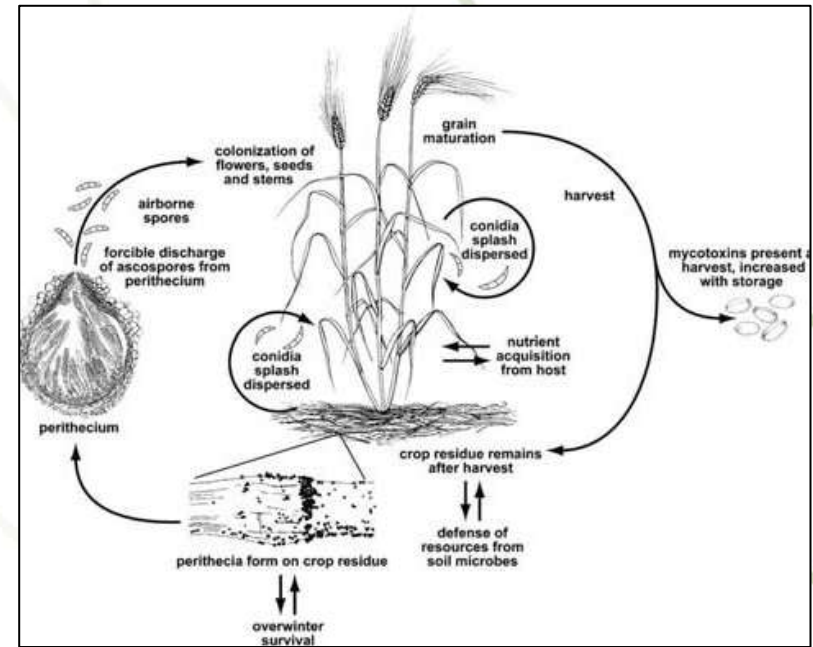


Havreforedling i den genomiske tidsalder - resistens mot fusarium, i havreforedling

Espen Sannes Sørensen

Aksfusariose

1. Flere arter *Fusarium* som infiserer alle kornslag.
2. Hovedarten i Norge heter *Fusarium graminearum* som produserer mycotoxinet DON.
3. Reduserer avling og kvalitet i kornet.
4. Trives i fuktig og temperert klima(20-26°C)
5. Sporer spres med vind og regn og overvintrer på planterester i jorda.
6. Høy risiko for infeksjon ved regn under blomstring, og økt mycotoxin produksjon ved langvarig regn etter modning.
7. Få sprøytemidler med høy effekt.



Resistens mekanismer

Aktiv resistens

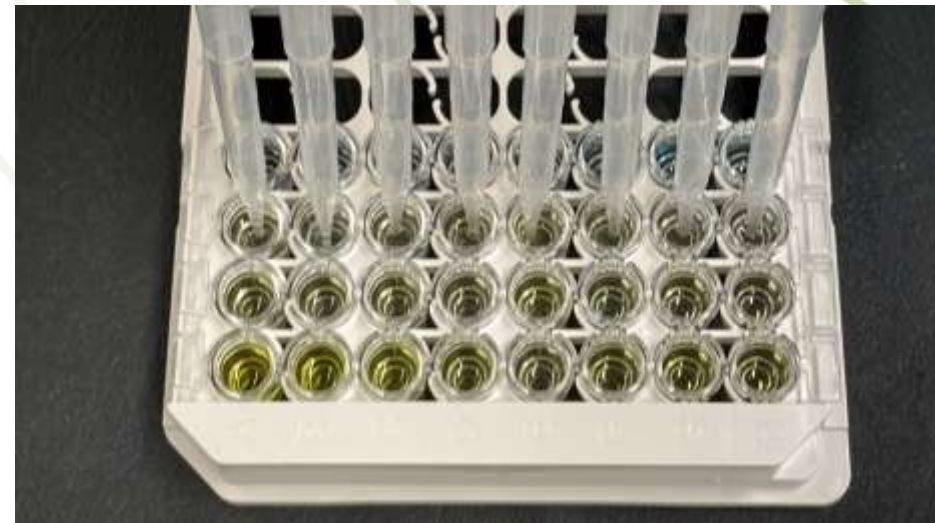
1. Infeksjon
2. Spredning
3. Korn skade
4. Mycotoxin dannelse
5. Avlingssvikt (Tolleranse)

Passiv resistens (Avoidance)

1. Plantehøyde
 2. Aksskyting tidspunkt
 3. Tidlighet
 4. Stråstivhet
- Høy grad av genotype x miljø samspill.
 - Kvantitativ egenskap. Mange gener med liten effekt.

