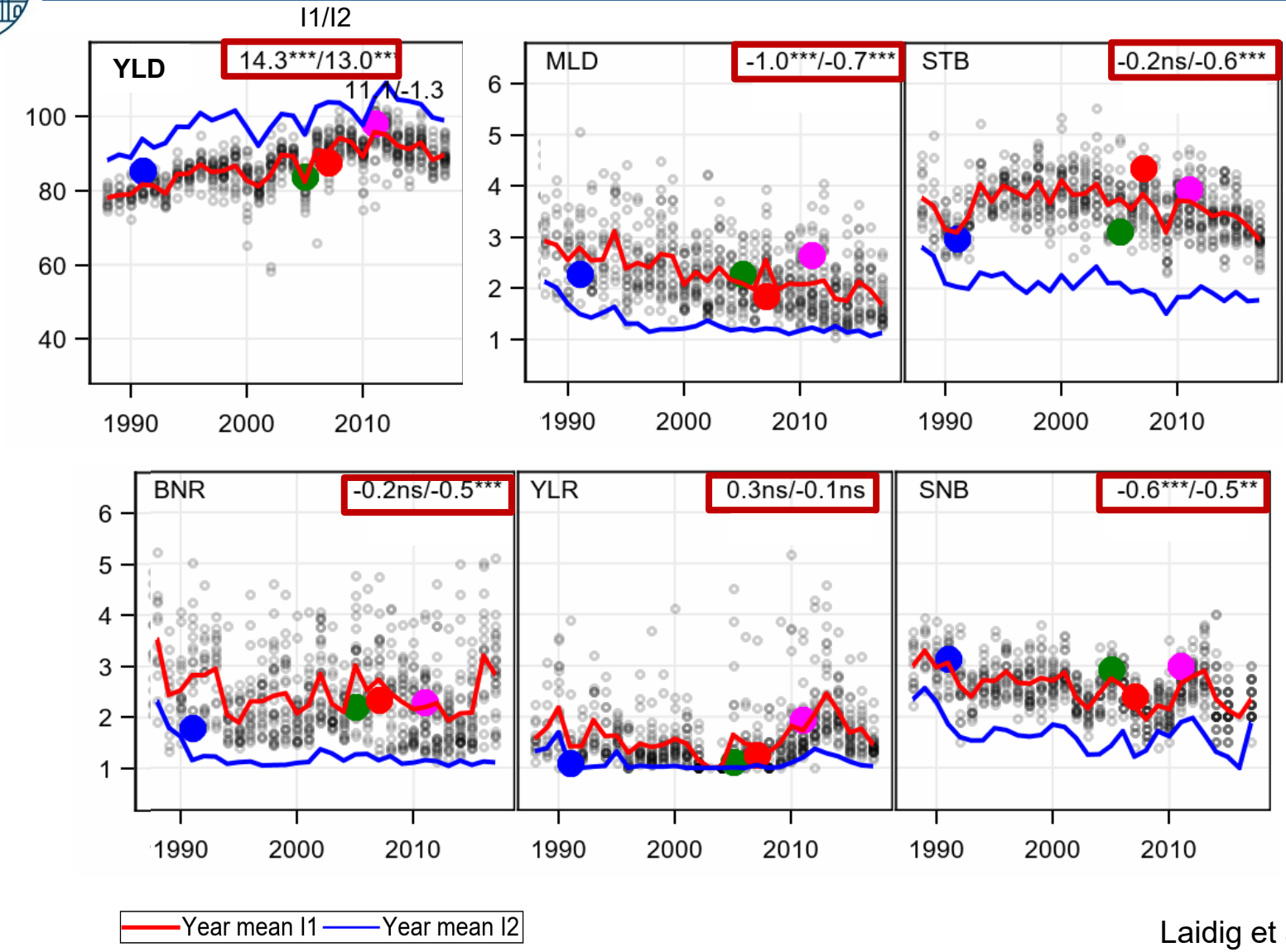
UNIVERSITÄT HOHENHEIM

Genombasierte Selektion zur Erhöhung quantitativer Krankheitsresistenzen

Thomas Miedaner
Landessaatzuchtanstalt
UNIVERSITÄT HOHENHEIM, Stuttgart

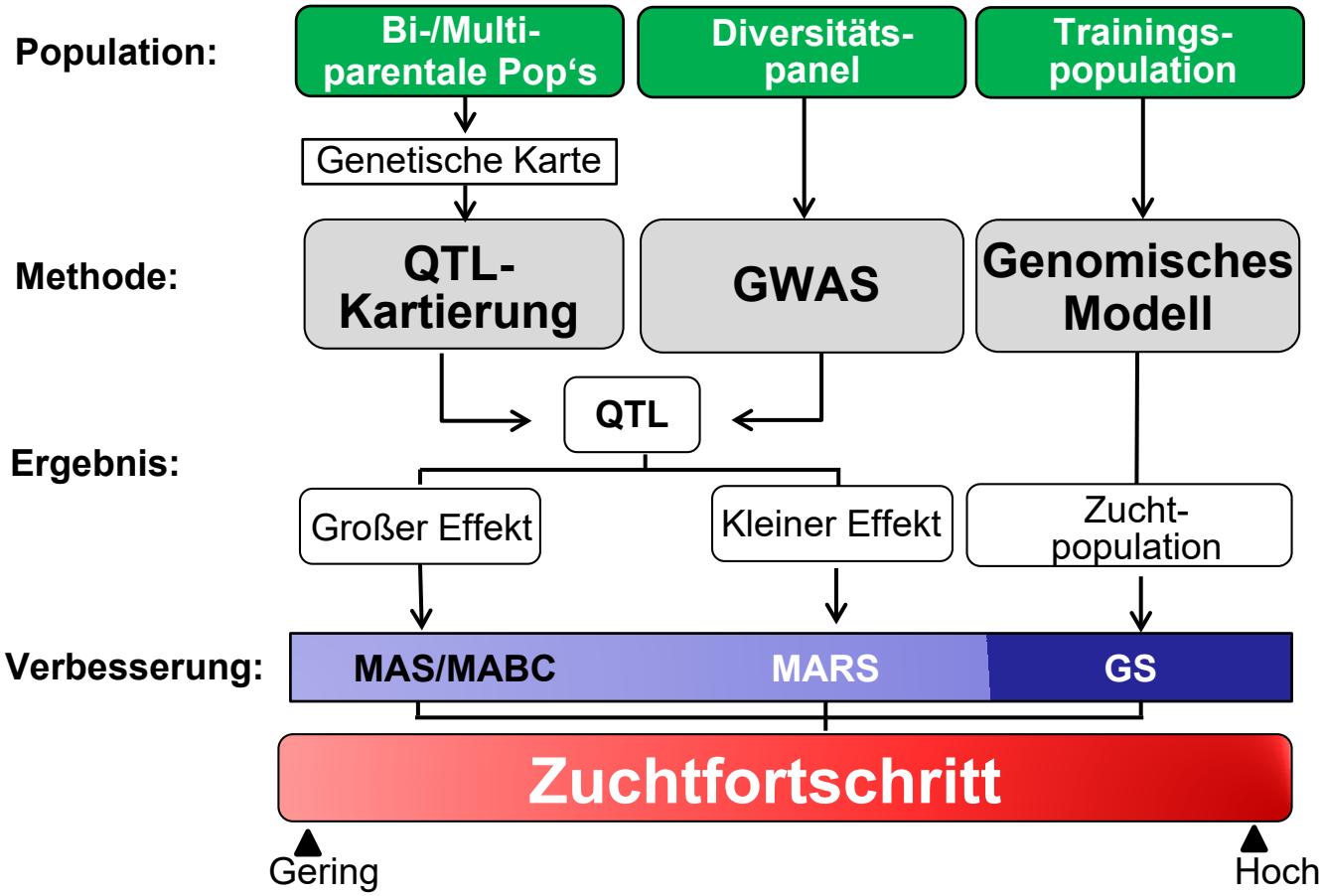
Zuchtfortschritt bei Winterweizen



Laidig et al. 2021

Kein Zuchtfortschritt bei STB, BNR & YRL in I1

Genombasierte Züchtung



QTL = quantitative trait locus
GWAS = genomweite Assoziationskartierung
MAS = markergestützte Selektion
MABC=markergestützte Rückkreuzung
MARS = markergestützte Rekurrente Selektion
GS = Genomische Selektion

