

Perspektiven der genomischen Selektion in der Pflanzenzüchtung



Rod Snowdon

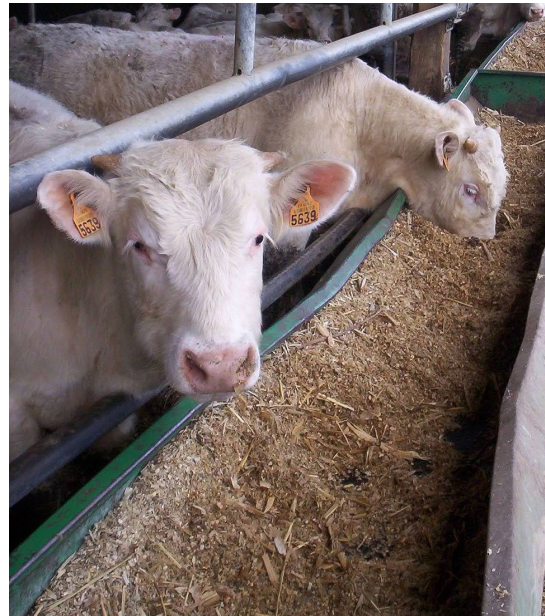
Professur für Pflanzenzüchtung, Justus-Liebig-Universität Giessen

Pflanzenzüchtung: 5-mal *F* für's Leben



Food

Feed



Fibre

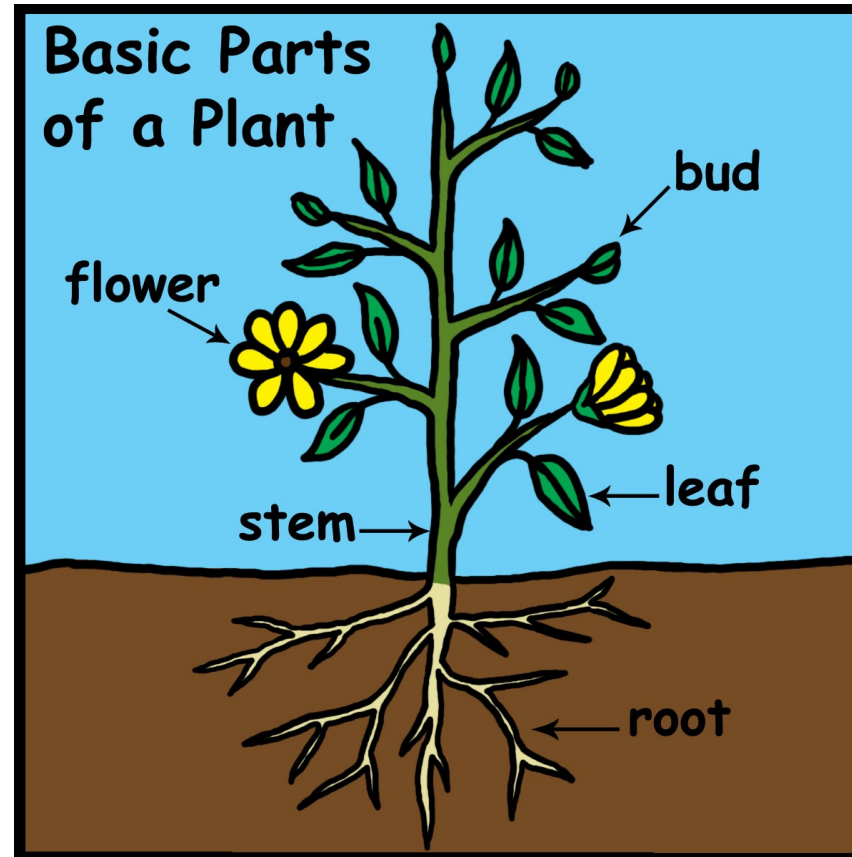


Fuel

Fun



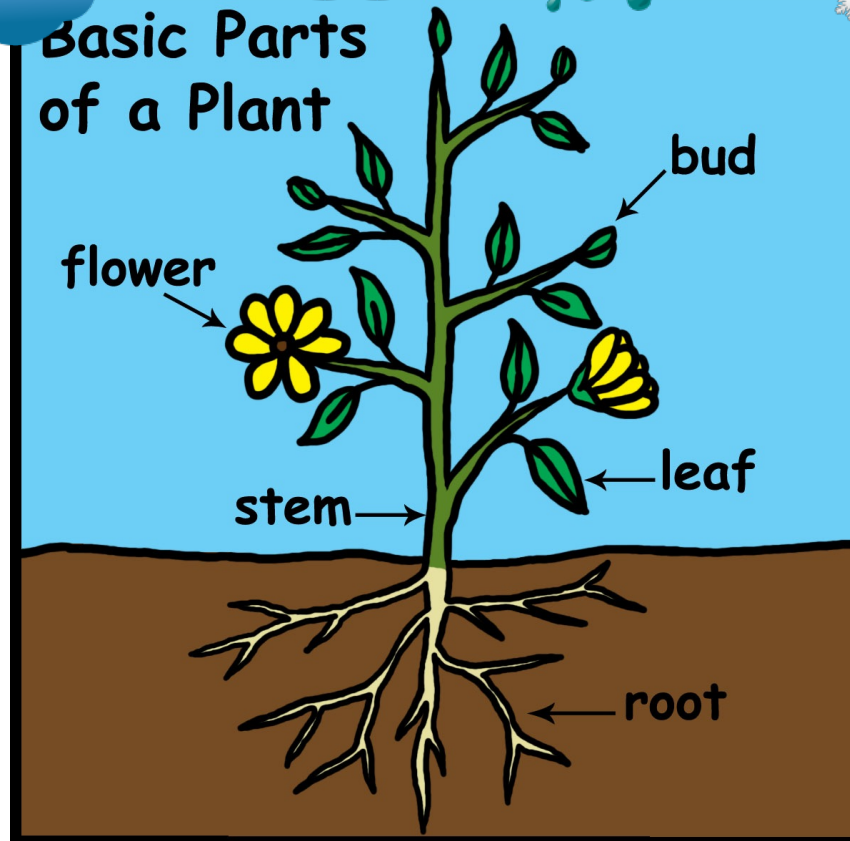
Pflanzen unterscheiden sich von Tieren!



Pflanzenleistung: $G \cdot E^n$



**Bodenumwelt,
Fruchtfolge,
Mikroorganismen**



**Erntebedingungen,
Lagerungsumwelt,
Samenqualität**

Wachstums- bzw. Maturationsumwelt: Temperatur, Wasser- bzw. Nährstoffverfügbarkeit, zahlreiche biotische und abiotische Stressfaktoren