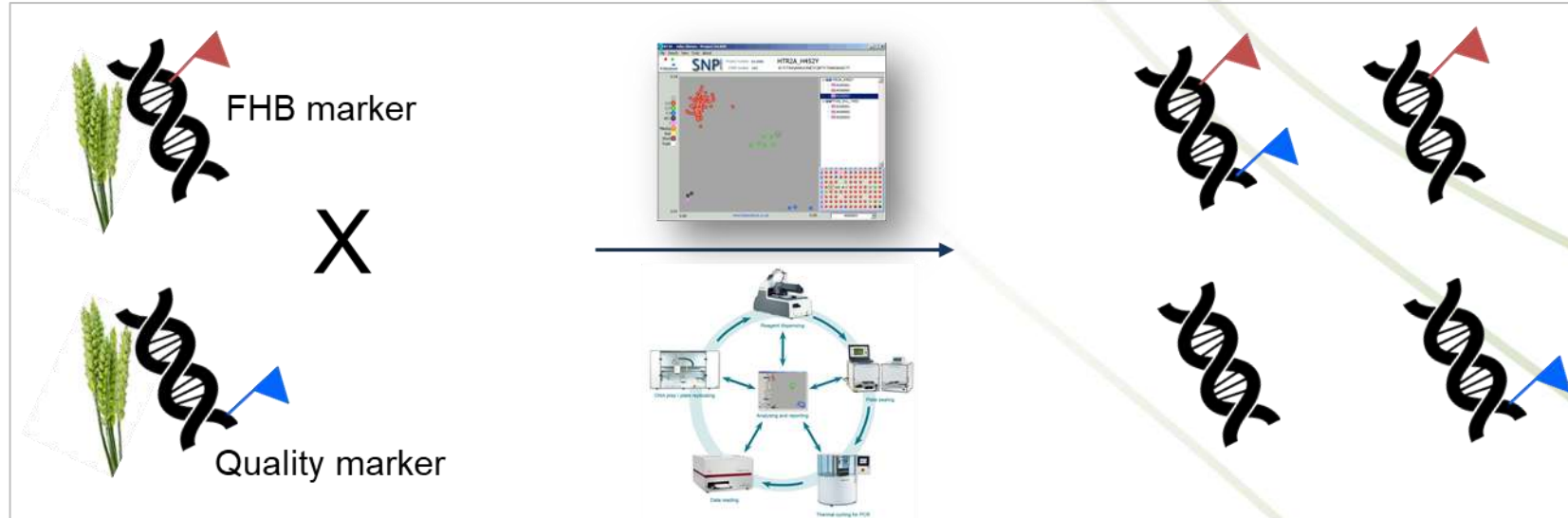


Foredling

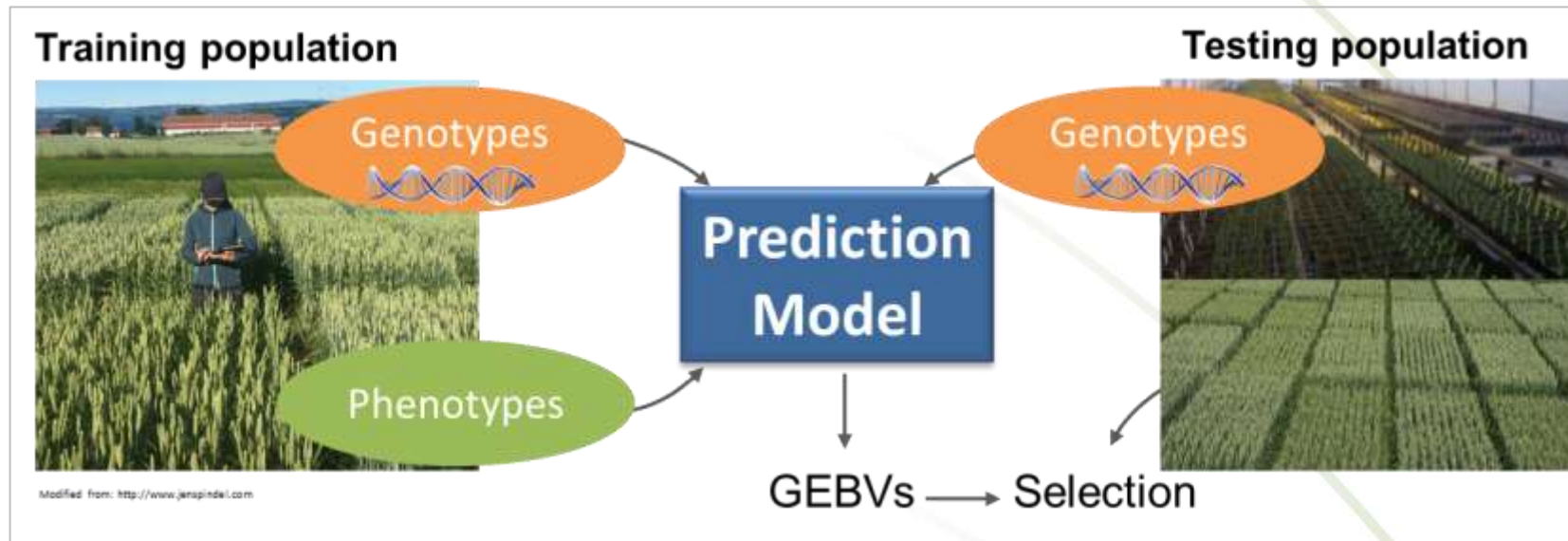


Genomisk seleksjon

MAS



GS

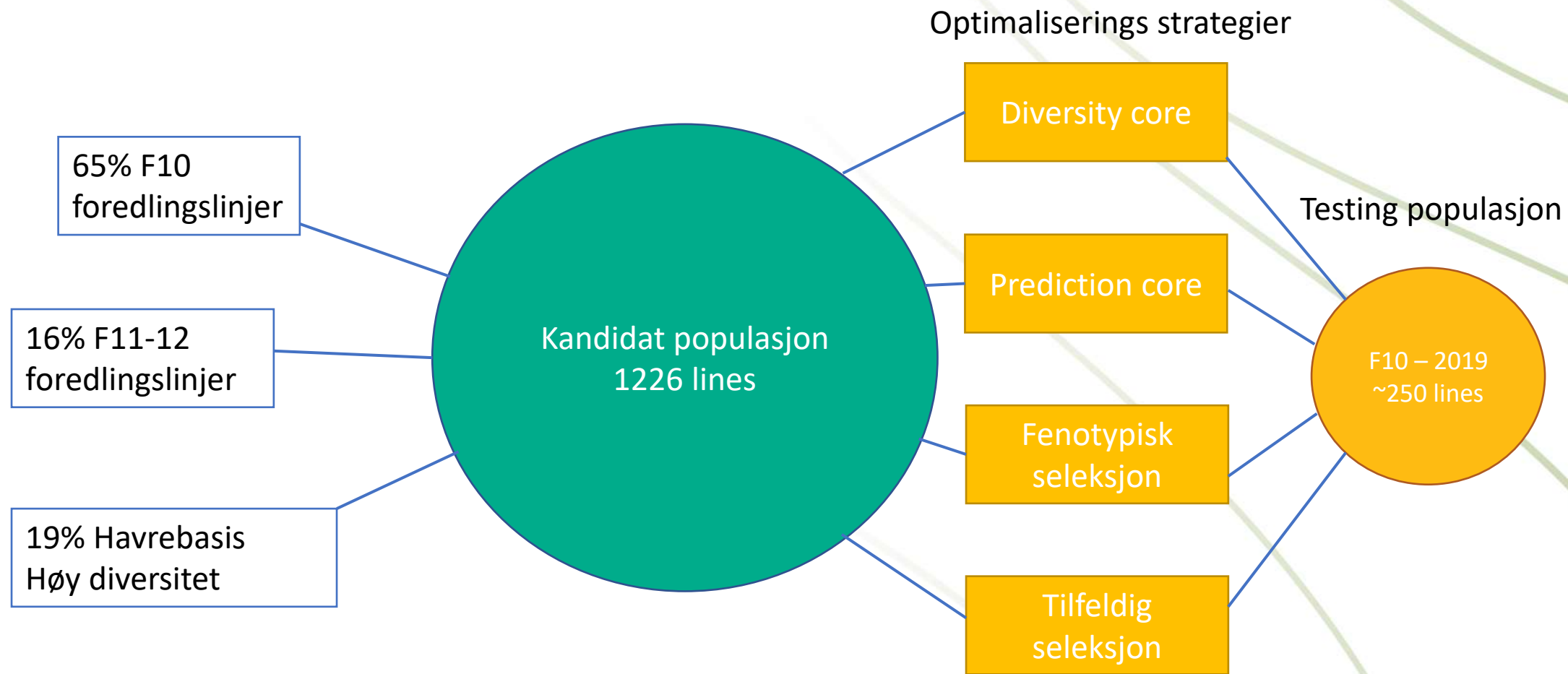


Doktorgrad 2018 – 2024

Hovedmål

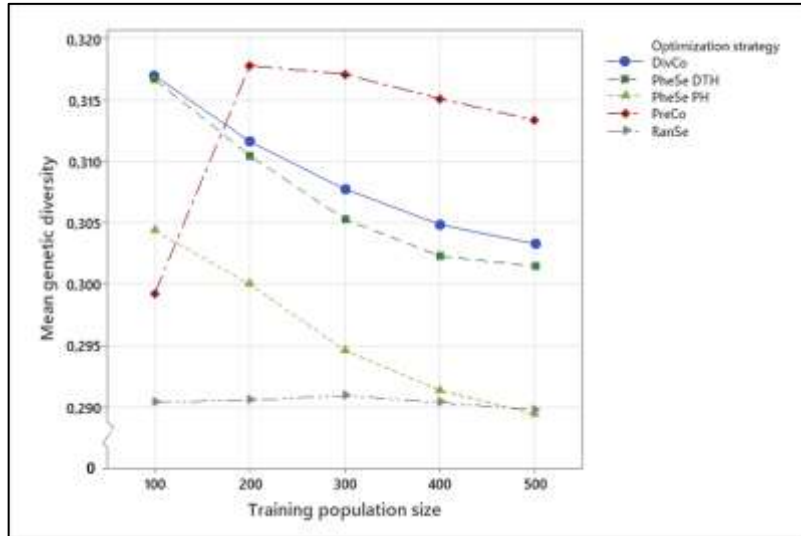
- **AP1:** Identifisere den beste strategien for å optimalisere en treningspopulasjon for genomisk seleksjon i havre.
- **AP2:** Identifisere regioner i havre genomet som er signifikant assosiert med Fusarium resistens.
- **AP3:** Utvikle modeller for å predikere Fusarium resistens, verifisere treffsikkerheten og bruke assosierte regioner til å forbedre modellene.