Miedaner et al. 2020

© mie2022

Anwendungen

- QTL-Analyse
  Biparentale Kreuzungen (*n=80-250*)

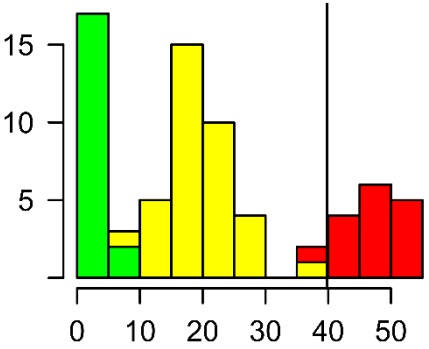
- Genomweite Assoziationskartierung (GWAS)
  Beliebige (unverwandte) Sortimente (*n=200-1000*)

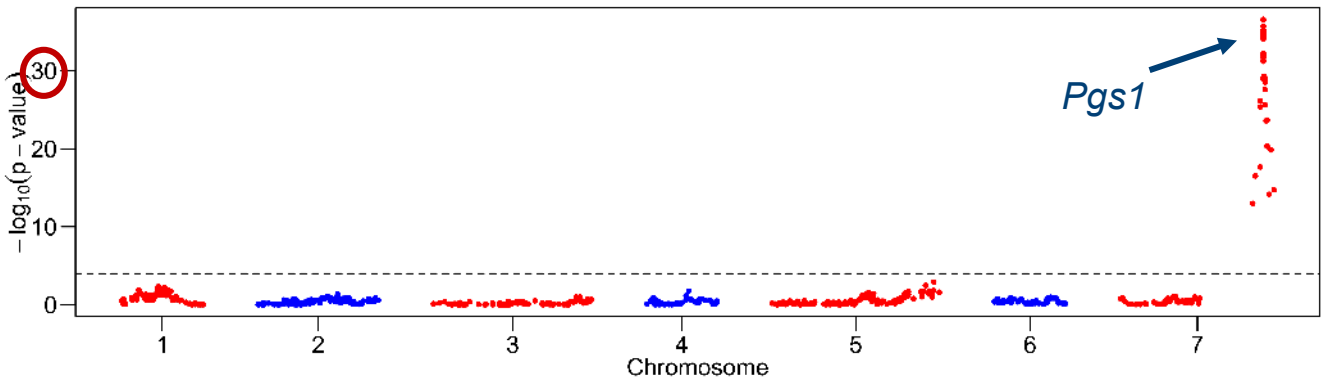
- Genomische Selektion (GS)
  Selektion anhand von genomweiten Markern,
  Vorhersage des genomischen Zuchtwertes

© mie2022

QTL-Kartierung: Schwarzrost bei Roggen

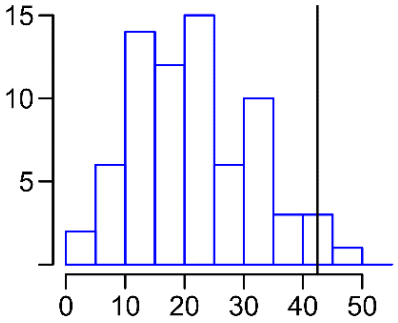
Pop 4

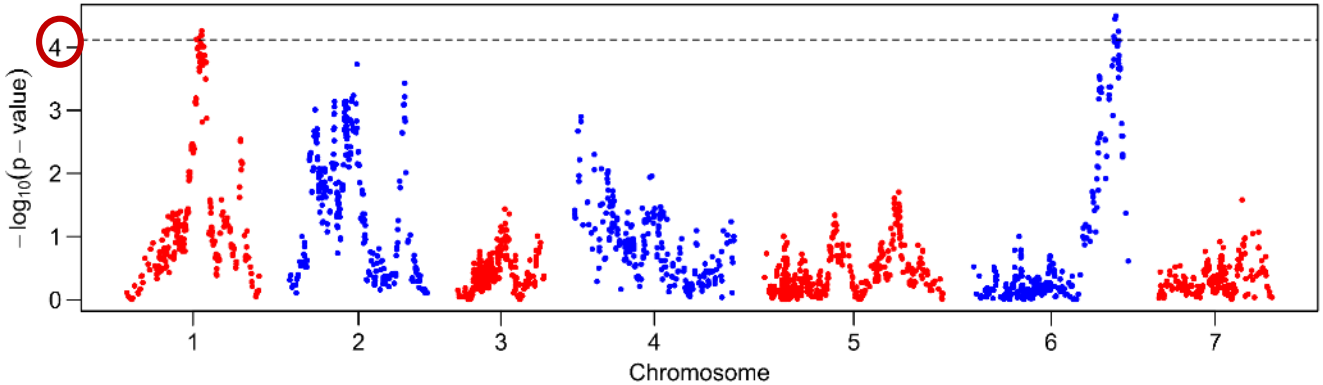




p-value from marker-wise ANOVA, 5% permutation threshold (*n=10,000*), population-specific linkage maps