Übergeordnete Zuchtziele



Qualität ↔ **Resistenz**

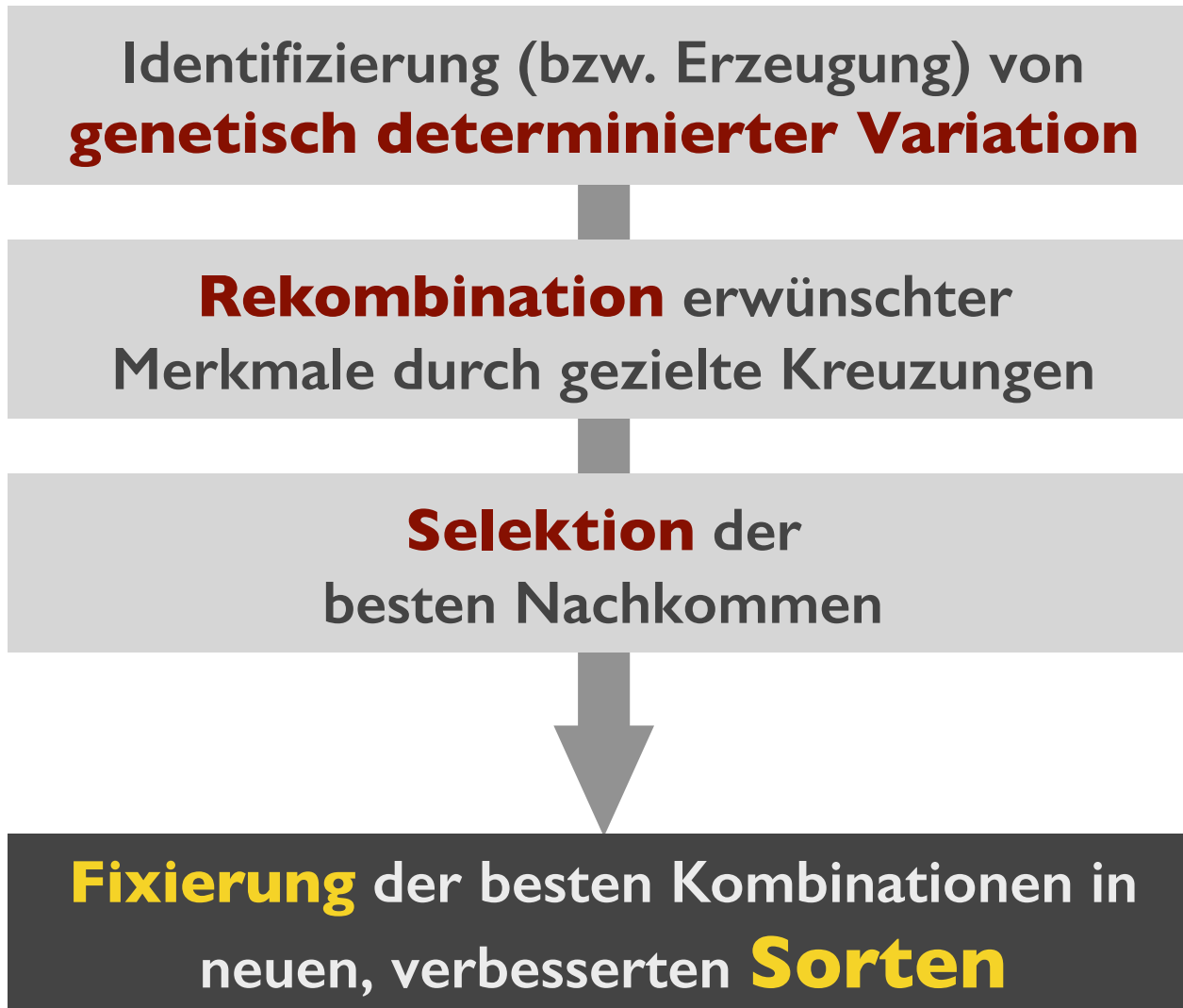
Ertrag

**Bodenumwelt,
Fruchtfolge,
Mikroorganismen**

**Erntebedingungen,
Lagerungsumwelt,
Samenqualität**

Wachstums- bzw. Maturationsumwelt: Temperatur, Wasser- bzw. Nährstoffverfügbarkeit, zahlreiche biotische und abiotische Stressfaktoren