Arbeidspakke 1 – treningspopulasjon optimalisering

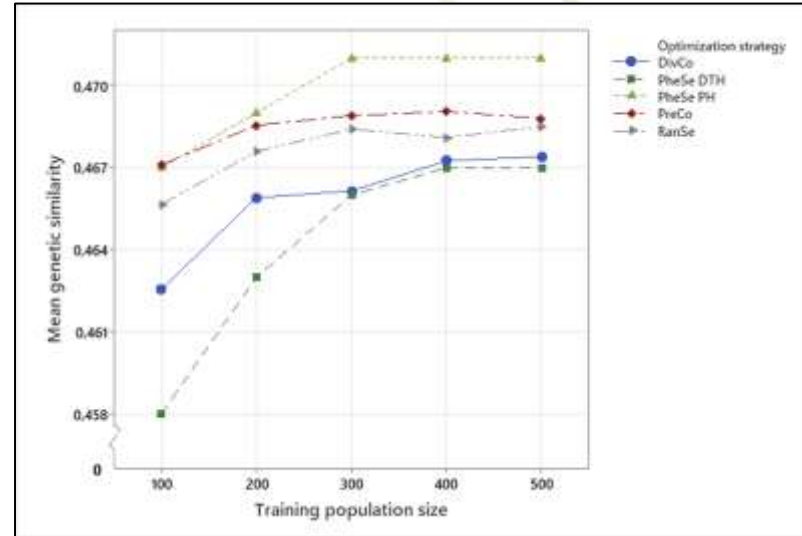


Optimaliserings kriterier

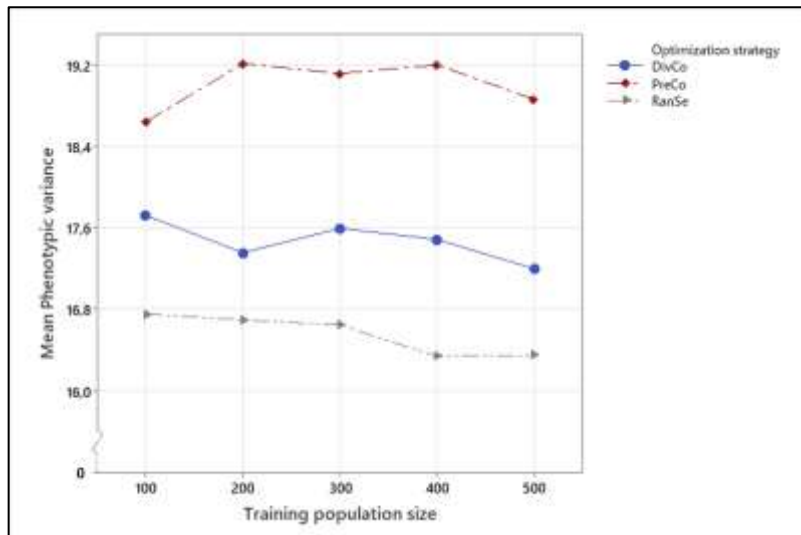
Genetisk variasjon



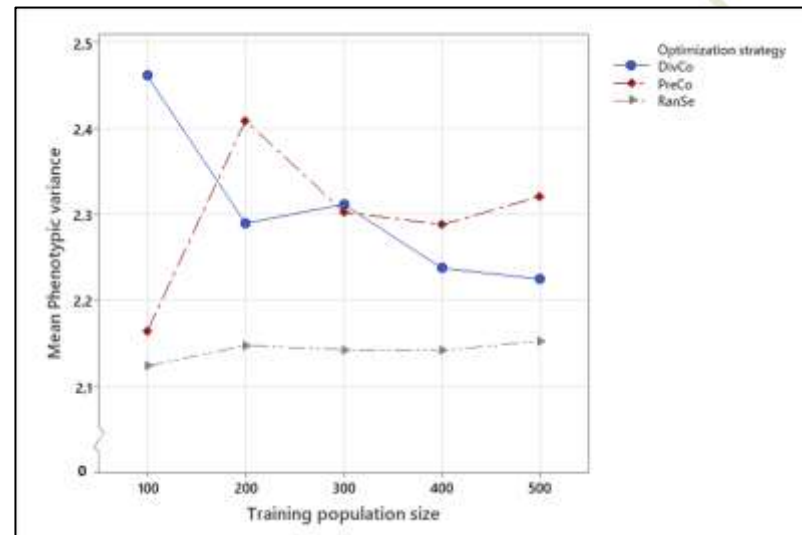
Genetisk likhet mellom trening og testing