Pop 1



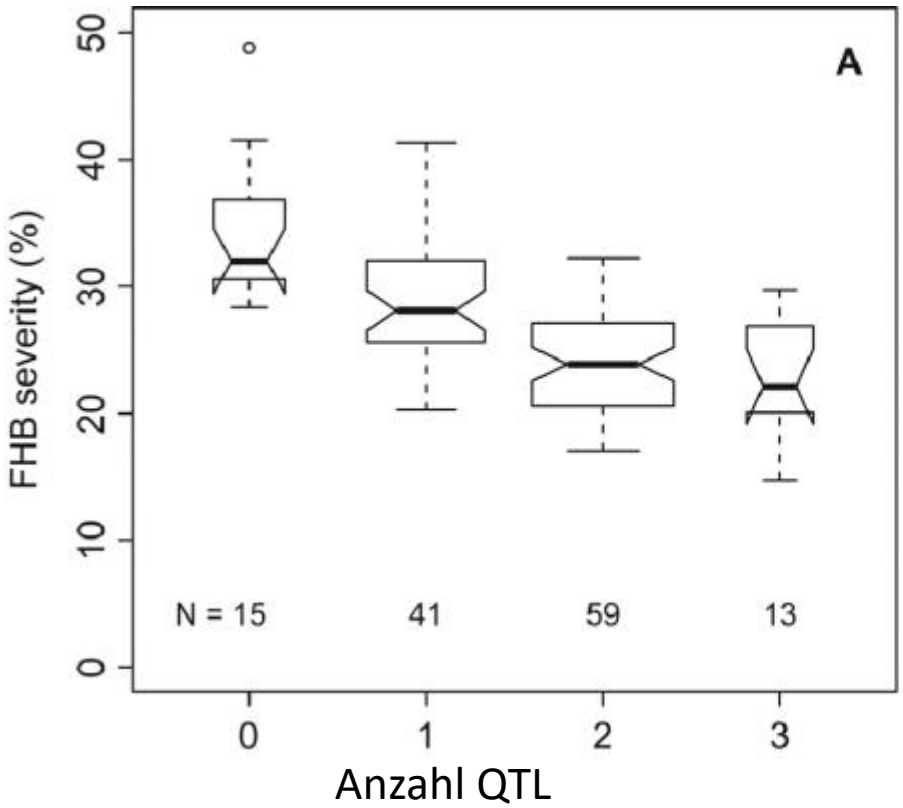


Gruner, Schmitt, Flath … Miedaner, 2020

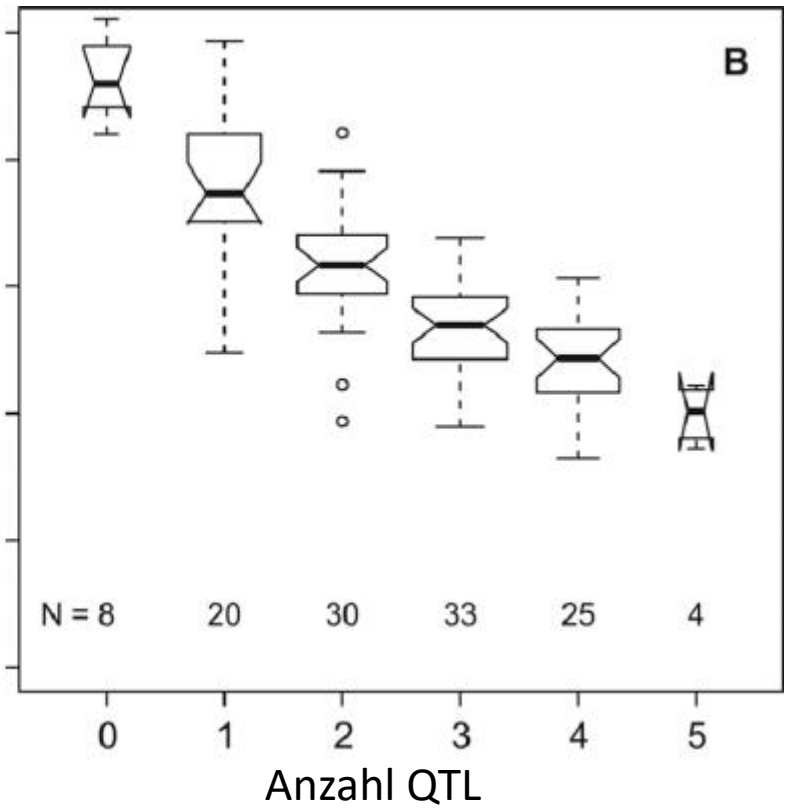
© mie2022

QTL-Effekte bei Resistenz gegen Ährenfusarium

A. Modus/Saka3006



B. Modus/Saka3008



=> Rekurrente Selektion sollte erfolgreich sein,
MAS eher schwierig