Allgemeine Zuchtstrategie



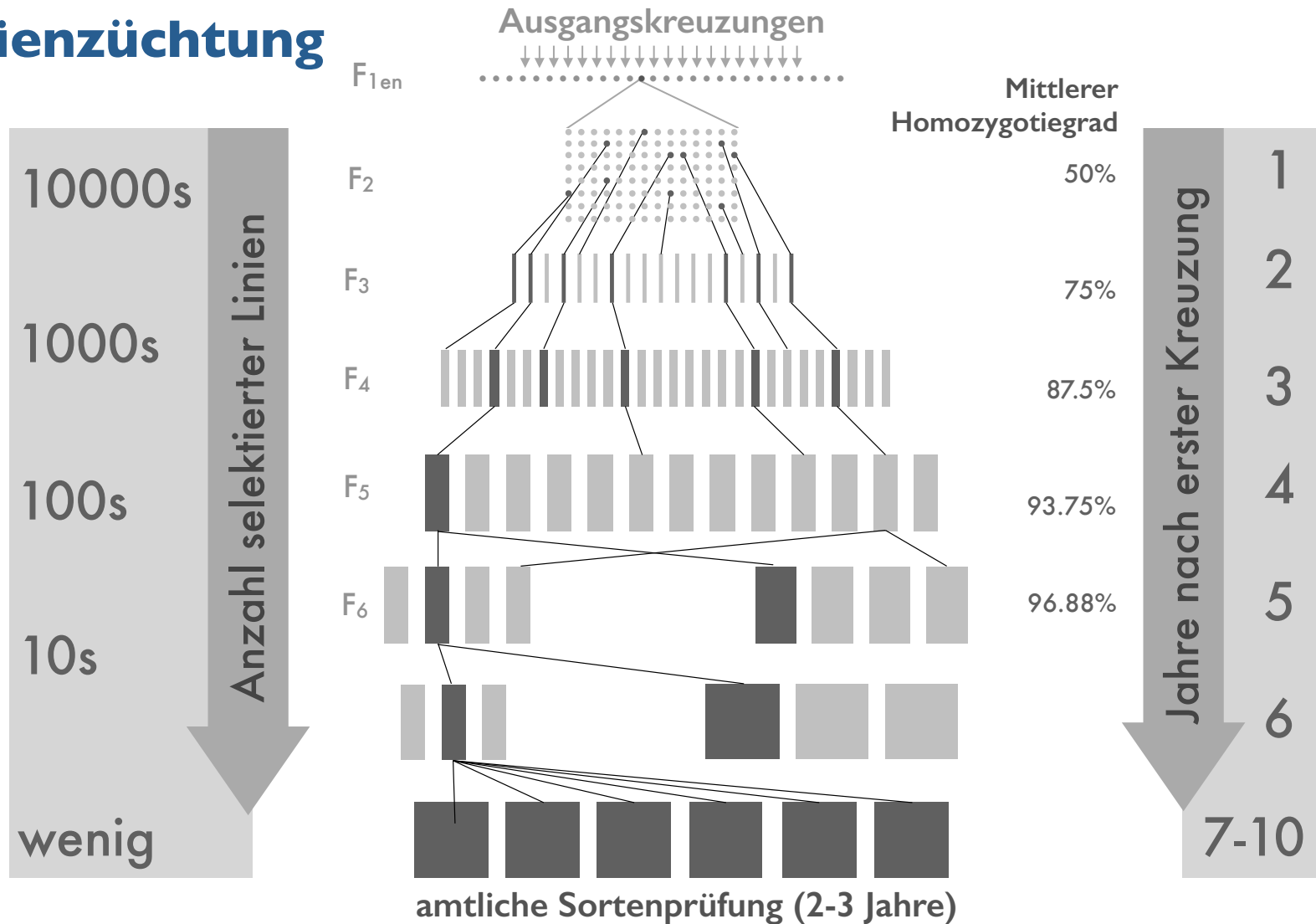
Kulturpflanzensorten

L K W D U S

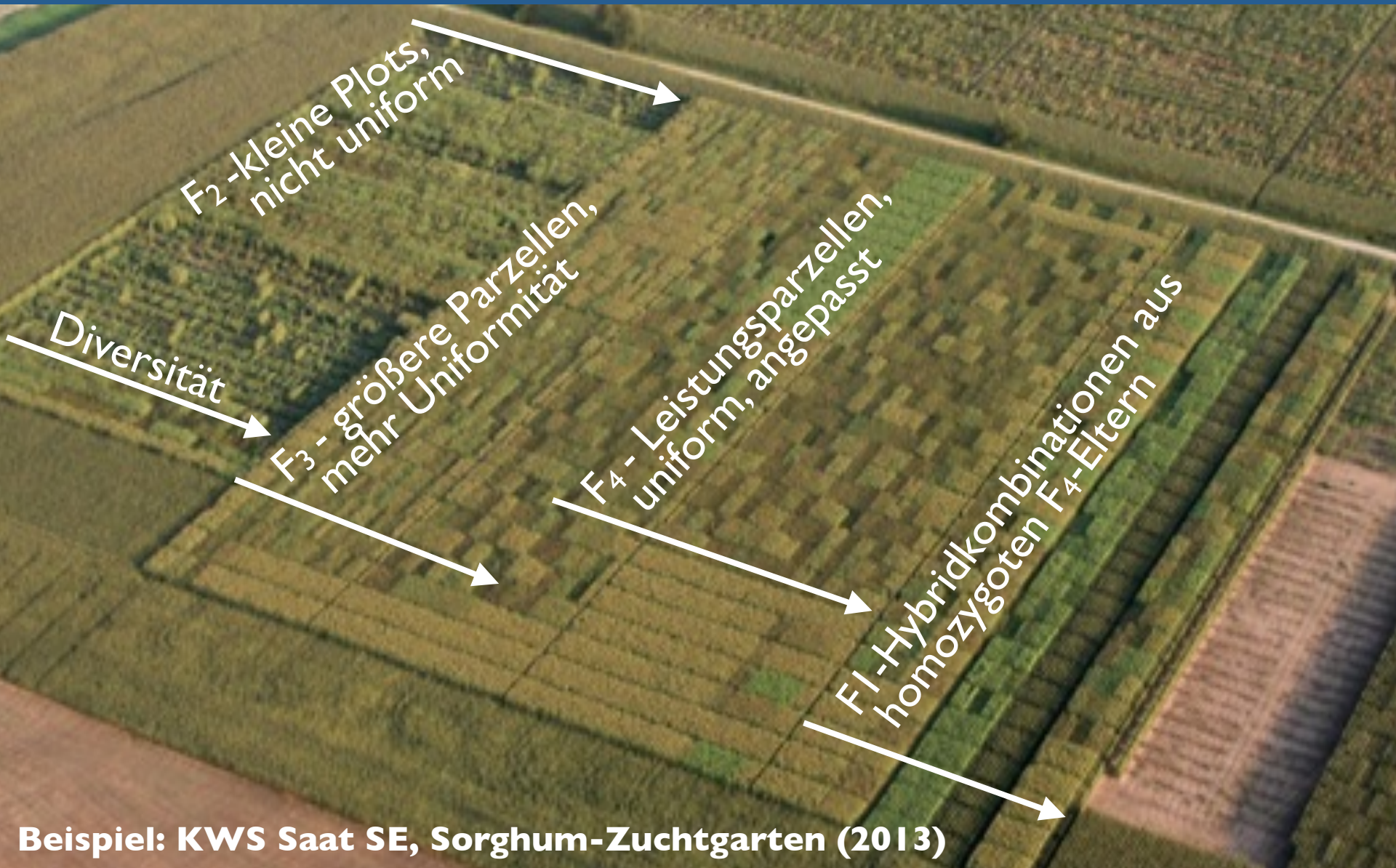
A photograph of a vast wheat field under a clear sky. A narrow, reddish-brown path or furrow runs vertically through the center of the field, separating two sections of wheat. The wheat is a golden-yellow color, indicating it is ripe. Overlaid on the image are large, white, sans-serif capital letters. On the left side, the letters 'L', 'K', and 'W' are stacked vertically. On the right side, the letters 'D', 'U', and 'S' are stacked vertically. The letters are semi-transparent, allowing the wheat field to be seen through them.

Fixierung der Diversität in Sorten

Selbstbestäuber: Linienzüchtung

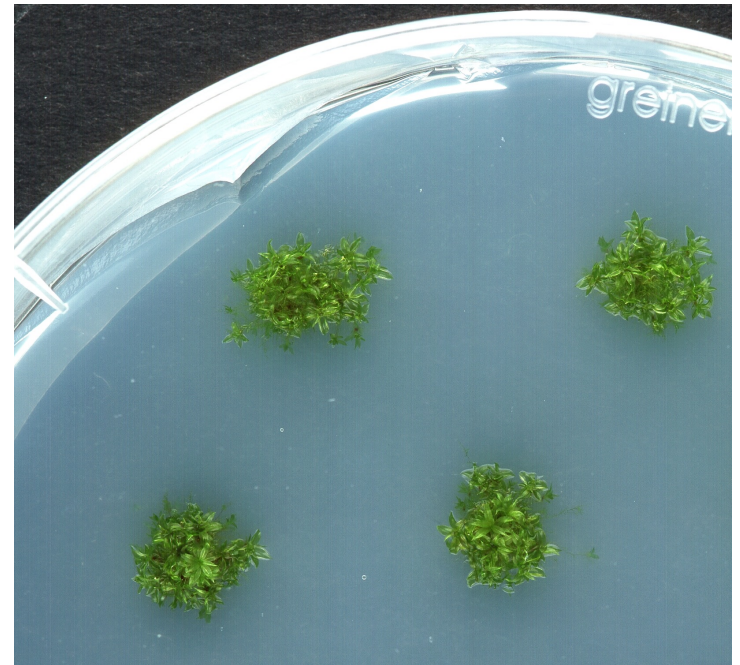


Fixierung der Diversität in Sorten



Fixierung der Diversität in Sorten

Zuchtbeschleunigung durch die Doppelhaploiden-Technik (DH)



Pollenmikrosporen- oder Antherenkultur zur Erzeugung haploider Pflanzen aus F_1 -Gameten

Aufdopplung der Chromosomen durch chemikalische Behandlung zur Erstellung vollständig homozygoter DH-Linien in ca. 1,5 Jahren