Fenotypisk variasjon plantehøyde

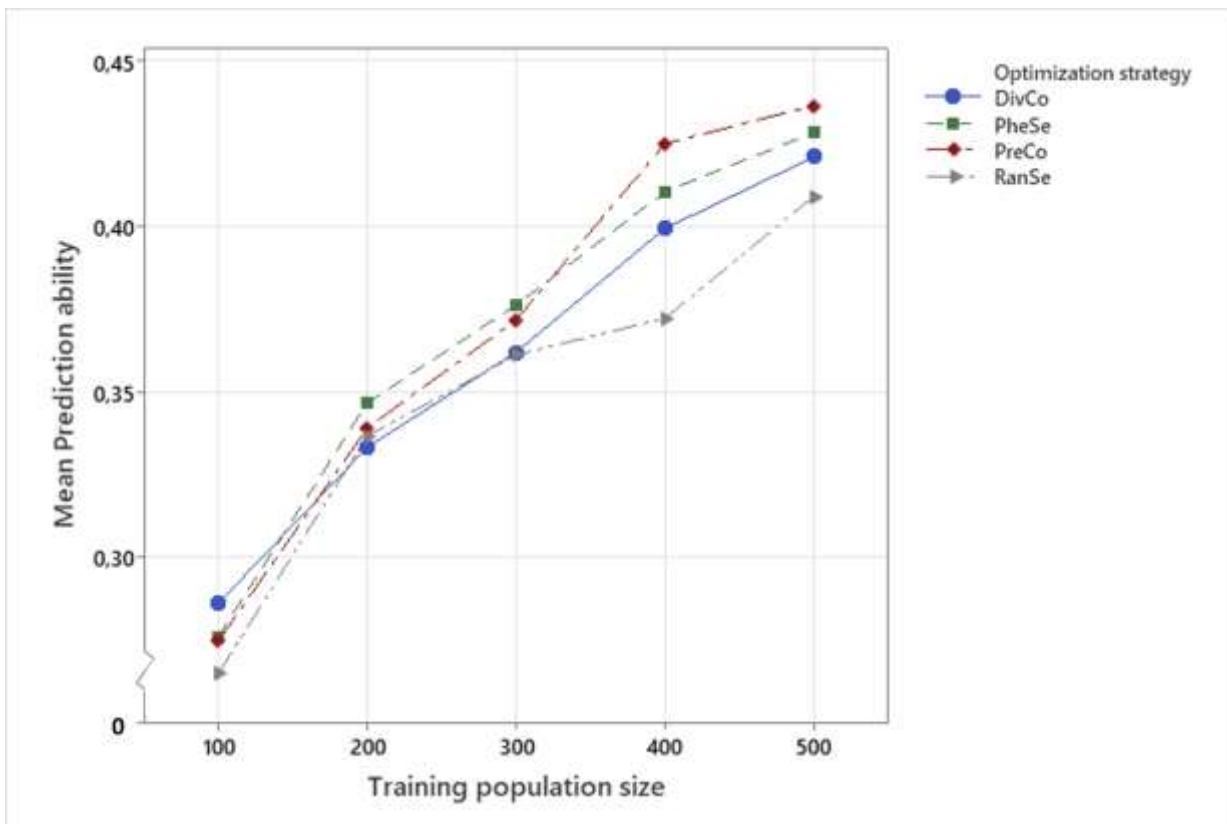


Fenotypisk variasjon aksskyting

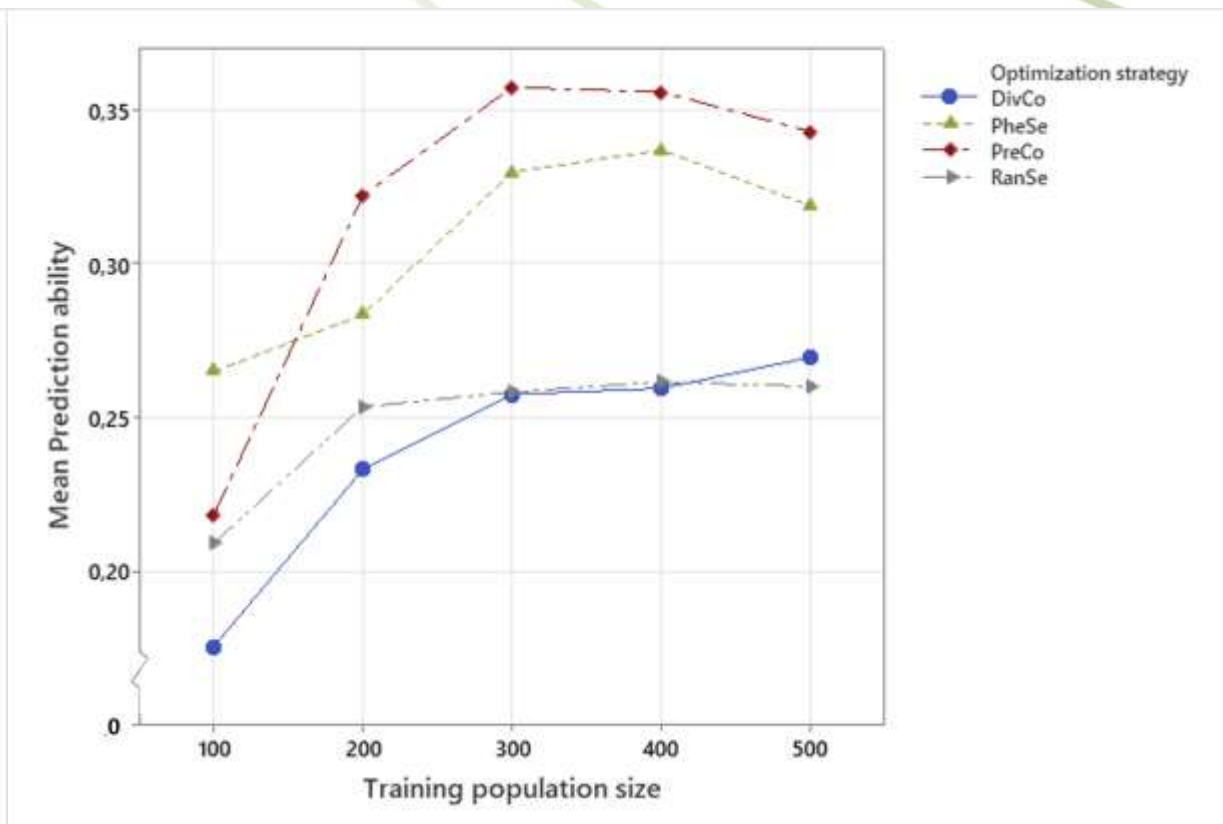


Treffsikkerhet

Aksskyting



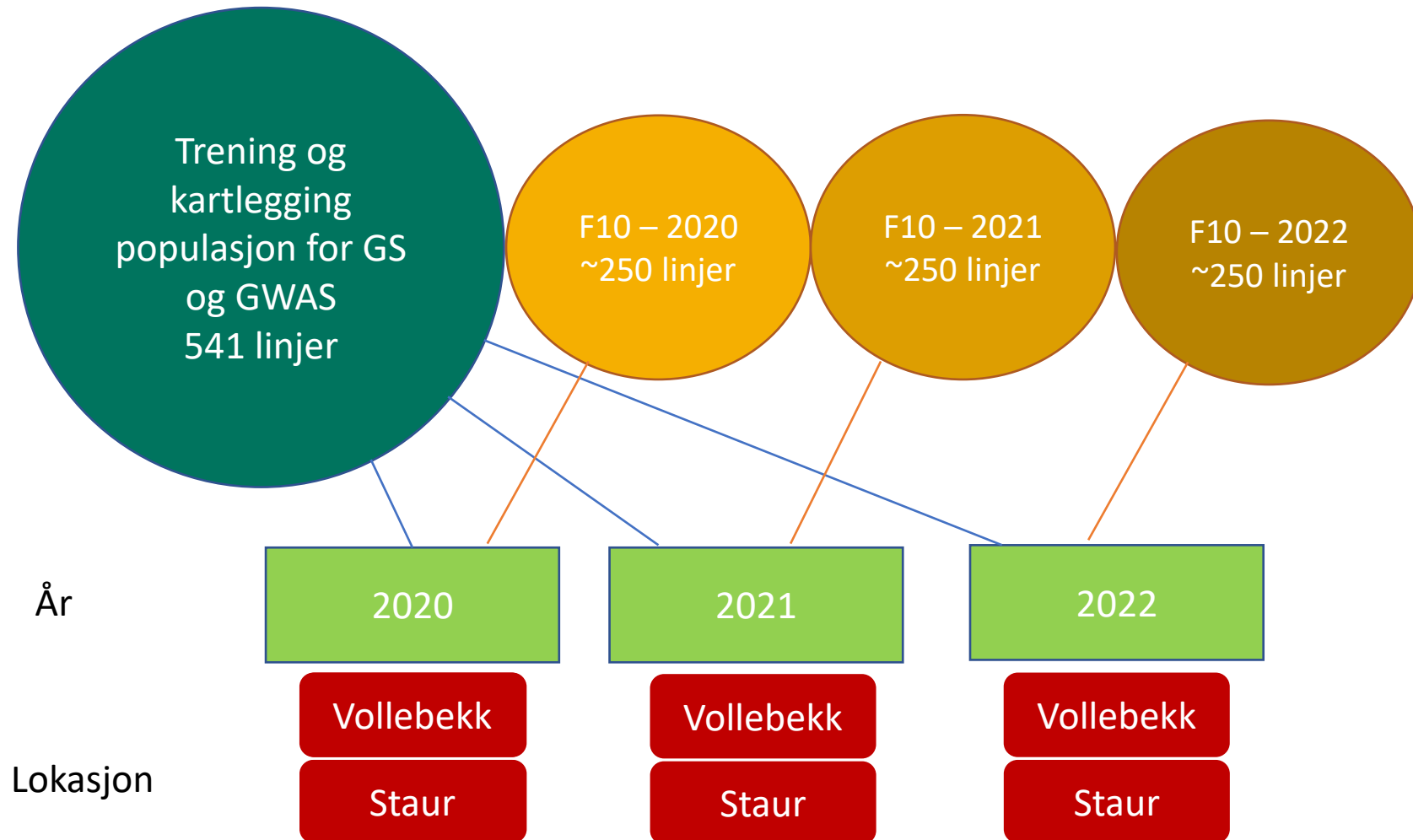
Plantehøyde



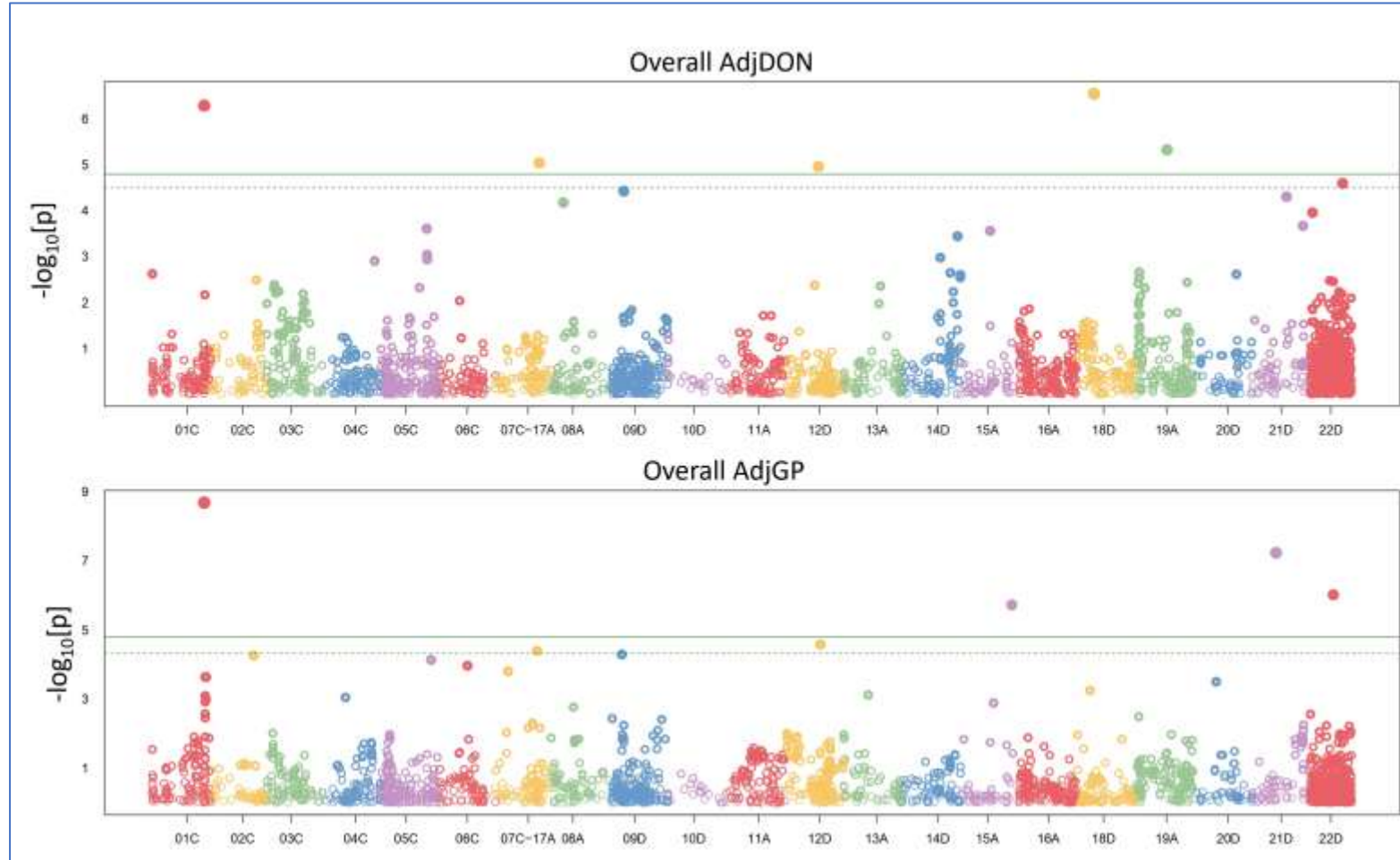
Konklusjon

- Prediction core strategien var den beste fordi den klarte å sørge for høy grad av genetisk likhet mellom trening og testing, samtidig som den bevarte en høy grad av genetisk og fenotypisk diversitet.
- Ulempen med metoden er at du må vite genetikken til det du skal predikere før du kan bruke den.
- Alle strategier var bedre enn tilfeldig seleksjon.

Arbeidspakke 2. Assosiasjons kartlegging.