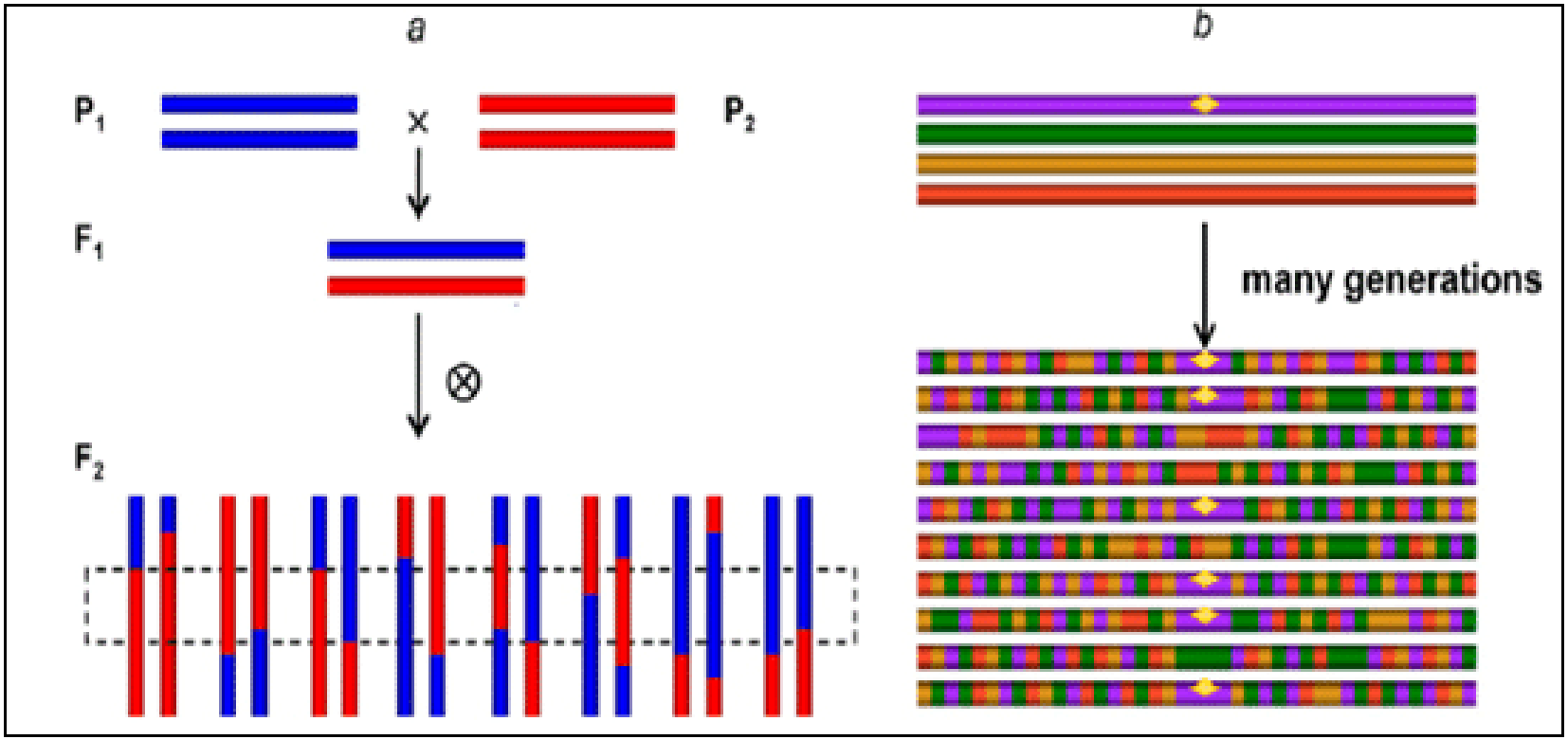
Kalih et al. 2015. Phytopathology 105:334-341

© mie2022

QTL vs. GWAS

QTL

GWAS



- Zeitaufwändige Erstellung (3-6 Jahre)
- Nur zwei Allele/Locus
- Geringe Auflösung

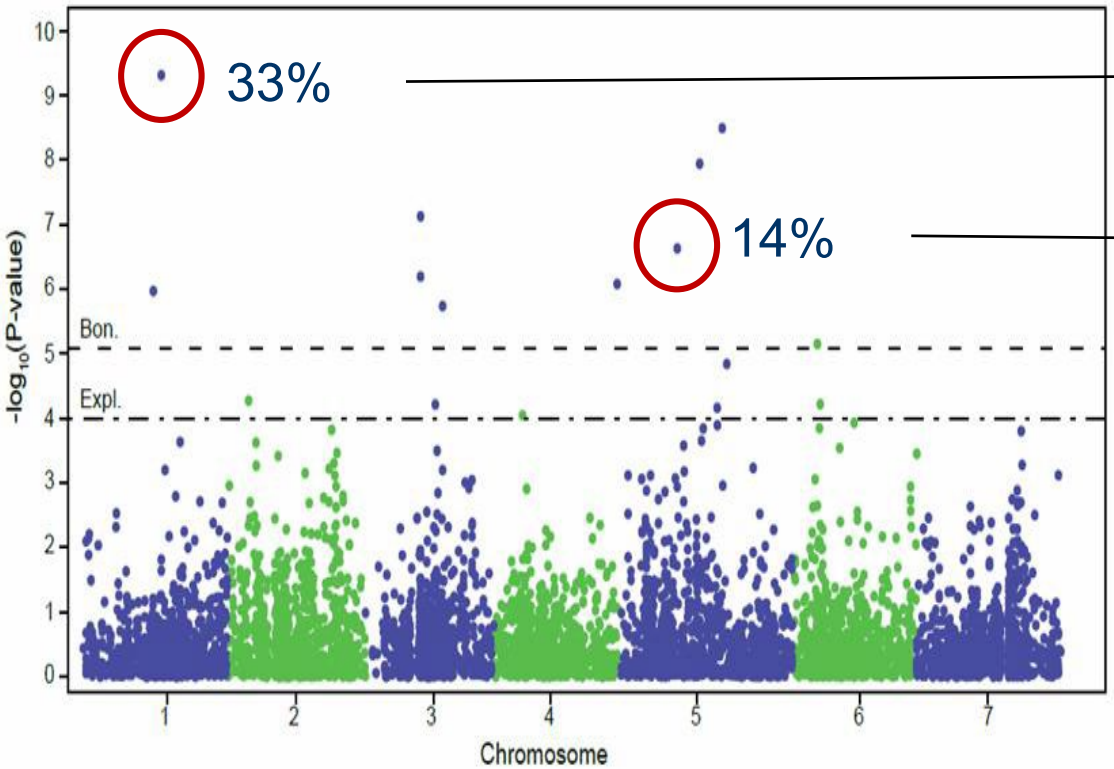
- Vorhandene Populationen
- Viele Allele/Locus
- Hohe Auflösung

