: PSG New Year's gathering pitch, Wageningen</li> <li>• Peter Bourke: IBD estimation and QTL mapping in polyploids, PAG XXVII Jan. 2019, San Diego</li> <li>• Peter Bourke: Genetic mapping in polyploids, Hugo de Vries Laureate address, EPS meeting, April 2019, Lunteren</li> <li>• Yanlin Liao: A novel mapping method for polyploids using dosage probabilities, EPS meeting, April 2019, Lunteren</li> <li>• Peter Bourke: Genetic linkage mapping at higher ploidy levels using polymapR (PAG XXVII, poster)</li> <li>• Yanlin Liao: GenoSim: A tool to simulate genotyping data for polyploids – for SNP arrays and genotyping-by-sequencing, VIB Polyploid meeting, Ghent, June 2019, poster</li> <li>• Alejandro Thérèse Navarro QTL mapping in multiparental polyploid populations, VIB Polyploid meeting, Ghent, June 2019, poster</li> <li>• René Smulders: Using molecular markers in breeding: ornamentals catch up Eucarpia Ornamentals, Erfurt, Sept 2019</li> </ul>	

- (keynote),
- Giorgio Tumino: Association studies in polyploid heterozygous crops using allele dosage: the rose case Eucarpia Ornamentals, Erfurt, Sept 2019
- Alejandro Thérèse Navarro: QTL analysis in multiparental polyploid populations Eucarpia Ornamentals, Erfurt, Sept 2019: ISHS Young Minds Award - best presentation
- Geert van Geest: Linkage and QTL mapping in autohexaploid chrysanthemum, Eucarpia Ornamentals, Erfurt, Sept 2019
- Peter Bourke: Tools for genetic studies in polyploids, Mini Symposium: Genetic and genomic analysis of polyploids, November 2019, Wageningen
- Ehsan Motazed: Getting haplotypes in polyploid crops: exploit the capacity of next-generation sequencing Mini Symposium: Genetic and genomic analysis of polyploids, November 2019, Wageningen
- Chris Maliepaard: A genetic analysis pipeline for polyploids Hohhot University China, July 2019

TV/ Radio / Social Media / Krant:

Overig (Technieken, apparaten, methodes etc.):

- Polyploid project 1 – Nominated for TKI impact award, shortlisted (5 nominees)
- Hugo de Vries – award; Peter Bourke - Best botany related PhD thesis, defended at a Dutch University in 2018
- Software die beschikbaar is gekomen:
  - GenoSim – simulatie van genotypering data voor SNP array en sequentie toepassingen
  - PolyProMap – Koppeling analyse gebruik makend van dosage schattingen van bi-allelele SNP merkers
  - mpQTL – QTL analyse voor multi-parentele populaties met gebruik van geschatte haplotypes