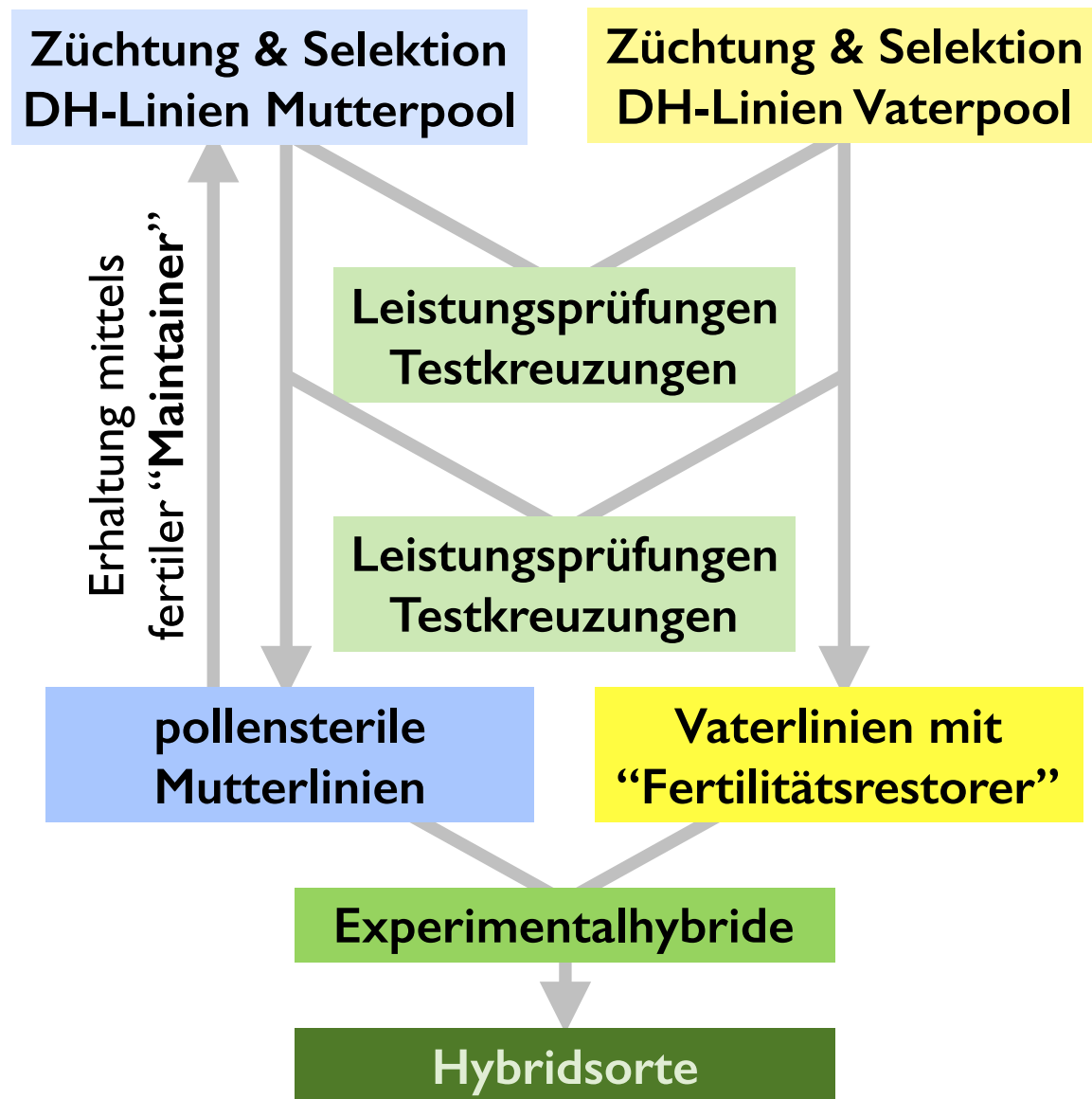
Fixierung der Diversität in Sorten

Fremdbestäuber: Hybridzüchtung

Stark erhöhte
Zuchtaufwand, Saatgut
deswegen teurer

ABER

verbesserter
Zuchtfortschritt und
Ertragsstabilität durch
Heterosis



Umfangreiche Leistungsprüfungen



Bild: NPZ Lembke KG

Umfangreiche Leistungsprüfungen

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

Bild: NPZ Lembke KG

Umfangreiche Leistungsprüfungen

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"



Selektionsintensität von 10%

Selektionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"



Selektionsintensität von 10%

Selektionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

GS-Modell

Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

10x soviel DH-Linien
genotypisiert mit
genomweiten SNPs

GS-Modell

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

10x soviel DH-Linien
genotypisiert mit
genomweiten SNPs

GS-Modell

Leistungsvorhersage

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

10x soviel DH-Linien
genotypisiert mit
genomweiten SNPs

GS-Modell

Leistungsvorhersage

Prüfung der 5.000
Bestgeschätzten im Feld

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

10x soviel DH-Linien
genotypisiert mit
genomweiten SNPs

GS-Modell

Leistungsvorhersage

Prüfung der 5.000
Bestgeschätzten im Feld

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Bild: NPZ Lembke KG

Optimierung durch genomische Selektion

~20.000 DH-Nachkommen pro Jahr,
aus ~500 Kreuzungen, geprüft in
einzelnen Umwelten zur Selektion der
Eigenleistung:
geringe Selektionsgenauigkeit, keine
Aussage zur Kombinationseignung
(GCA): "Zuchtwert als Hybridelter"

10x soviel DH-Linien
genotypisiert mit
genomweiten SNPs

GS-Modell

Leistungsvorhersage

Prüfung der 5.000
Bestgeschätzten im Feld

Exakte Phänotypen
sowie genomweite
SNP-Genotypen

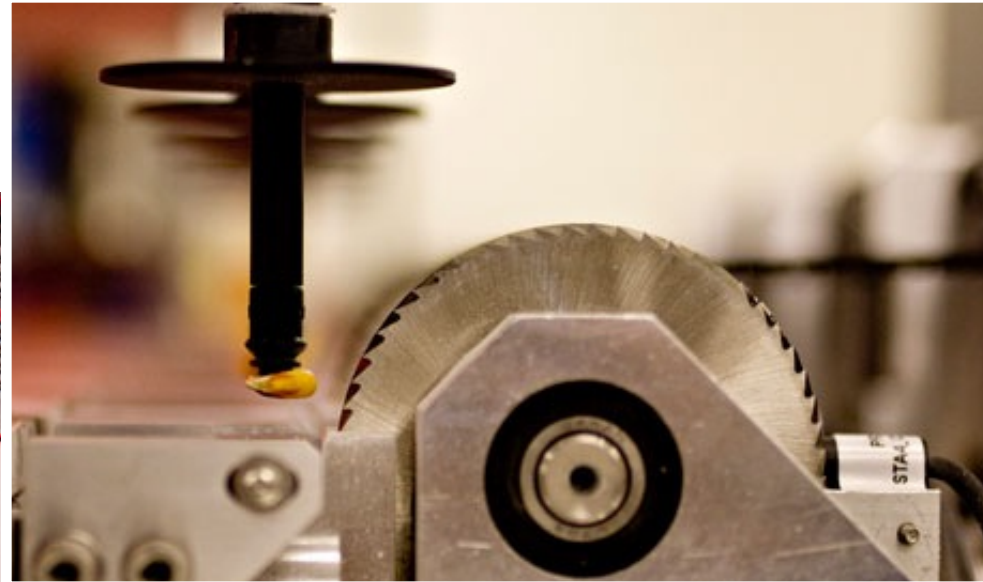
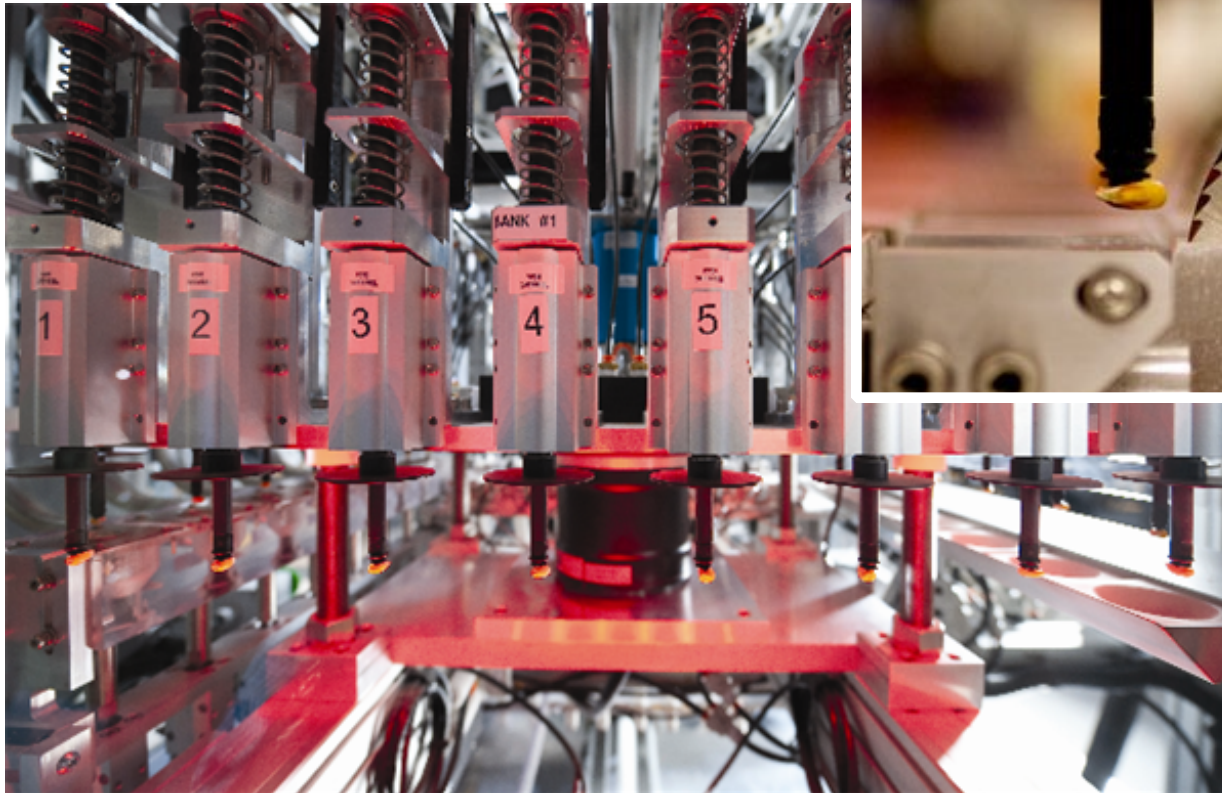
Selektionsintensität von 10%