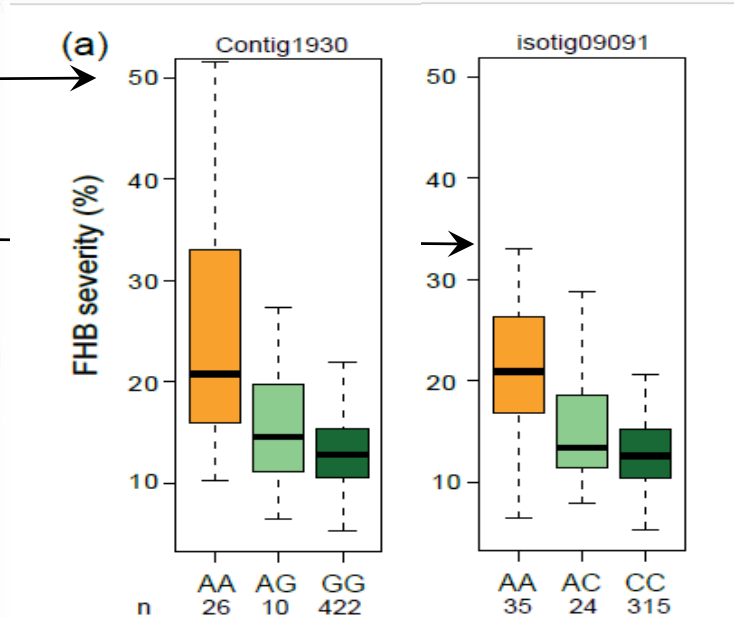
Zhu et al. 2008

© mie2022

GWAS: Resistenz gegen Ährenfusarium

465 S_1-Linien Winterroggen (*Secale cereale*)
Korrigiert für Populationsstruktur, ca. 10.000 SNPs



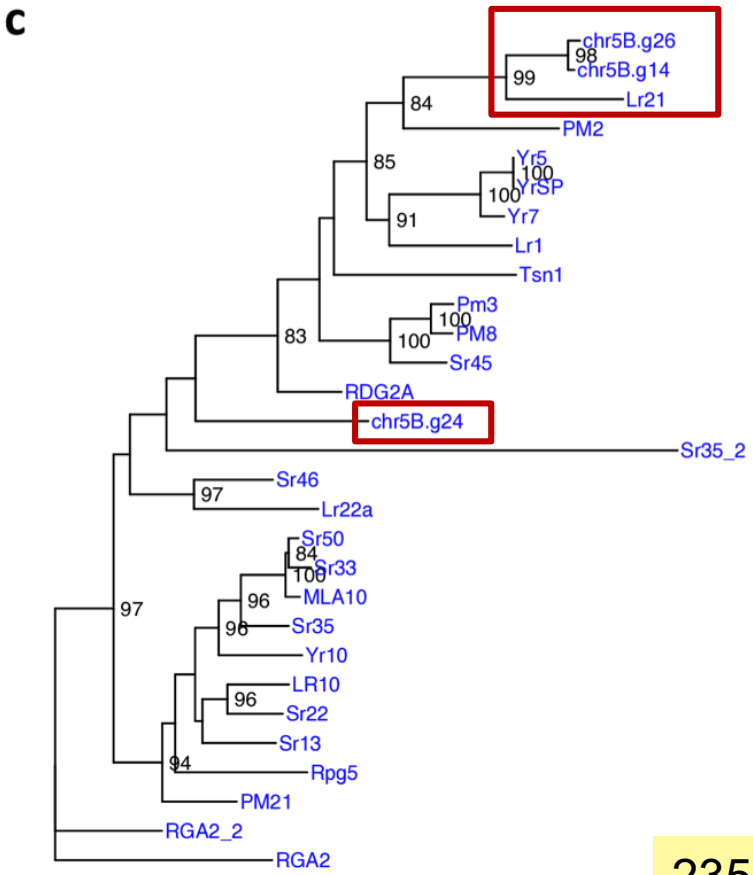


15 SNPs erklären zusammen **74%** genetische Variation
5 SNPs: >5%

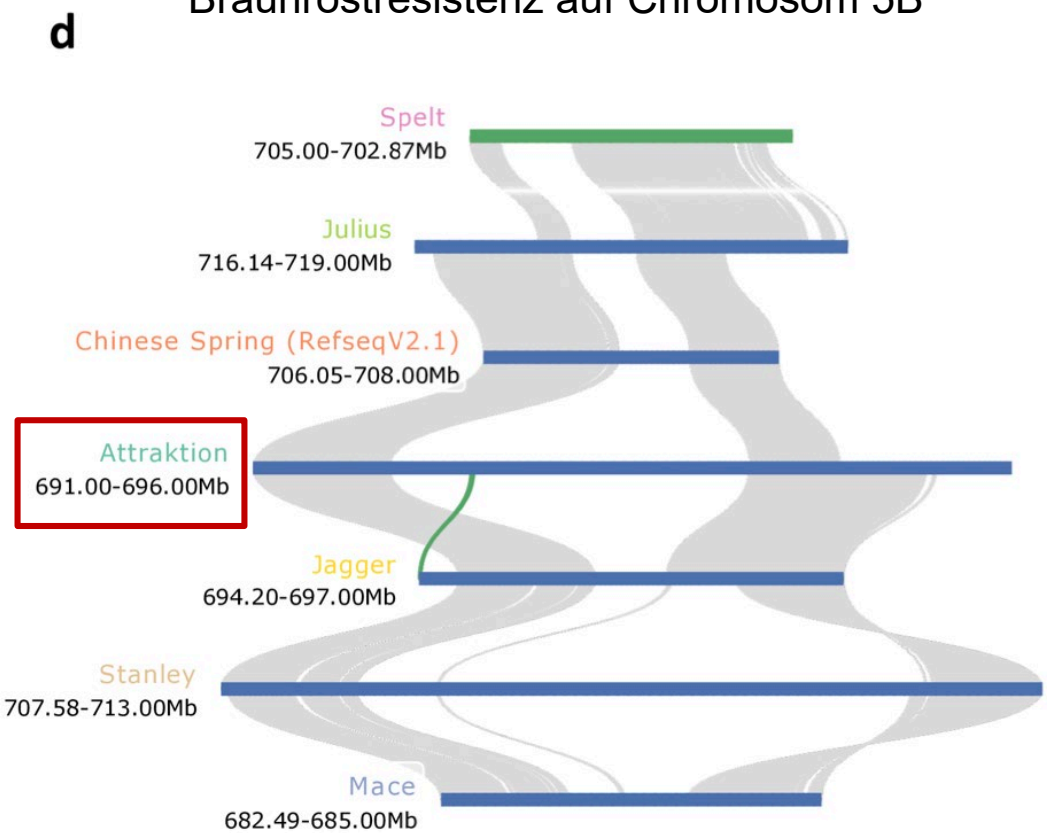
Gaikpa … Miedaner, 2020

© mie2022

GWAS + Sequenzierung



Braunrostresistenz auf Chromosom 5B

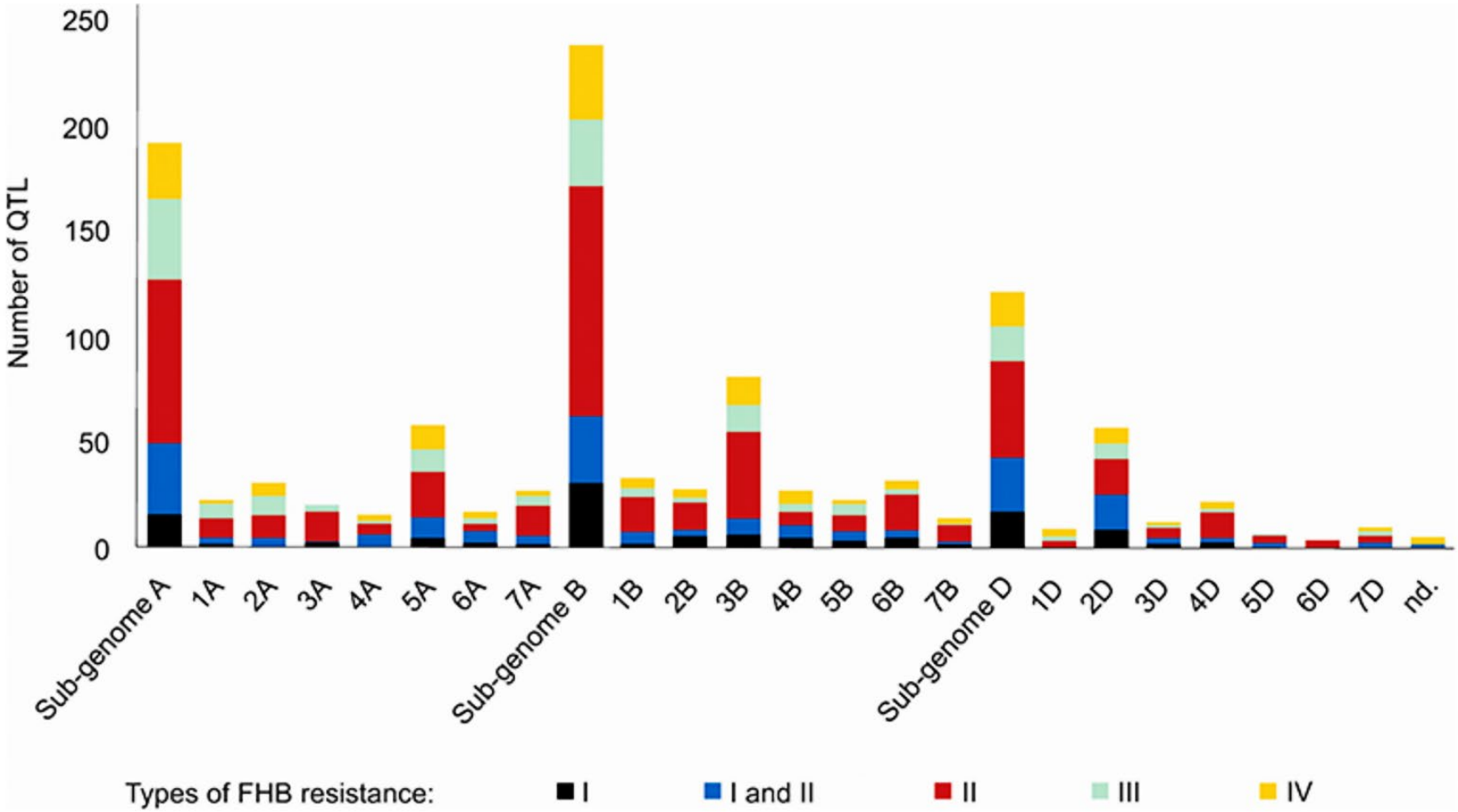


235 Genmodelle
= 13 davon NLRs (*NB-LRR related genes*)
= 3 Genmodelle, eines davon analog to *Lr21*
Kein wheat pangenome assembly zeigt diesen Locus
Fremde Introgression

