

OptiCrop-projektet – WP3

Udarbejdet af Per Gregersen, Aarhus Universitet

Notat 1: QTL-analyse til identifikation af DNA-markører

Der er til hvedeforædlerne tilknyttet projektet lovet lister over QTL'er (QTL: Quantitative Trait Locus), som influerer på proteinindholdet i krydsningspopulationer baseret på højprotein-sorterne Ohio og KWS Magic, samt på basis deraf lister af DNA-markører, som er koblet til disse QTL'er.

Markforsøgene, som QTL-analyserne er baseret på, blev udført af Sejet Planteforædling i 2020+2021 for krydsningspopulationer med højprotein-sorterne Ohio- KWS Zyatt, og af Nordic Seed i 2022 for KWS Magic-populationer. Selve de statistiske QTL-analyser blev også udført i forædlernes regi. Desværre fremkom der ikke signifikante QTL'er for proteinindhold i analyserne for nogen af disse forsøg. Dette kan skyldes, at populationerne ikke var store nok til at give statistisk styrke nok til at vise signifikans, eller/og i kombination med den situation at proteinegenskaben baserer sig på forskelle i et stort antal gener, hvor det er svært at opløse effekten til enkeltgener/kromosomområder, som kan vise sig i QTL'er. Det var inden for den treårige ramme og økonomien ikke praktisk muligt at arbejde med større populationer til brug i analyserne.

Selvom opløsningen i analyserne ikke var tilstrækkelig til at kunne udpege specifikke QTL'er for proteinindhold, kan informationen fra afkomspopulationerne dog stadig anvendes af forædlerne til at sandsynliggøre om mulige DNA-markører for proteinindhold er brugbare. Hvis kandidater til DNA-markører findes på anden måde, fx ud fra gen-ekspressionsanalyser (se notat 2 og 3) eller fra andre studier, kan det undersøges, hvordan disse markører forekommer i de bedste blandt afkomslinjerne i de anvendte populationer. De bedste linjer mht. proteinindhold indgår også, på baggrund af den fænotypiske karakterisering, i forædlernes materiale i deres videre bestræbelser på at forædle sorter med et højere proteinindhold sammen med et højt udbytte.

I et forskningsperspektiv var de udførte markforsøg nyttige mht. at belyse sammenhænge mellem senescens-egenskaber hos højprotein-sorterne og proteinindhold. Der viste sig en sammenhæng mellem forskellige fænotyper for senescens, dvs. visning/afmodning af grønne plantedele, og kerneprotein for disse sorter. Vi konkluderer, at en faktor for højproteinegenskaben er den remobilisering af kvælstof, som finder sted under senescens, mest udpræget for sorten KWS Magic i de markforsøg, som blev gennemført.