Selectionsgewinn

Selectionsgewinn

Automatisierung von GS im Zuchtprozess

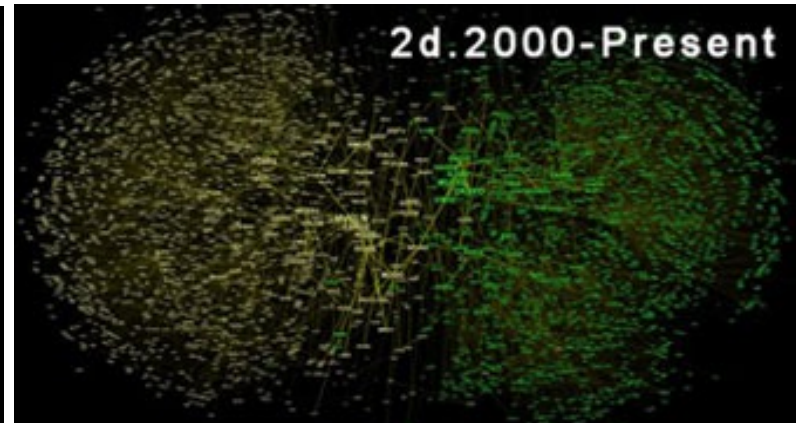
Beispiel: “Seed-Chipping”



Bilder: DuPont-Pioneer, Monsanto

Genombasierte Poolentwicklung

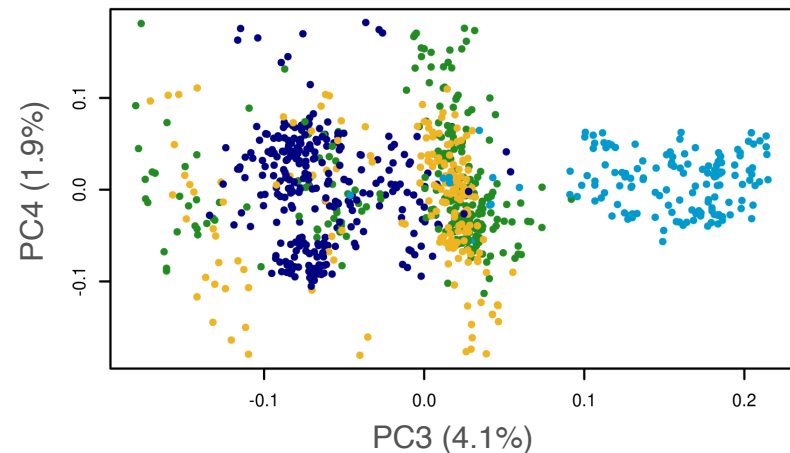
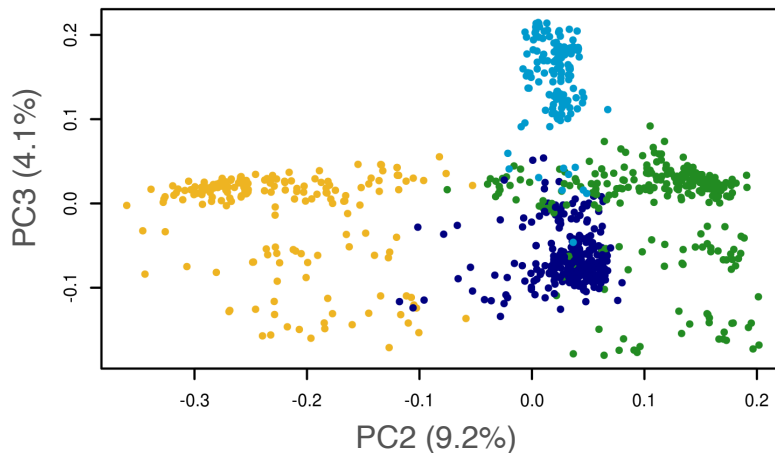
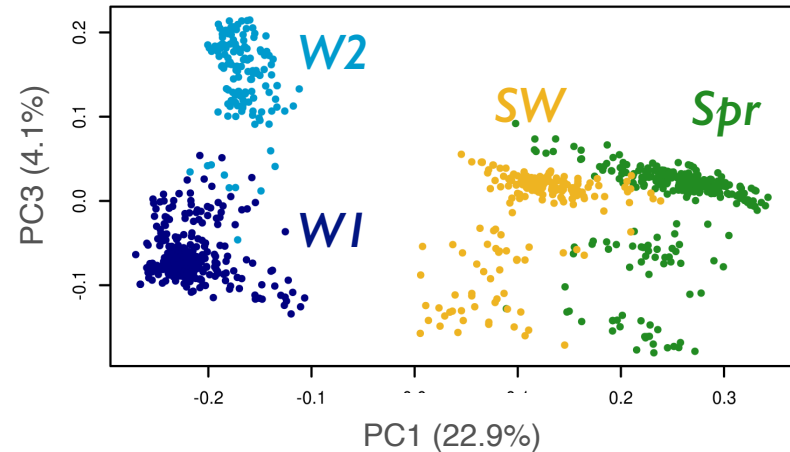
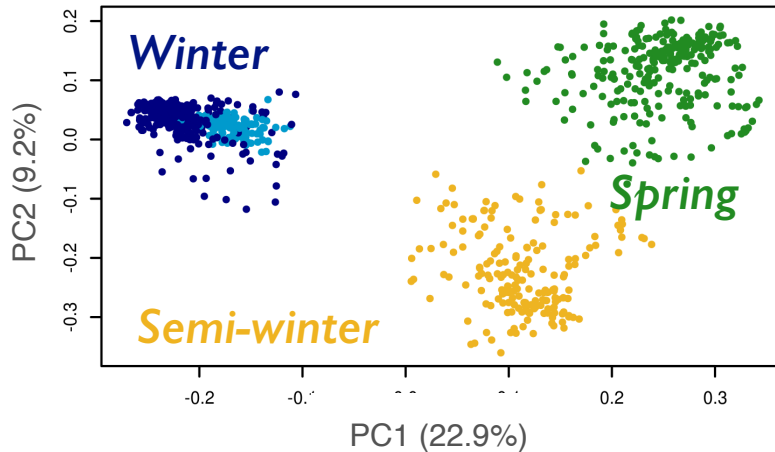
100 Jahre heterotischer Poolentwicklung für die Maishybridzüchtung