Assosiasjons kartlegging



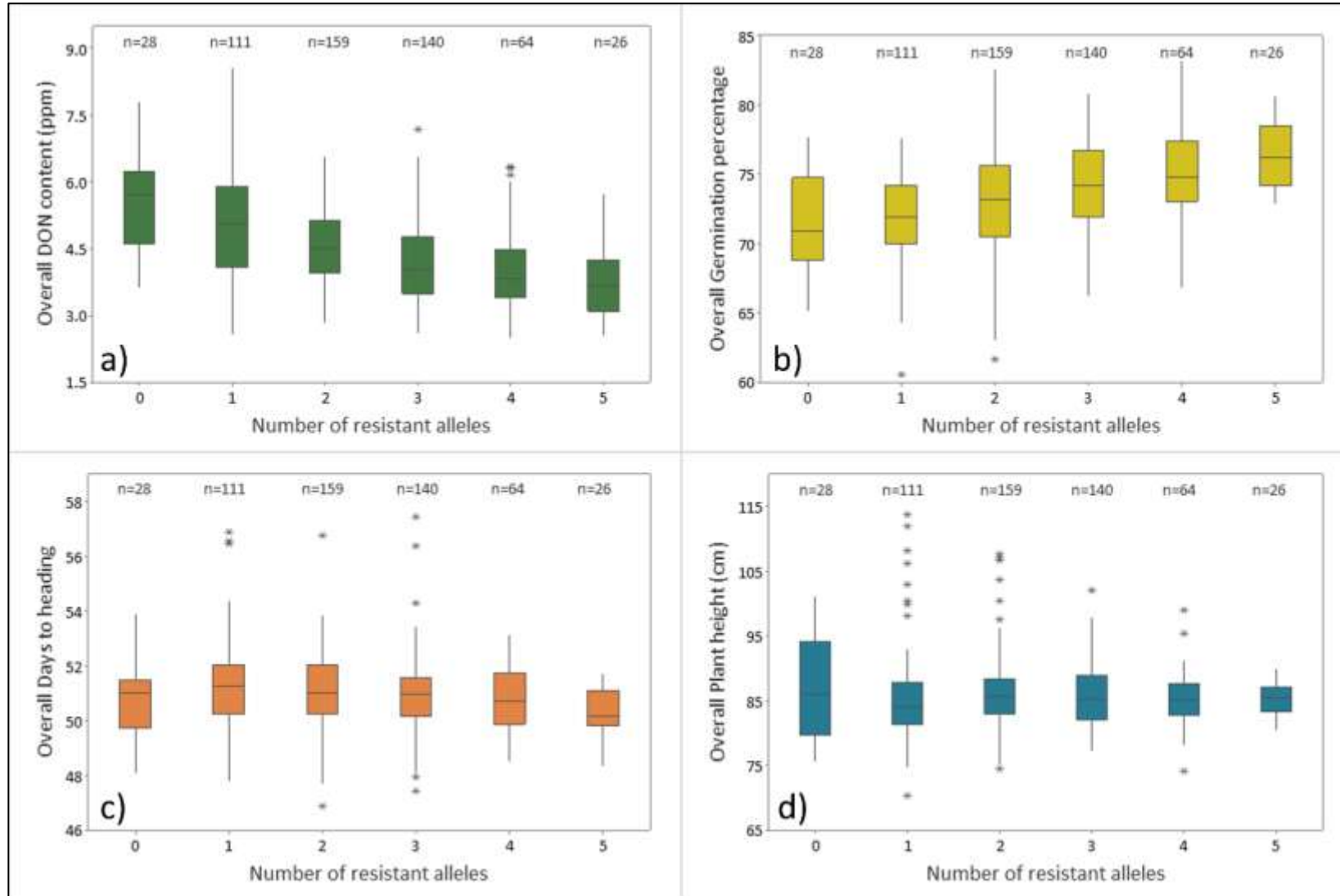
QTL områder

QTL/LG	Span(cM)	n-SNP	n-Exp	Trait	-LOG(p)	R-HT	R-HT tests	S-HT	S-HT tests
1C	89-92.8	4	3	GP & DON	3.84-14.22	ACAG	19/24	GTCA	10/24
2C	74.2	2	2	GP	3.86-6.04	TC	3/4	CA	3/4
5C-1	48.7-52.4	3	2	GP & DON	4.07-4.73	CAC	5/10	TGA	6/10
5C-2	86.6	1	1	GP	4.42	C	6/6	T	6/6
6C	48.7-65.3	2	2	GP	5.3-6.43	CA	2/3	CG	2/3
7C-17A-1	28.7-72	3	3	GP & DON	3.69-4.94	CGA	18/25	TGG	11/25
7C-17A-2	74.9	1	1	DON	4.32	G	1/1	A	1/1
9D	21.3-35.4	3	4	GP & DON	5.2-5.42	CTC	11/17	TCT	17/17
12D	51-61.1	3	2	GP & DON	4.15-4.93	GGC	19/23	TGT	12/23
15A	87.9	1	1	GP & DON	5.12	A	4/4	G	4/4
18D-1	25-45.9	3	3	DON	4.8-6.54	AGT	10/10	GTC	10/10
18D-2	97.7-99.5	2	2	GP & DON	4.33-4.87	TG	4/5	CG	3/5
19A	30-54.1	2	2	DON	5.11-5.31	AA	3/5	CG	3/5
20D	39.6-70.9	2	2	GP	4.09	TG	4/9	CT	5/9
21D	41.9-87.8	4	3	GP & DON	4.02	AACC	10/13	AACT	5/13

Validering

QTL	20S	20V	21S	21V	22S	22V	Mean	V1	V2	V3
DON										
1C	-8	-5	-8	-6	-24***	-11*	-12*	-43	31	-14
7C-17A-1	-17	-31*	-18	-26	-29*	-19*	-23**	-32	-6	-33***
9D	-22***	-19***	-14**	-14**	-19***	-12***	-16***	-16	-17	-15*
12D	-15	-26**	-19*	-8	-22**	-15**	-17***	NA	-15	-14
18D-1	-9	-9*	-11**	-15**	-14**	-13***	-12***	-2	-16*	-14**
Spire%										
1C	1.8	0.1	1.1	1.1	6.9***	7.9***	3.1***	1.5	-1.8	5.6
7C-17A-1	2.2	2.9	0.1	3.8*	4.9	9.4***	4.2***	4.0	0.6	12.2
9D	2.9***	0.9	0.5	-0.2	3.1*	2.7**	1.6***	0.5	2.0	4.6*
12D	5.3***	0.6	-0.1	-0.7	3.7*	4.2**	2.1***	NA	2.7	5.2
18D-1	2.4**	0.7	0.2	0.1	2.9**	3.2***	1.6***	-0.2	2.2*	4.9**