Kale et al. (2022). *bioRxiv*. https://doi.org/10.1101/2022.01.26.477808

© mie2022

Es gibt sehr viele QTL – Weizen/Ährenfusarium

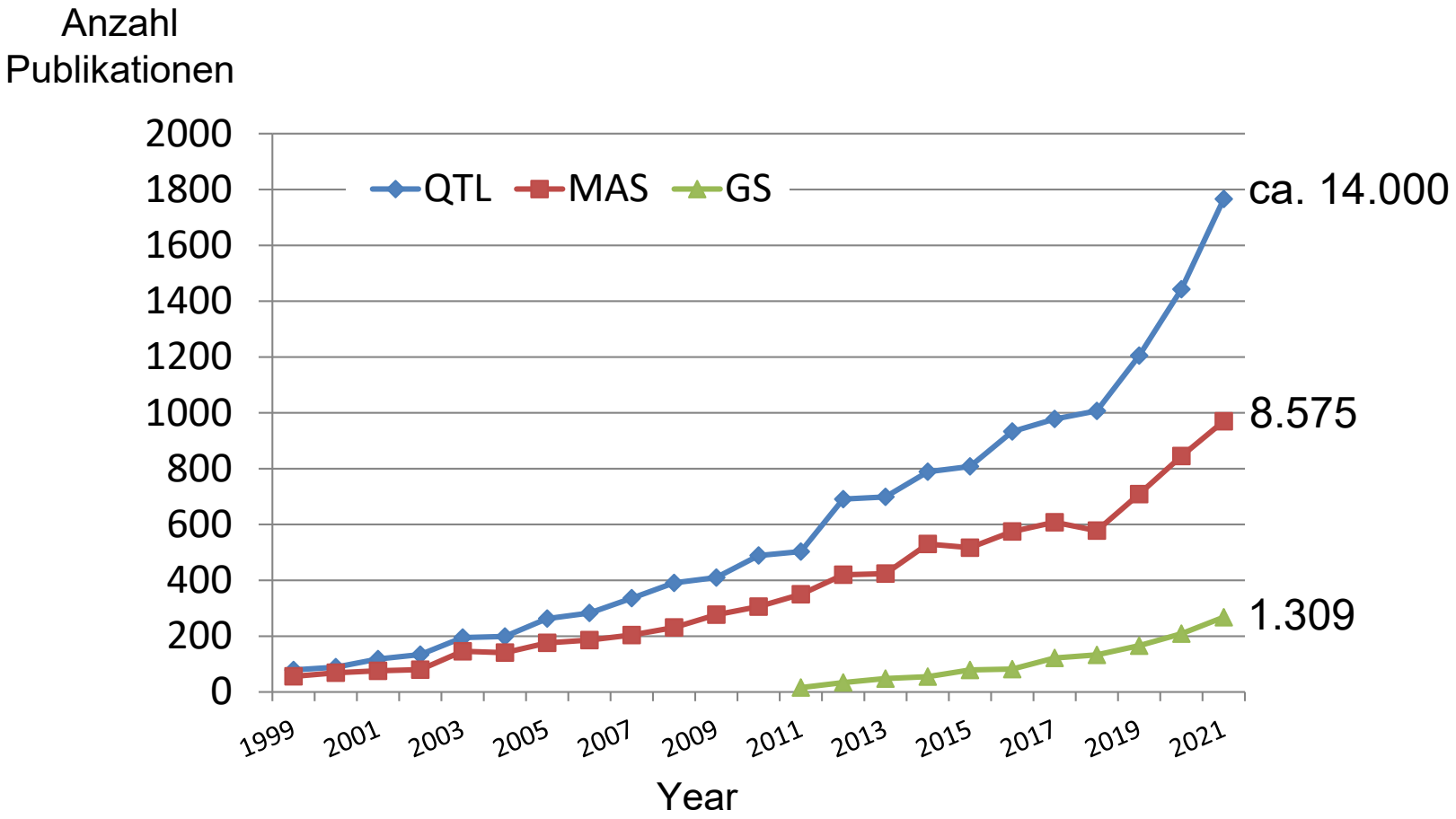


A total of 556 QTL, 65 meta-QTL, meta-QTL 1/chr. 3BS - 324 genes

© mie2022
Venske et al. 2019

Publizierte Arbeiten

Suchbegriff: Krankheitsresistenz bei Weizen und Gerste



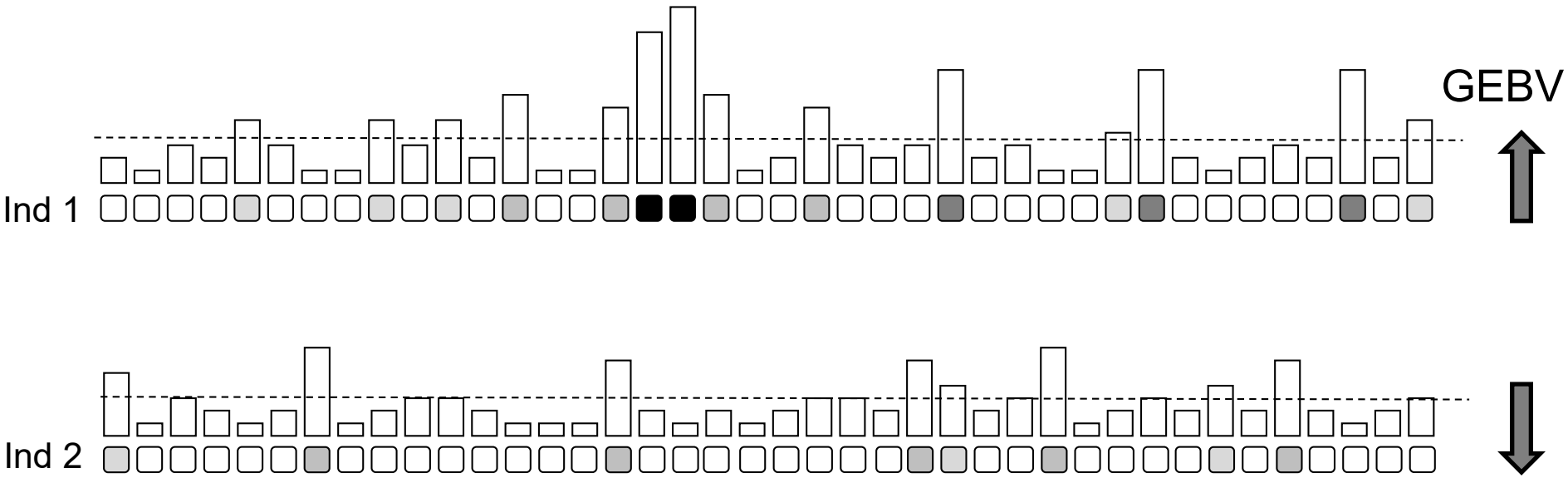
SCOPUS, 09-03-2022

QTL and (disease and resistance) and wheat or barley, ALL fields, all types

(Marker and assisted and selection) and (disease and resistance) and wheat or barley, ALL fields, ALL types

© mie2022

Genomische Selektion (GS) - Modell

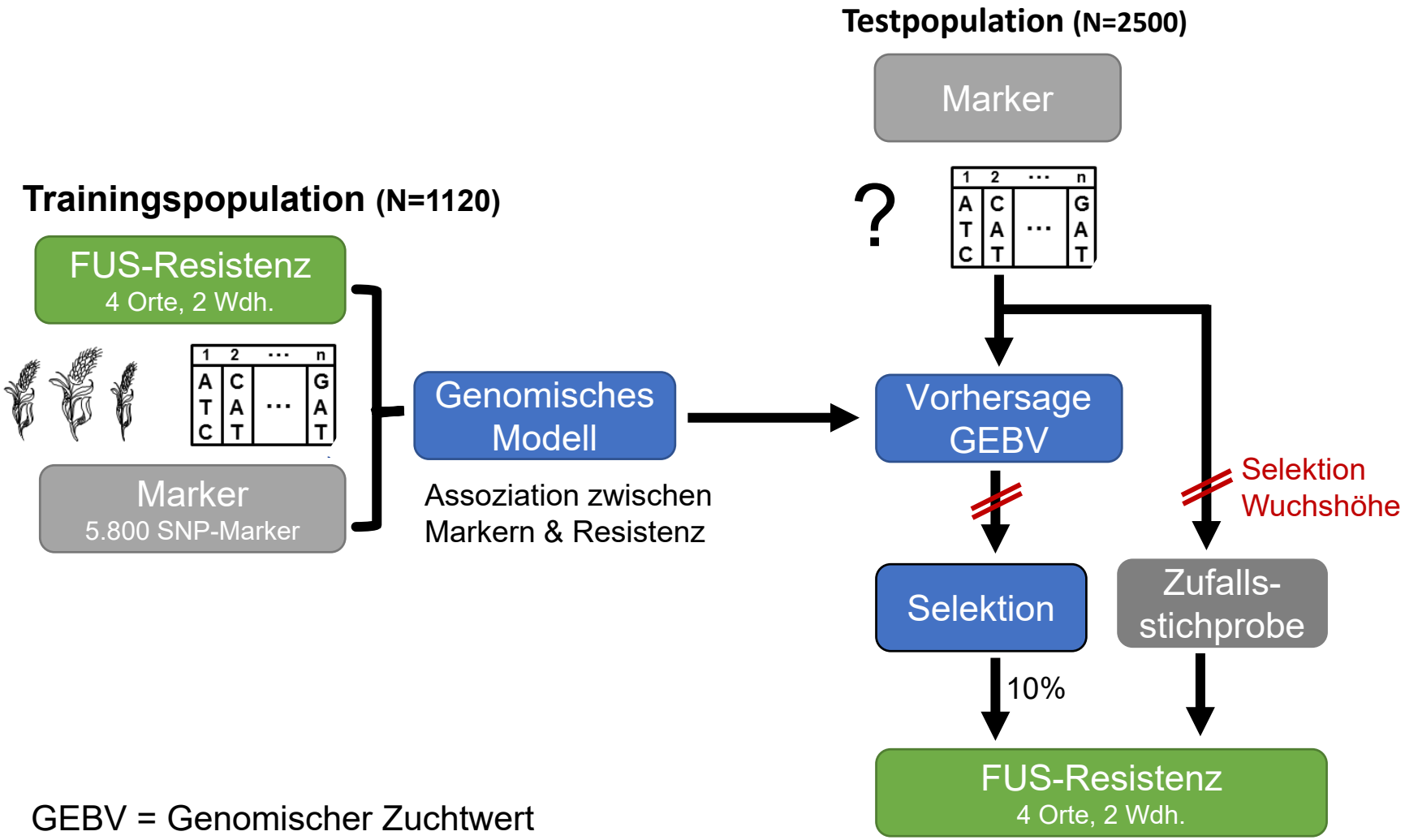


GEBV (GZW) = Genomischer Zuchtwert

Simianer 2007

© mie2022

Genomische Selektion (GS) ...