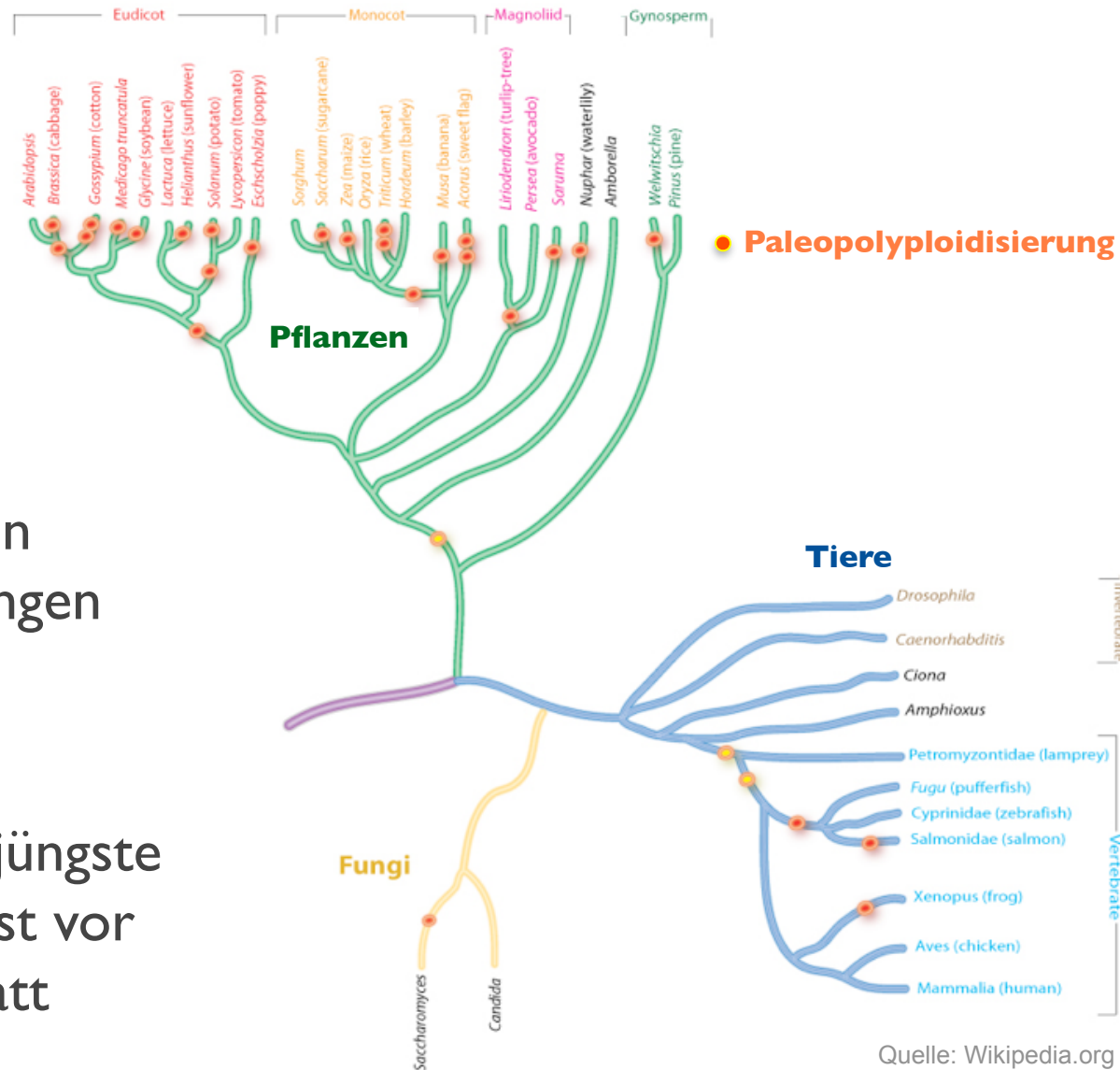
Rupert & Butzen (2010) © Dupont-Pioneer, USA

Genombasierte Poolentwicklung

Umstellung von Linienzüchtung auf Hybridzüchtung – Beispiel Raps
Speziesweite Diversität: Hauptkoordinatenanalyse mit ~20.000 SNPs (MAF>0,05)



