



### PPS-jaarrapportage 2017

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 2017 zijn afgerond is een apart format "PPS-eindrapportage" beschikbaar.

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

Algemene gegevens	
PPS-nummer	<b>KV 1605-020 / TU-16006</b>
Titel	<b>Novel genetic and genomic tools for polyploid crops</b>
Thema	<b>BPND</b>
Uitvoerende kennisinstelling(en)	<b>Wageningen University &amp; Research</b>
Projectleider onderzoek (naam + emailadres)	<b>Chris Maliepaard - <a href="mailto:chris.maliepaard@wur.nl">chris.maliepaard@wur.nl</a> Paul Arens - <a href="mailto:paul.arens@wur.nl">paul.arens@wur.nl</a></b>
Penvoerder (namens private partijen)	<b>Aike Post</b>
Contactpersoon overheid	<b>Dhr Oprel</b>
Werkelijke startdatum	<b>1 februari 2017</b>
Werkelijke einddatum	<b>31 december 2020</b>

### Highlights: geef een korte beschrijving van de belangrijkste resultaten tot nu toe

#### Software en methoden:

In het project hebben we via twee methoden gewerkt aan het faseren/haplotyperen van genetische merkers op de homologe chromosomen, voor zowel sequence read data als voor gefaseerde SNPs die gescoord zijn op SNP arrays (Ehsan Motazedhi en Roeland Voorrips).

Alle modules binnen de R software polypmapR (voor constructie van genetische kaarten voor polyploïden) zijn uitgebreid, verbeterd en geschikt gemaakt voor triploïde populaties uit kruisingen van een diploïde met een tetraploïde ouder. De software is op de CRAN website voor R-software beschikbaar gemaakt. Daarnaast zijn er verbeteringen toegevoegd voor het vinden van de koppelingen tussen homologen ('brugmerkers').

Er is een begin gemaakt met simulaties van multi-ouder populaties van een polyploïde kruisbevruchtend gewas, met verschillende statistische modellen voor de analyse en verschillende scenario's voor de totstandkoming van die populaties (uit founders die juist zeer verwant zijn of uit founders die veel minder verwant zijn).

#### Sequencing:

Met bait capture sequencing zijn sequentiereads voor een F1-populatie voor prei met bioinformatica-tools geanalyseerd voor SNP-detectie, SNP dosage bepaling en haplotypering. Een batch met 7x12 genotypen van aardappel, Alstroemeria en chrysanthe is gedaan, waaruit blijkt dat er nogal wat variatie is in opbrengst, zodat optimalisatie nodig is.

#### Gewasspecifiek:

Met een nieuw algoritme waarin ouder-informatie benut wordt en vergeleken met de uitsplitsing in de nakomelingschap (fitParents) is het gelukt om voor Alstroemeria 99% van de splitsende merkers succesvol te scoren op dosage. Een eerste triploïde kaart is gemaakt. Daarnaast heeft dit geleid tot veel correcties voor een tetraploïde populatie (17% van de merkers gecorrigeerd). Voor chrysanthe zijn nieuwe populaties gegenereerd die nu gegenotypeerd worden.

In Phalaenopsis zijn SNPs gedetecteerd en geselecteerd voor een SNP array waarbij een genetische kaart wordt gemaakt in een aanverwant project en een associatie panel zal worden genotypeerd voor validatie van de ontwikkelde statistische modellen van multi-ouder populaties in dit project.

<b>Aantal opgeleverde producten in 2017</b> (geef in een bijlage de titels en/of omschrijving van de producten of een link naar de producten op openbare websites)			
Wetenschappelijke artikelen	Rapporten	Artikelen in vakbladen	Inleidingen/ workshops
3 + PhD thesis			4

**Bijlage: Titels van producten en links naar informatie op openbare websites (w.o. Kennisonline)**

**Publications**

Van Geest G, Bourke PM, Voorrips RE, Marasek-Cialakowska A, Liao Y, Post A, Van Meeteren U, Visser RGF, Maliepaard C, Arens P (**2017**) An ultra-dense integrated linkage map for hexaploid chrysanthemum enables multi-allelic QTL analysis. *Theor. Appl. Genet.* 130 (12) 2527-2541.

Bourke PM, Arens P, Voorrips RE, Esselink GD, Koning-Boucoiran CFS, Van 't Westende WPC, Santos Leonardo T, Wissink P, Zheng C, Van Geest G, Visser RGF, Krens FA, Smulders MJM, Maliepaard C (**2017**) Partial preferential chromosome pairing is genotype dependent in tetraploid rose. *Plant J* 90 (2) 330-343.

Motazed E, Finkers R, Maliepaard C, De Ridder, D (**2017**) Exploiting Next Generation Sequencing to solve the haplotyping puzzle in polyploids: a simulation study. *Briefings in Bioinformatics* 2017: 1-17. doi: 10.1093/bib/bbw126.

**PhD Thesis**

**Geert van Geest.** Disentangling hexaploid genetics: Towards DNA-informed breeding for postharvest performance in chrysanthemum. PhD Thesis (2017)

**Published software**

CRAN website: PolymapR

**Presentations and meetings/workshops**

Smulders MJM high-density SNP maps for genetics and genomics in tetraploid rose. Keynote lecture, ISHS International rose conference, Angers, France. July 2017

Startup and progress meetings with all the project partners (3x: 23 Februari, 27 Juni, 29 November)