

OptiCrop-projektet – WP3

Notat 2: Liste over DNA-markører for proteinindhold til forædlerne

Udarbejdet af Per Gregersen, Aarhus Universitet

Ud over strategien med detektion af QTL'er som basis for udpegning af DNA-markører for proteinindhold i hvede (se Notat 1) blev der i projektet også arbejdet med at udpege markører baseret på analyser af gen-ekspression. Ideen bag dette er, at forskelle i proteinegenskaben mellem høj- og lavprotein sorter sandsynligvis er afspejlet i forskelle i ekspression for gener, som har betydning for egenskaben.

For at undersøge gen-ekspressionen har vi lavet RNAseq-analyser på forældresorter til de populationer, som har været anvendt i projektet. To eksperimenter blev udført, i 2020 på 4 sorter (Ohio, KWS Zyatt, KWS Lili og Sheriff), og i 2021 på 6 sorter (Ohio, KWS Zyatt, KWS Lili, Sheriff, KWS Magic, Torp). KWS Lili, Sheriff og Torp anses for sorter med relativt lavt proteinindhold, mens Ohio, KWS Magic og KWS Zyatt betragtes som høj-protein sorter. I RNAseq-analyser undersøger man ekspressionen, defineret ved mængden af RNA produceret fra et gen, for principielt alle gener i hvedens genom, hvilket vil sige mere end 100.000 gener. Ikke alle gener vil være udtrykt på samme tid, men i vores analyser fandt vi detekterbar ekspression for mere end 50.000 gener. Det interessante i vores forsøg er forskellene mellem sorter, hvilket resulterede i forskelle for nogle få hundrede til et par tusind gener, afhængigt af tidspunkt og den specifikke kontrast. Generne er i sådanne sammenligninger rangordnet efter statistisk signifikans, og de mest interessante blandt dem vil således ved de højst rangerende.

I begge eksperimenter, 2020 og 2021, blev gen-ekspressionen undersøgt i fanebladet på tre tidspunkter under kernefyldningen, mens der i 2021 eksperimentet også blev undersøgt gen-ekspression i den udviklende kerne på to tidspunkter.

På baggrund af forskellige udvælgelseskriterier er der udarbejdet lister til forædlerne over mulige markører. Kriterierne er fx baseret på overlap i resultaterne mellem 2021 og 2022, overlap i resultater for faneblad og kerneudvikling, eller på kontraster mellem udvalgte sorter, fx højprotein vs. lavprotein-sorter. Listerne opgør i første omgang differentielt udtrykte gener, og på basis af deres kendte placering i hvedegenomet kan disse gener associeres med DNA-markører, som ved brug af standard genotypings-chips anvendes af forædlerne i deres forædlingsrutiner. Et ekstra udvælgelseskriterie har således også været, om de differentielt udtrykte gener kan associeres med genom-områder, hvor DNA-markørerne viser tydelige forskelle mellem høj- og lavprotein-sorter.

Afhængig de valgte kriterier omfatter listerne alt fra et begrænset antal gener/markører (20-30) til flere hundrede. De udgør således et katalog, som kan tilpasses forskellige typer af fremtidige analyser og formål i forædlingen.