Genomische Strukturvariation

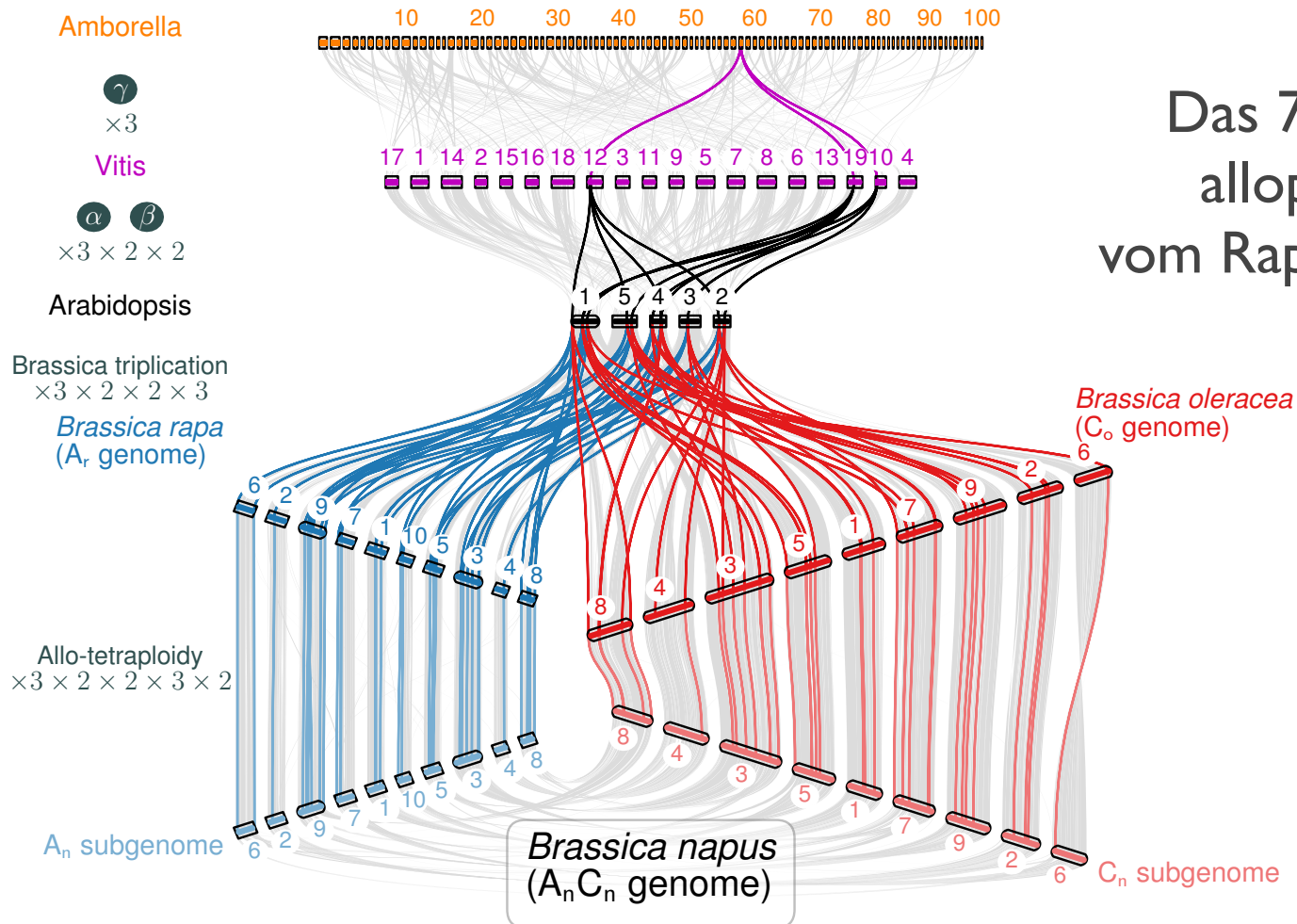


Alle Blühpflanzen gehen auf Paleopolyploidisierungen zurück

Bei vielen wichtigen Kulturpflanzen fand die jüngste Allopolyploidisierung erst vor 10000 bis 100 Jahren statt