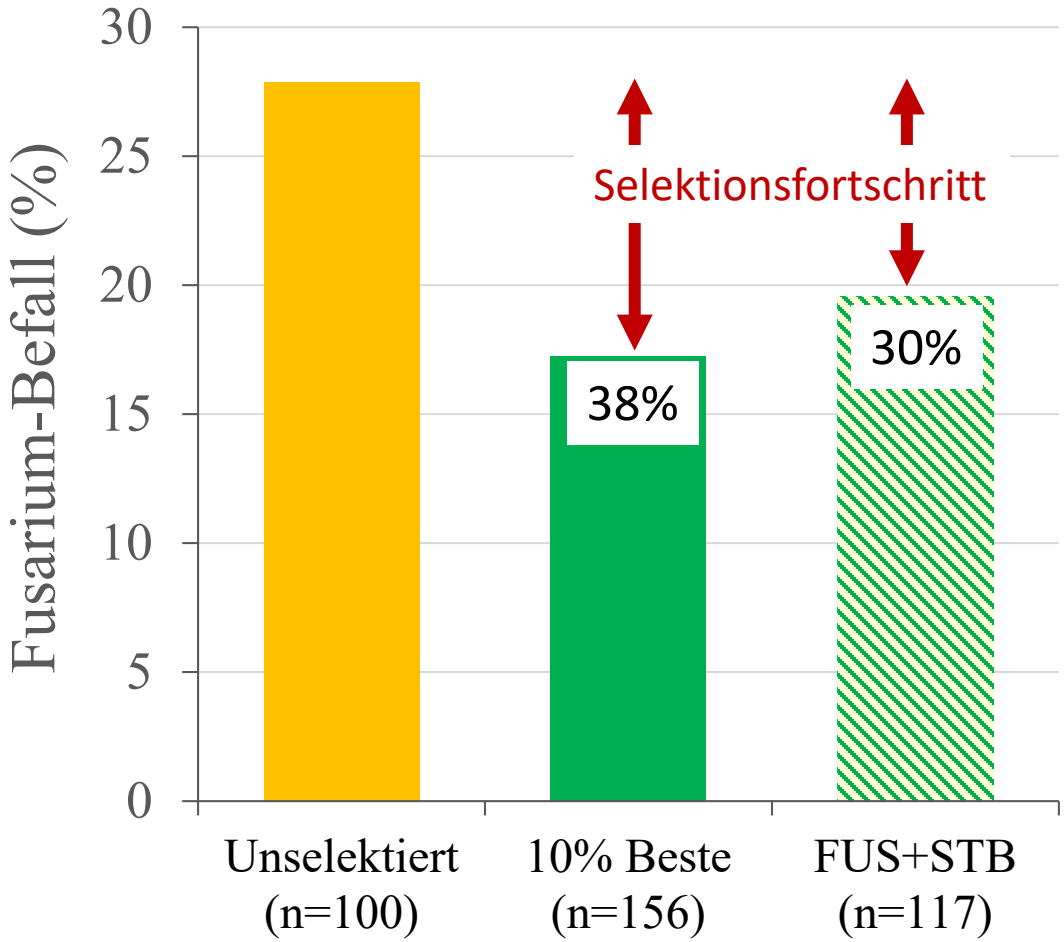


GEBV = Genomischer Zuchtwert

Nach Miedaner 2017

© mie2022

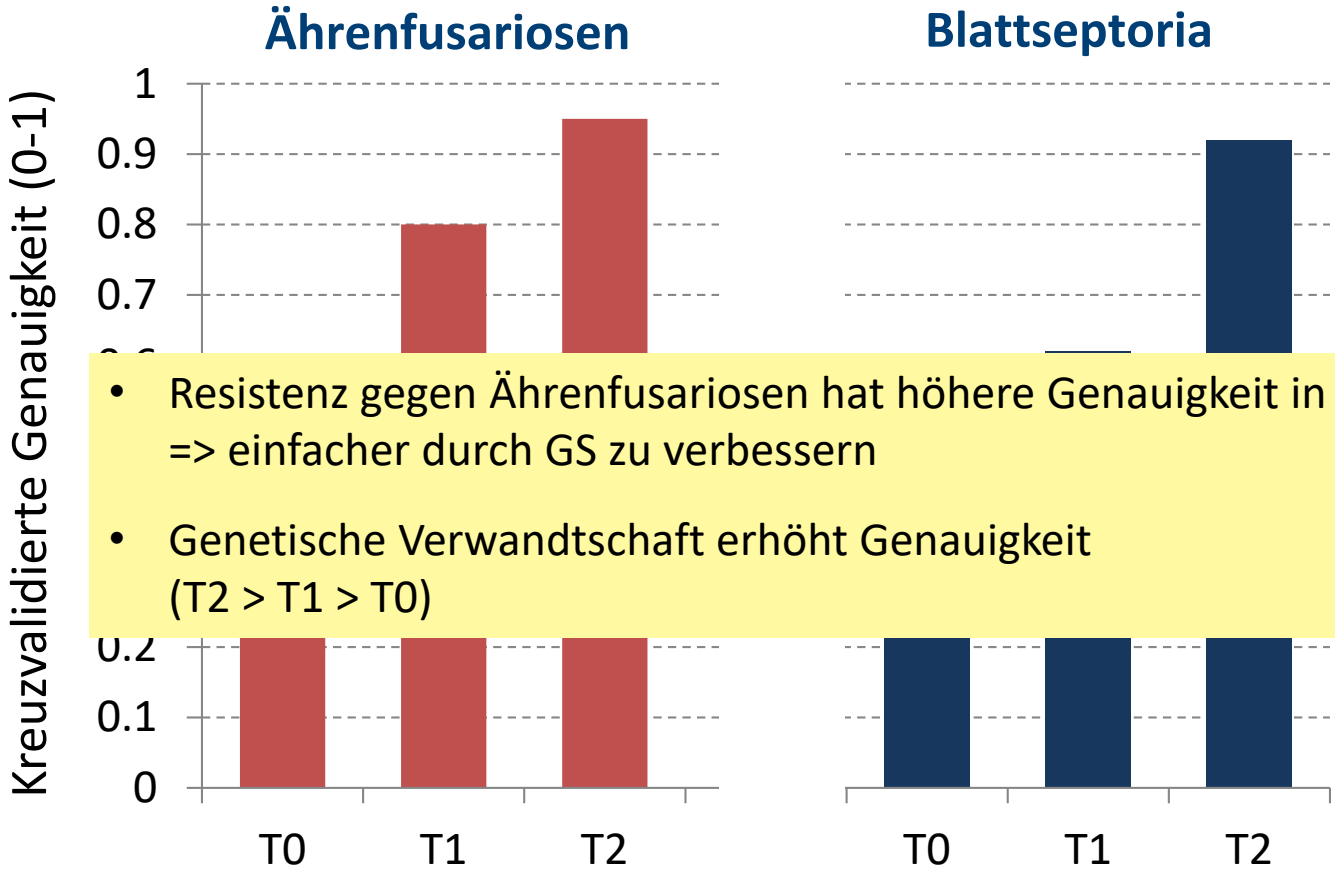
… und was dabei herauskam



Herter et al. 2019, verändert

© mie2022

Genomische Selektion: Fusarium *vs*. Septoria



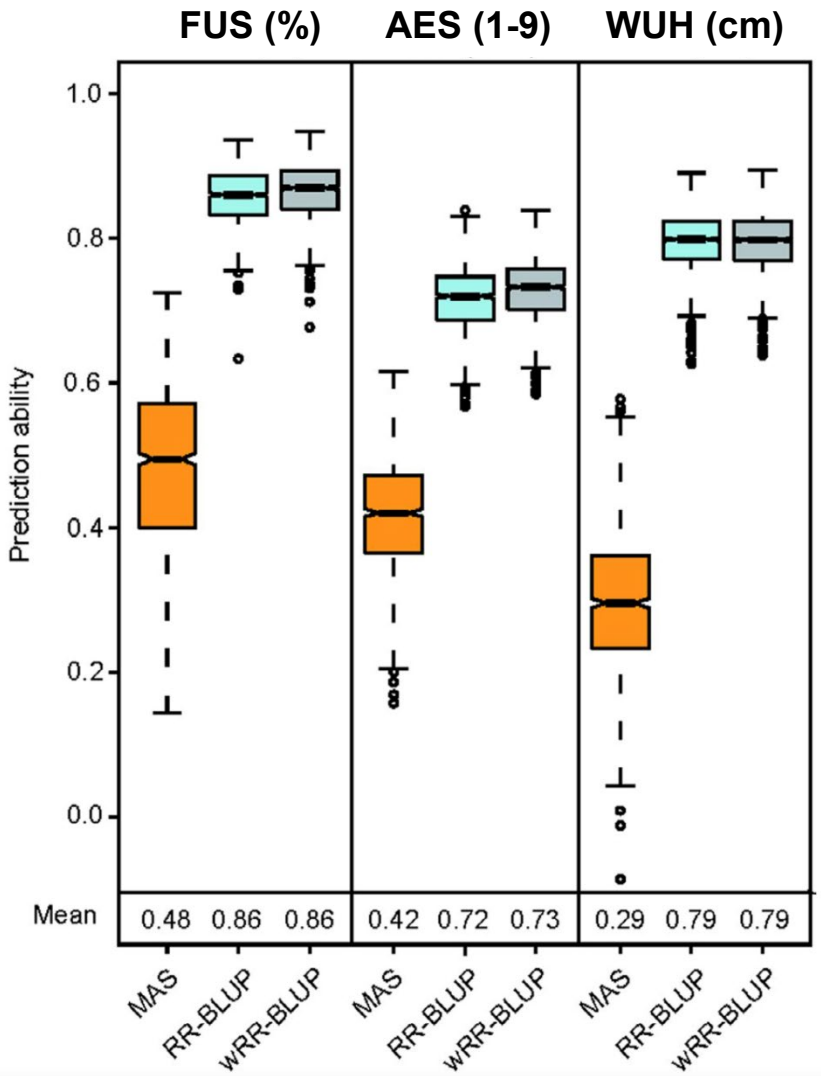
- Resistenz gegen Ährenfusariosen hat höhere Genauigkeit in T0 => einfacher durch GS zu verbessern
- Genetische Verwandtschaft erhöht Genauigkeit (T2 > T1 > T0)