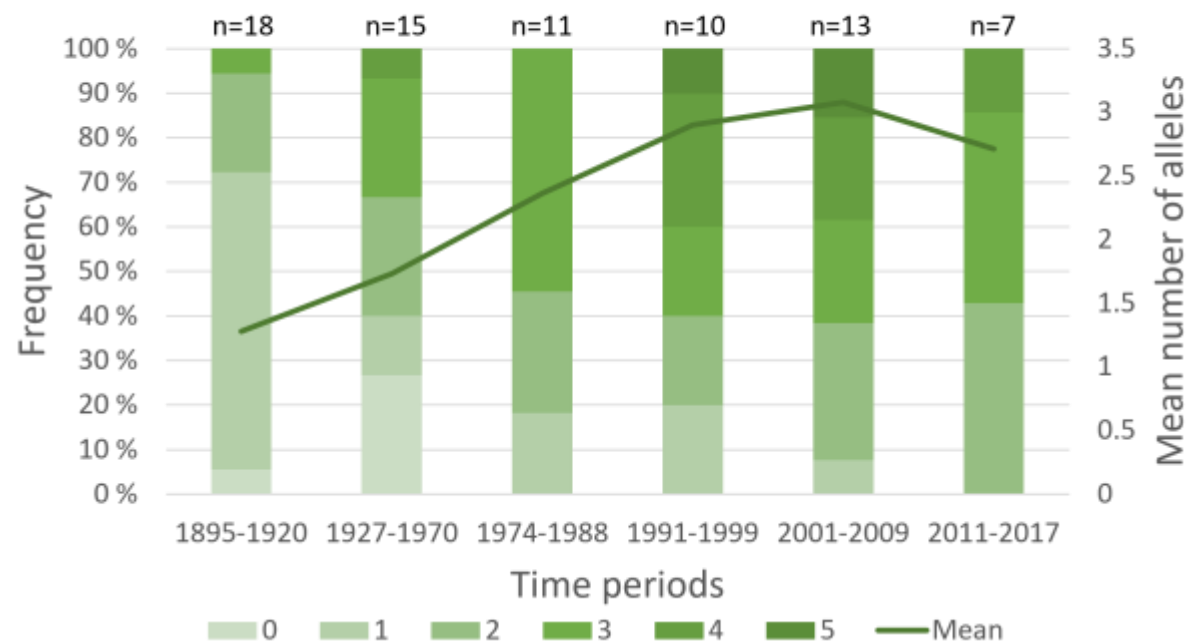
Allele stacking



Historiske sorter

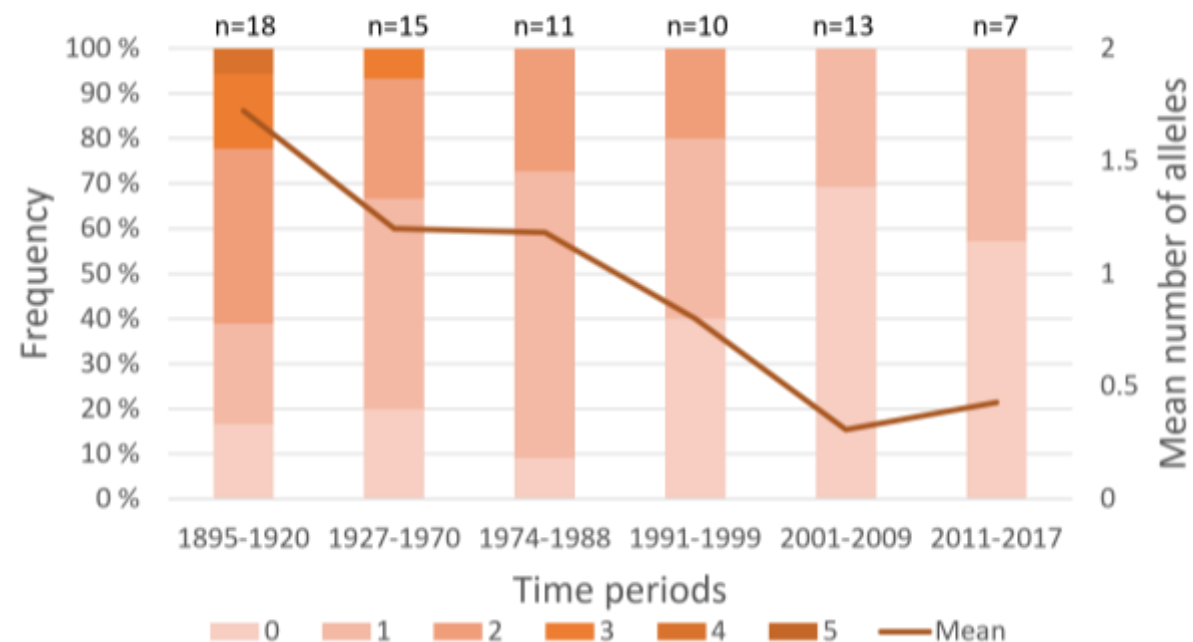
Resistant alleles

(a)



Susceptible alleles

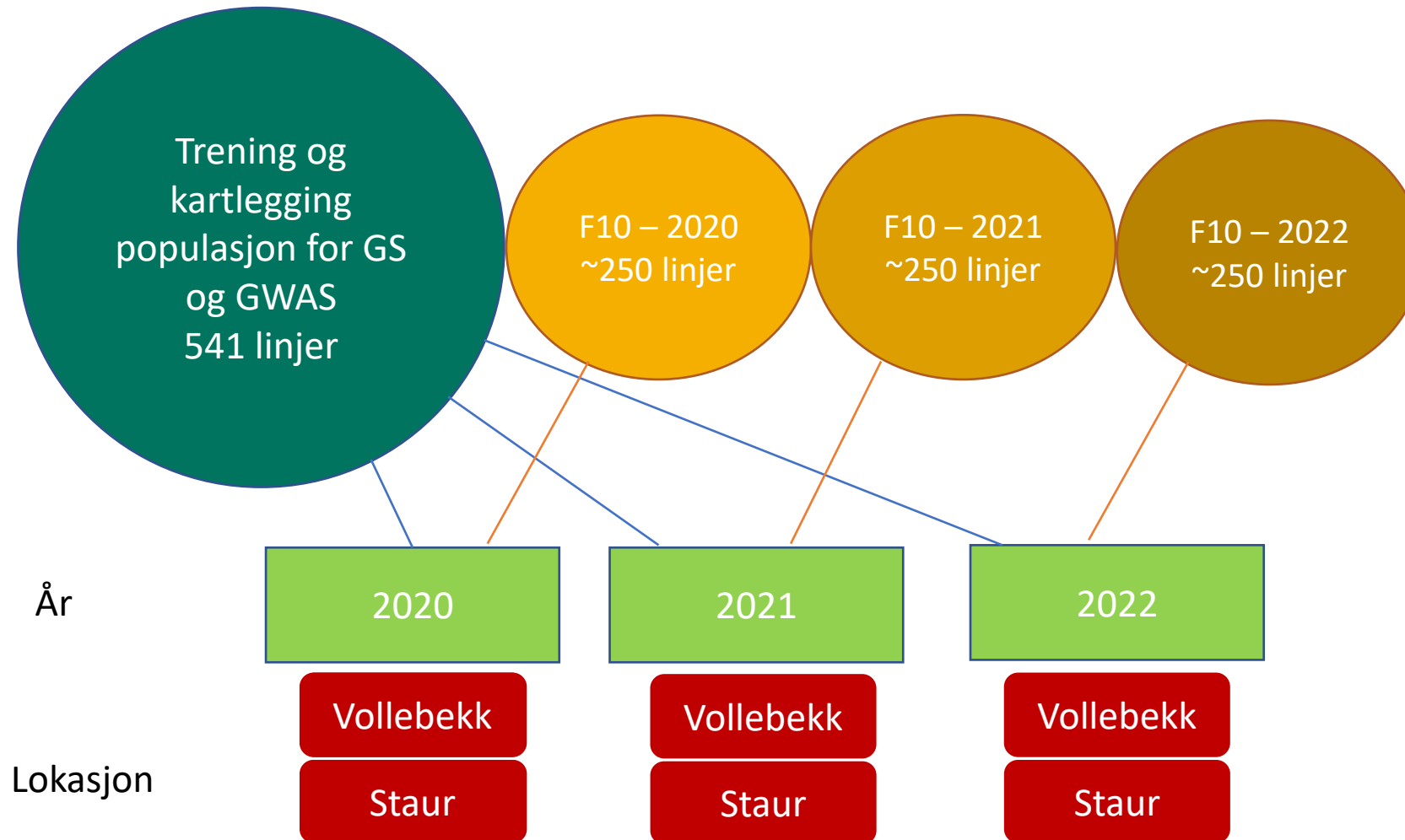
(b)



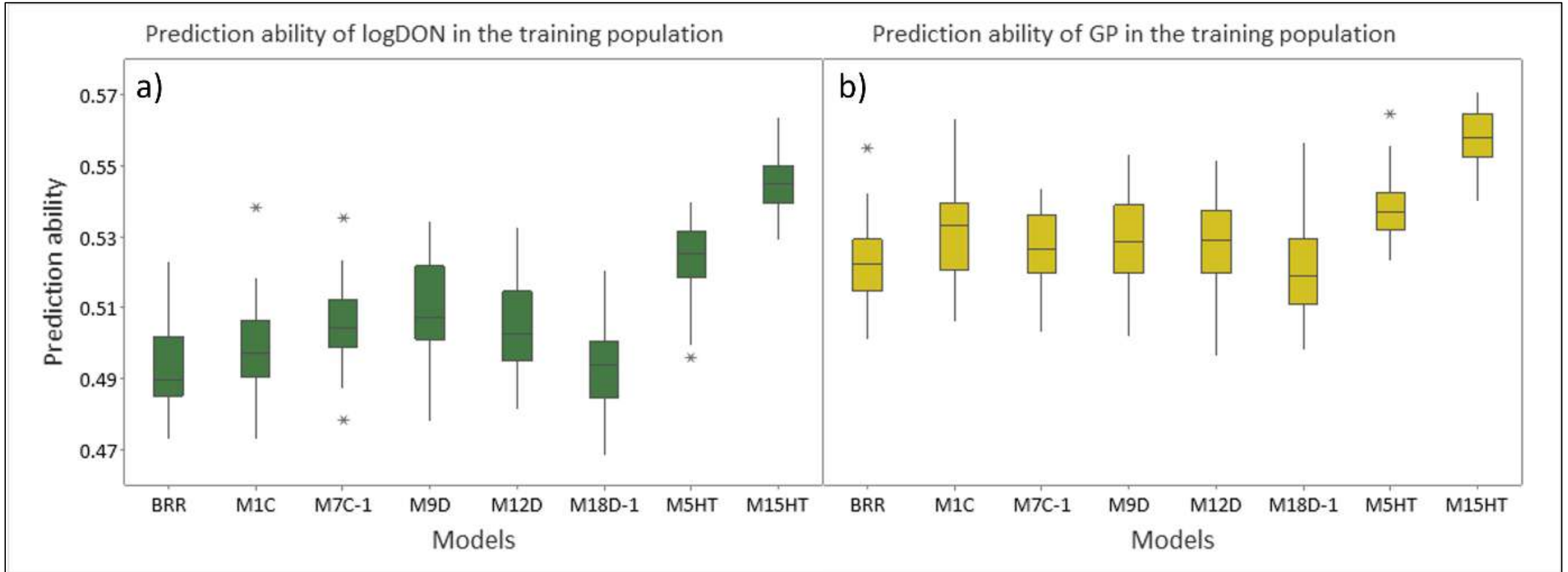
Konklusjon

- 15 resistens regioner identifisert, hvorav 5 er validert i foredlingspopulasjoner.
- Resistente haplotyper ble identifisert og effekten målt.
- Antall resistente alleler har økt i norsk sortsmateriale.
- Det er flere dokumenterte sykdomsresistens gener i de validerte QTL-regionene.

