

OptiCrop-projektet – WP3

Notat 3: Kandidatgener for rolle i proteinegenskaber – potentielle funktionelle markører.

Udarbejdet af Per Gregersen, Aarhus Universitet

På basis af RNAseq-analyserne beskrevet i notat 2 kan vi for en lang række af de differentielt udtrykte gener tilskrive dem en funktion i plantens vækst og udvikling. Dermed giver resultaterne et øget kendskab til, h

Som beskrevet i notat 2 kan de differentielt udtrykte gener associeres med allerede kendte og anvendte DNA-markører i hvedegenomet. Men derudover kan disse gener, som er associeret med proteinegenskaben, også direkte laves til DNA-markører, hvis en snp-polymorfi er knyttet til dem. Ud fra RNAseq-resultaterne har vi systematisk undersøgt generne i Ohio og KWS Magic for snp-polymorfier, dvs. angivet hvor der er DNA-baseafvigelse, dels ift. de andre lav-proteinsorter, som indgik i forsøget, dels ift. den offentligt tilgængelige reference for DNA-sekvensen i hvede.

Især for sorten Ohio er dette nyttigt, fordi denne viser sig problematisk, når standard-chippen til genotyping af hvedesorter anvendes. Op imod 20% af markørerne på chippen (med i alt ca. 7000 markører) giver ingen eller tvetydige resultater for Ohio. Vores sæt af snp-markører vil kunne anvendes af forædlerne til at følge specifikke kromosomfragmenter fra Ohio, hvis det ønskes, mere sikkert end med standard-chippen. Det samme er tilfældet for KWS Magic, selvom behovet her ikke er det samme, fordi standard-chippen til genotyping ikke giver problemer her.

Som nævnt i notat 1 er det i projektet sandsynliggjort, at senescens af planten under kernefyldningen spiller en rolle for indlejring af kvælstof i kernen for højproteinsorterne. Dette ses tydeligt afspejlet i gen-ekspressionsresultaterne, idet en lang række af de differentielt udtrykte gener er gener, som er kendt for at være involveret i de nedbrydnings- og transportprocesser, der finder sted under senescens.