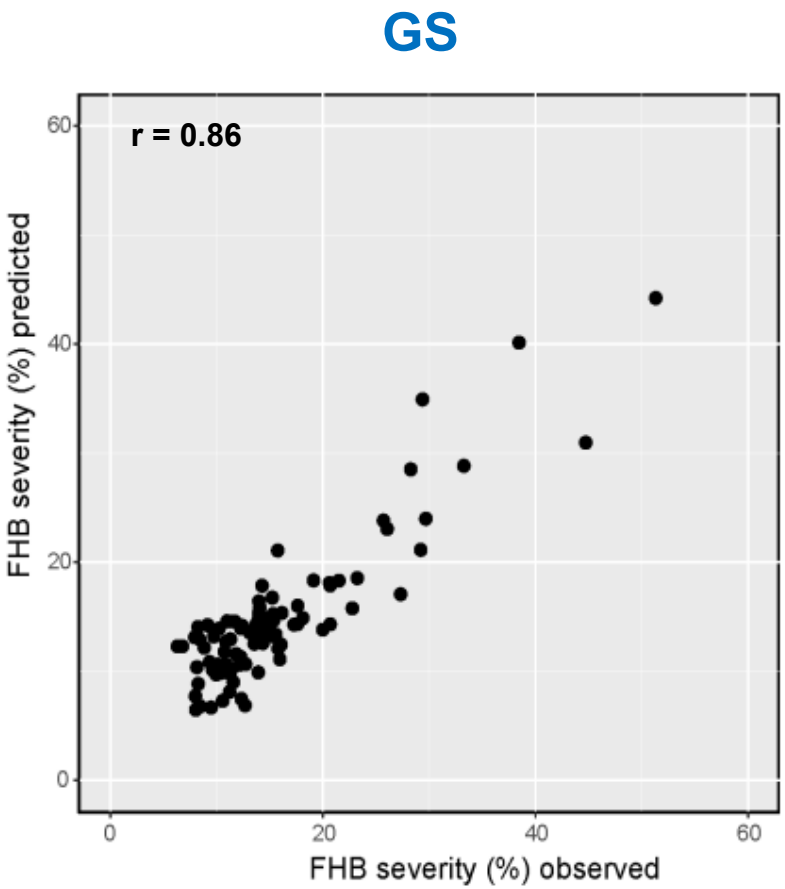
Trainingspopulation:
T0 – Hybriden ohne gemeinsame Linie ; T1 – Hybriden mit einer gemeinsamen Linie,
T2 – Hybriden mit beiden Elternlinien

Mirdita et al. BMC Genomics (2015) 16:430

© mie2018

Vergleich MAS und GS - Roggen





Gaikpa … Miedaner, 2020

© mie2022

Phänotypische Selektion (PS) + GS

Jahr	Technischer Verlauf		Selektion	Kommentare
1	< A × B >			Kreuzung
2	DH-L Produktion			DH-L Produktion+Vermehrung
		n		
3		*10.960*	DH-L	Test auf hochheritable Merkmale (PS)
		1096	GS	Markeranalyse und GS der DH-L auf Basis früherer Zyklen
4	*439*	DH-L	$I = b_p PS + b_g GS$	Kombination phänotypischer und genomischer Selektion

Legende:
- DH-L — Doppelhaploide Linien
- PS, GS — Phänotypische/genomische Selektion
- b_p, b_g — Gewichtung von PS/GS zur Indexselektion

=> Es können bei gleichem Budget 50% mehr Genotypen untersucht werden!

Wilde and Miedaner, 2021 (verändert)

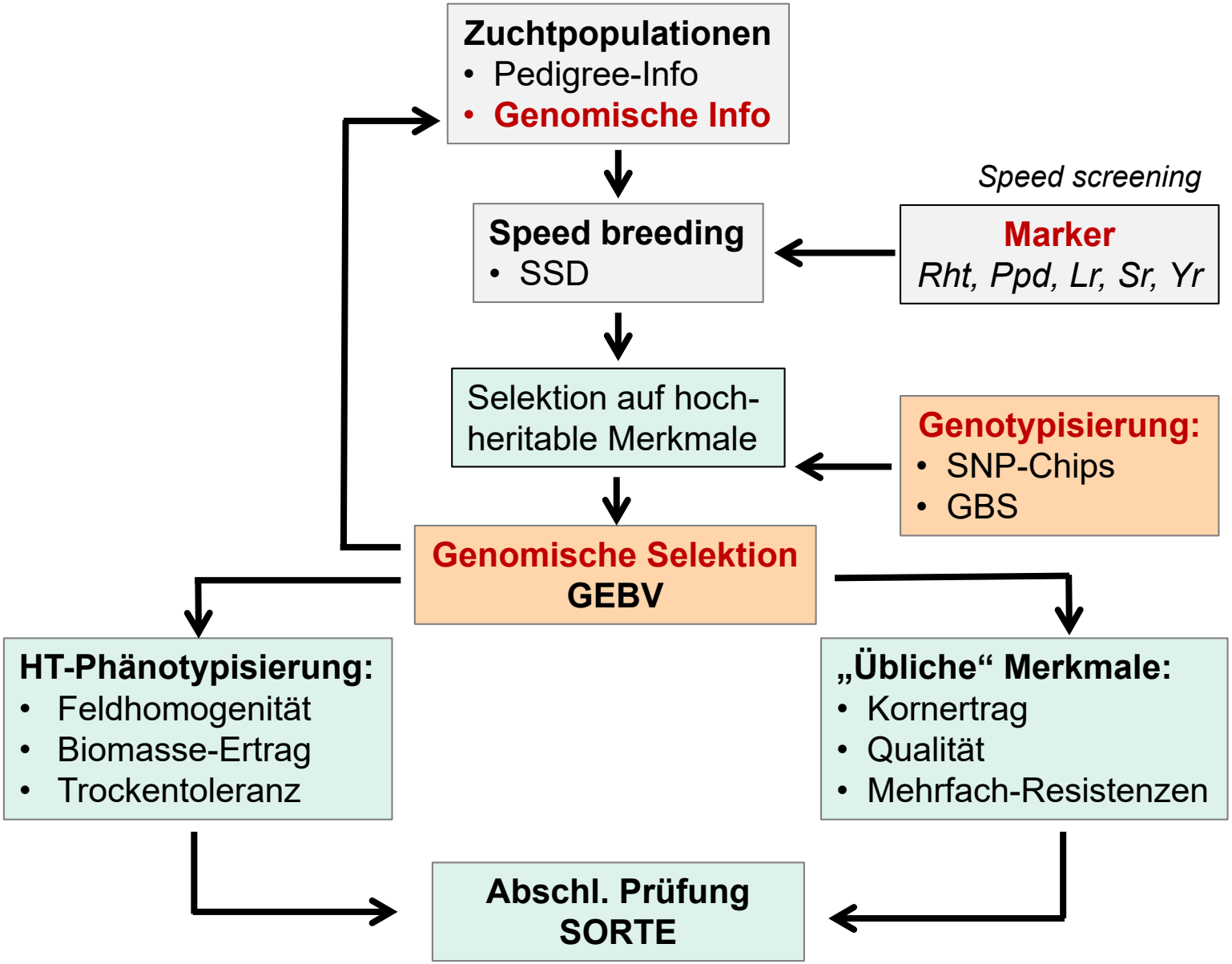
© mie2022

Voraussetzung & Erfolge für GS

- Trainingspopulationen müssen jährlich neu phänotypisiert werden
- Es werden ALLE Markereffekte selektiert
  (nicht nur die Größten wie bei MAS & GWAS)
- Geringere Kosten für Phänotypisierung
  => mehr Genotypen zum selben Preis
- Zeitgewinn, wenn ohne regelmäßige Phänotypisierung genomisch selektiert wird

© mie2022

Integration von (neuen) Techniken



© mie2022

Danksagung

UNIVERSITÄT HOHENHEIM

Paul Gruner
David Gaikpa
Cathérine P. Herter
Rasha Kalih

JKI

Kerstin Flath
Anne-Christin Schmitt
Philipp Schulz

HYBRO

KWS

Limagrain

strube

SECOBRA Saatzucht

Bundesministerium für Bildung und Forschung

PtJ Projektträger Jülich Forschungszentrum Jülich

Gefördert durch

Projektträger

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Bundesministerium für Wirtschaft und Klimaschutz

AiF

cornet

GFPi

© mie2022