Arbeidspakke 3: Genomisk seleksjon



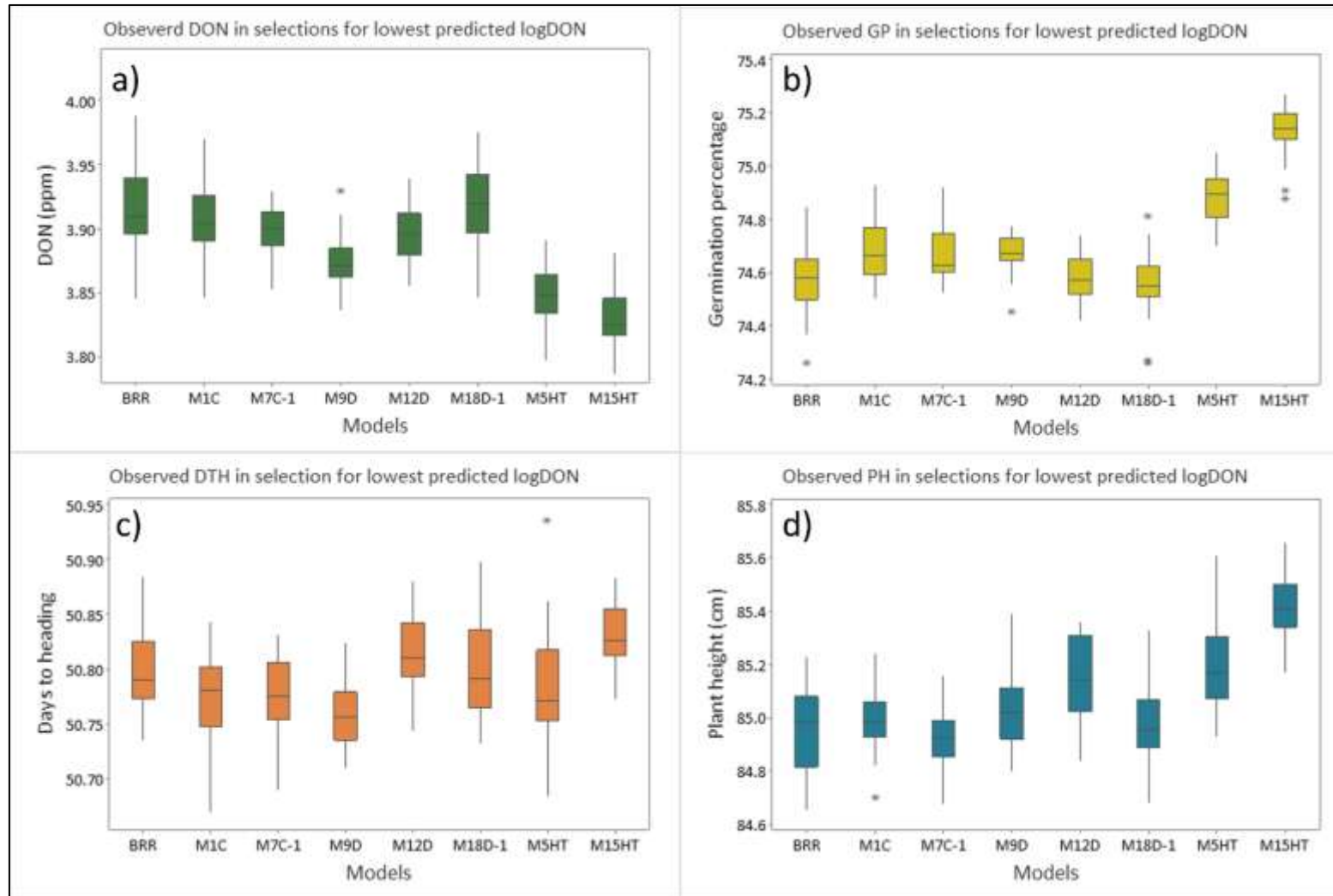
Treffsikkerhet i treningspopulasjonen



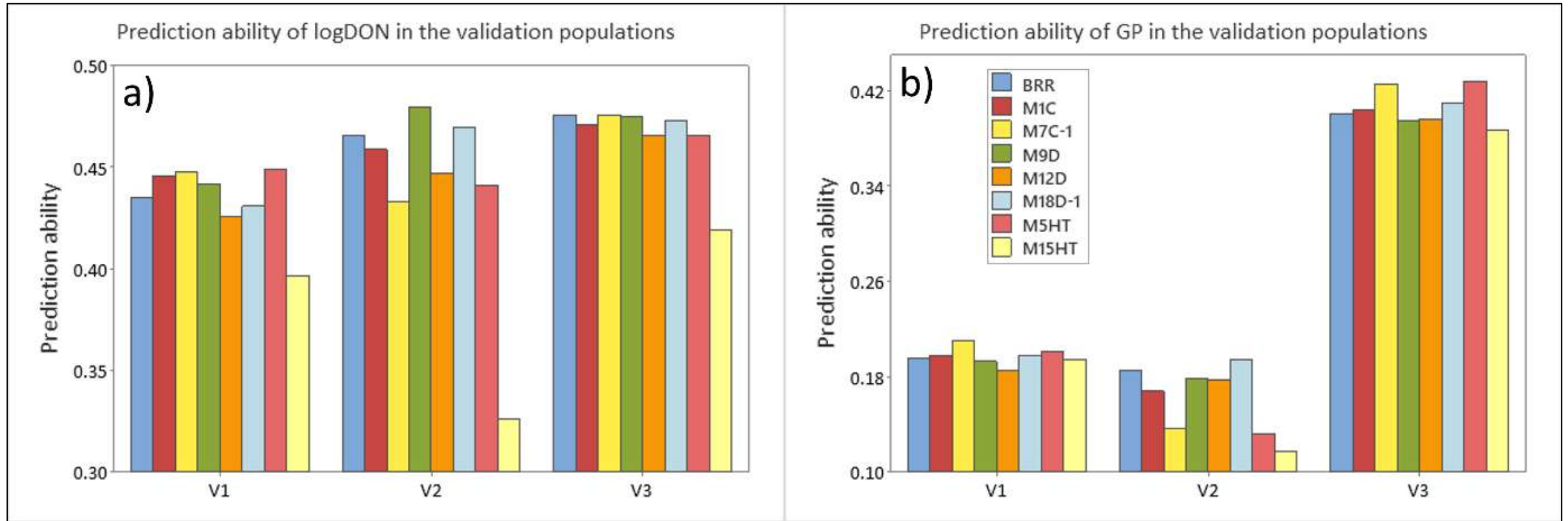
Allele frekvens i de 100 beste linjene sammenlignet med basismodellen.

R-HT	M1C	M7C-1	M9D	M12D	M18D-1	M5HT	M15HT
1C	***			**		***	***
2C							***
5C-1						***	***
5C-2							***
6C						**	
7C-1		***				***	***
7C-2					**	***	***
9D			***			***	***
12D	**			***		***	*
15A							***
18D-1					***	***	
18D-2						**	
19A	*					***	***
20D			**				***
21D			***			***	***

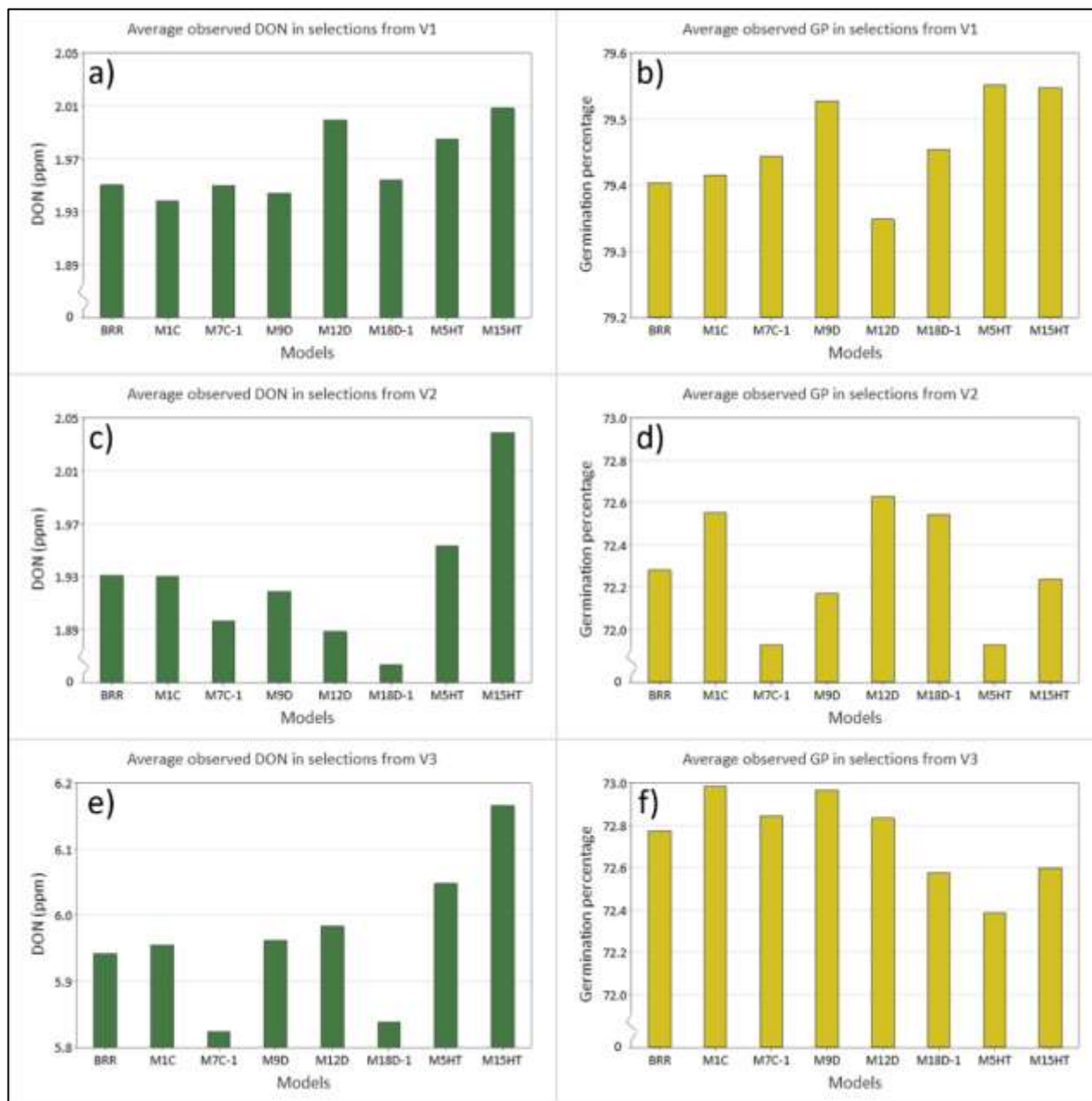
Observert fenotype i de 100 beste linjer basert på genomisk seleksjon



Treffsikkerhet i foredlingspopulasjonene

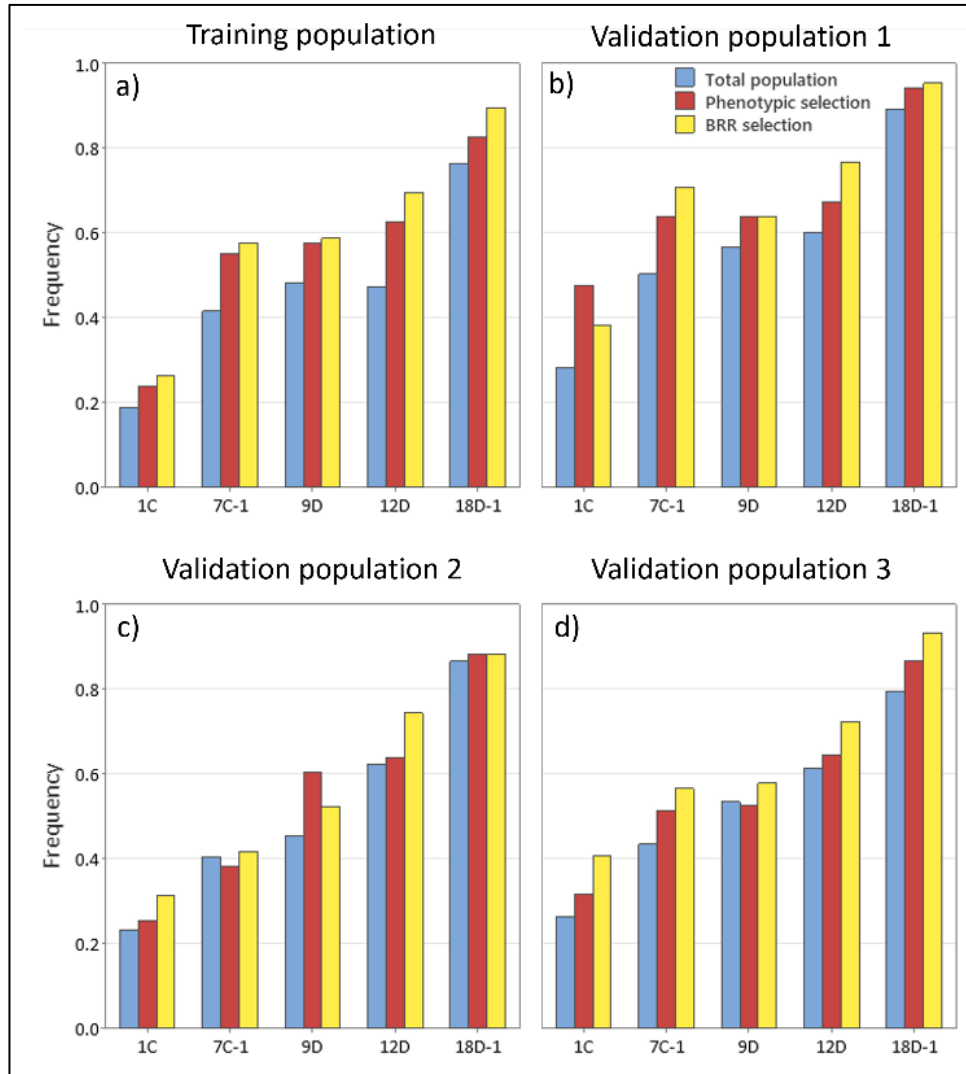


Observerte fenotyper i foredlingspopulasjonene



- Varierende effekt mellom populasjoner og egenskaper.
- Generelt høyere DON og lavere spireevne i seleksjoner gjort med flere QTL-modeller.
- Modeller som inkluderer effekten av 18D-1 hadde med konsistent effekt.

Allele frekvenser i populasjonene



- Relativ lik frekvens mellom populasjonene.
- I training populasjonen øker frekvensen av de resistente allelene i seleksjon med fenotypisk seleksjon, og øker ytterligere med genomisk seleksjon.
- Genomisk seleksjon øker også frekvensen i alle foredlingspopulasjonene.
- I noen tilfeller som f.eks. 7C-1 i VP2, og 9D i VP3 går frekvensen av resistente alleler ned med fenotypisk seleksjon.

Konklusjon

- Treffsikkerheten for både DON og spire% ligger opp mot 50% som er et akseptabelt nivå for å selektere vekk de mest mottakelige linjene.
- Modeller som inkluderer effekten av kjente regioner burde ikke brukes før man finner markører med tydelig link til resistens gener, da effekten i foredlingspopulasjonen varierer for mye.

Hvordan blir resultatene brukt i dag?

- Etter en visuell seleksjon på 10000 linjer for agronomiske egenskaper blir 2000 linjer selektert og genotypet. Disse blir videre selektert for Fusarium resistens med genomisk seleksjon.
- Vi har utviklet modell for avling som også blir brukt på samme tidspunkt.
- Redusert omfanget av kostbar Fusarium testing i havre.
- Gir bedre seleksjonsgrunnlag i tidligere generasjoner som vil gi bedre sorter i framtiden.
- I framtiden vil vi utvikle flere modeller for egenskaper som ikke kan måles på tidlig stadium som f.eks. tusenkornvekt og hektolitervekt.
- I tillegg vil genomisk seleksjon med økt kapasitet kunne brukes på 10000 planter før vi observerer dem i felt.

Takk for oppmerksomheten