Quelle: Wikipedia.org

Duplikation ergibt Adaptationspotential



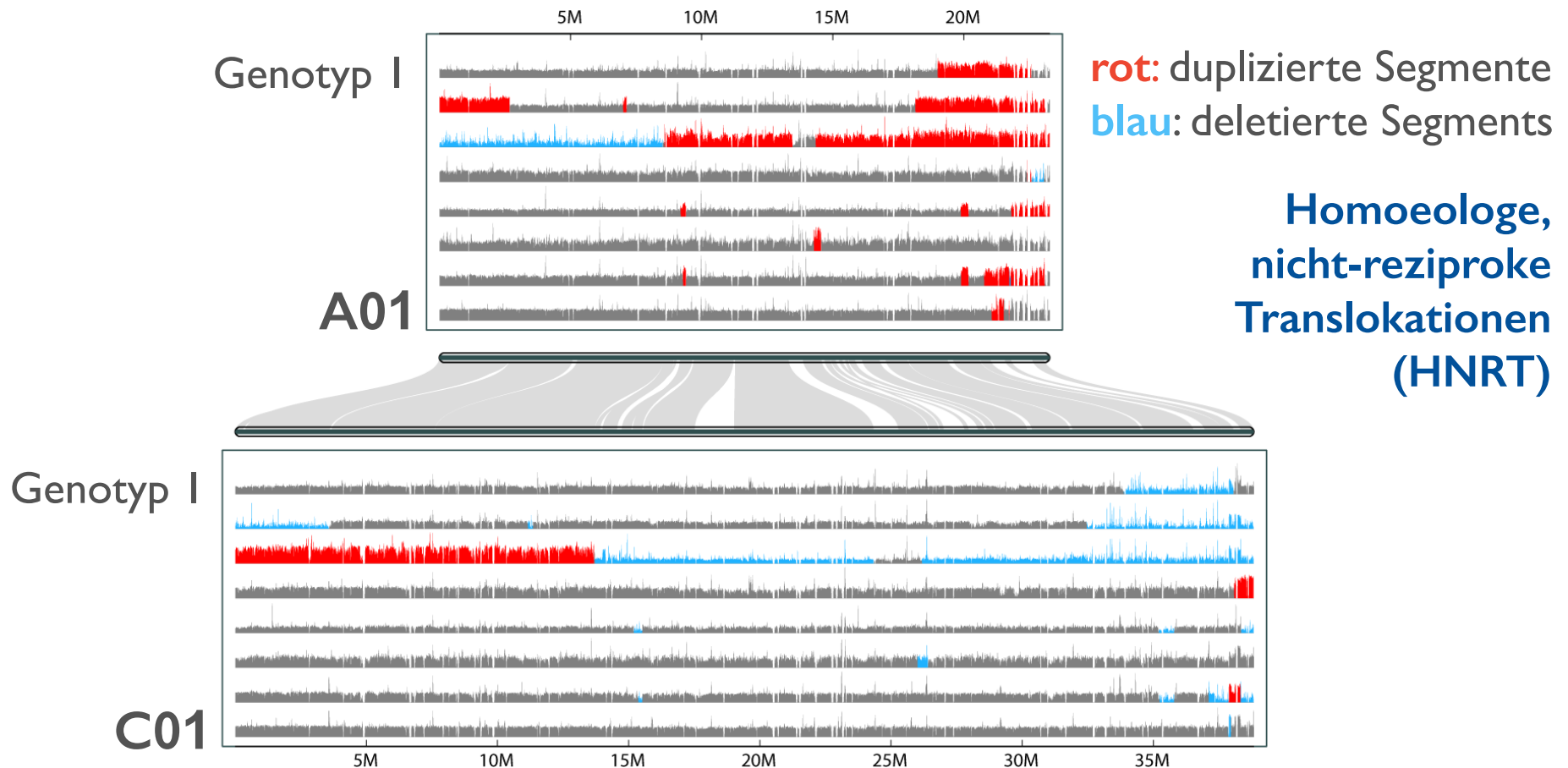
Paradebeispiel

Das 72-fach duplizierte,
allopolyploide Genom
vom Raps: ~110.000 Gene

Chalhoub et al. Science, 2014

Entstehung von Genomstrukturvariation

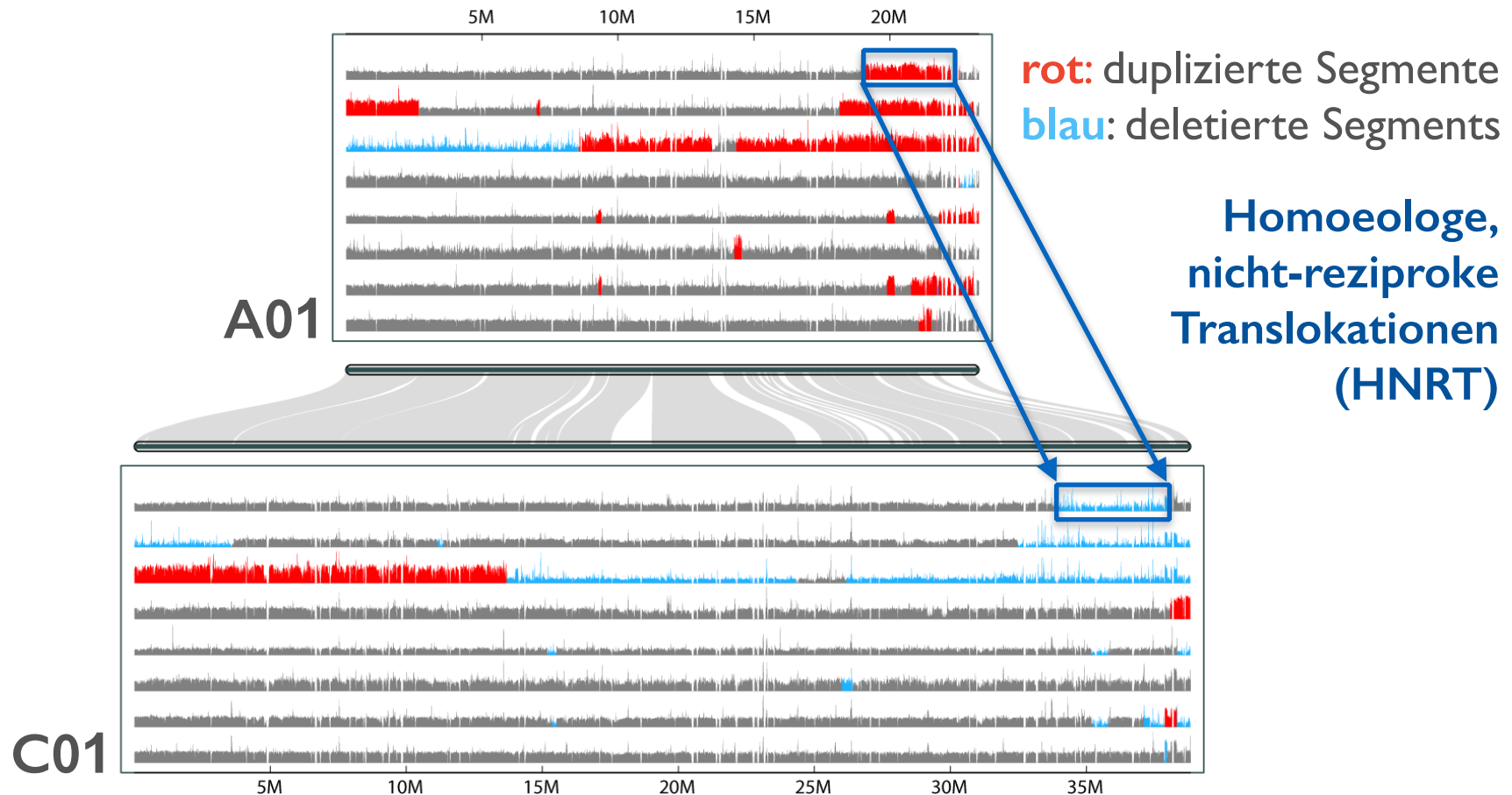
Genomweite Illumina-Resequenzierung (Beispiel Chromosomen A01/C01):
Grafik: mittlere Sequenzabdeckung pro 10 kbp-Interval in 8 diversen Genotypen



Chalhoub et al. Science, 2014

Entstehung von Genomstrukturvariation

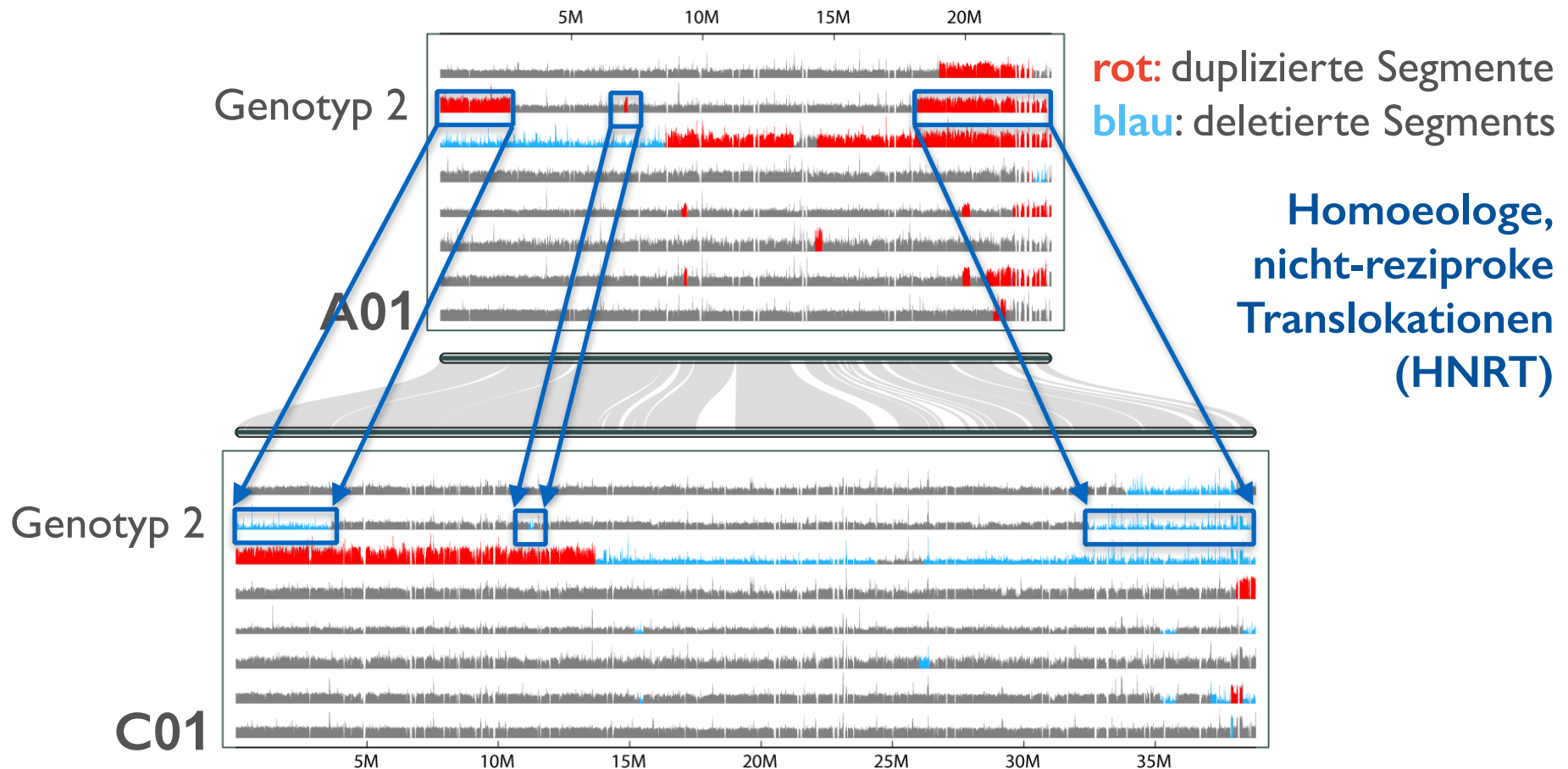
Genomweite Illumina-Resequenzierung (Beispiel Chromosomen A01/C01):
Grafik: mittlere Sequenzabdeckung pro 10 kbp-Interval in 8 diversen Genotypen



Chalhoub et al. Science, 2014

Entstehung von Genomstrukturvariation

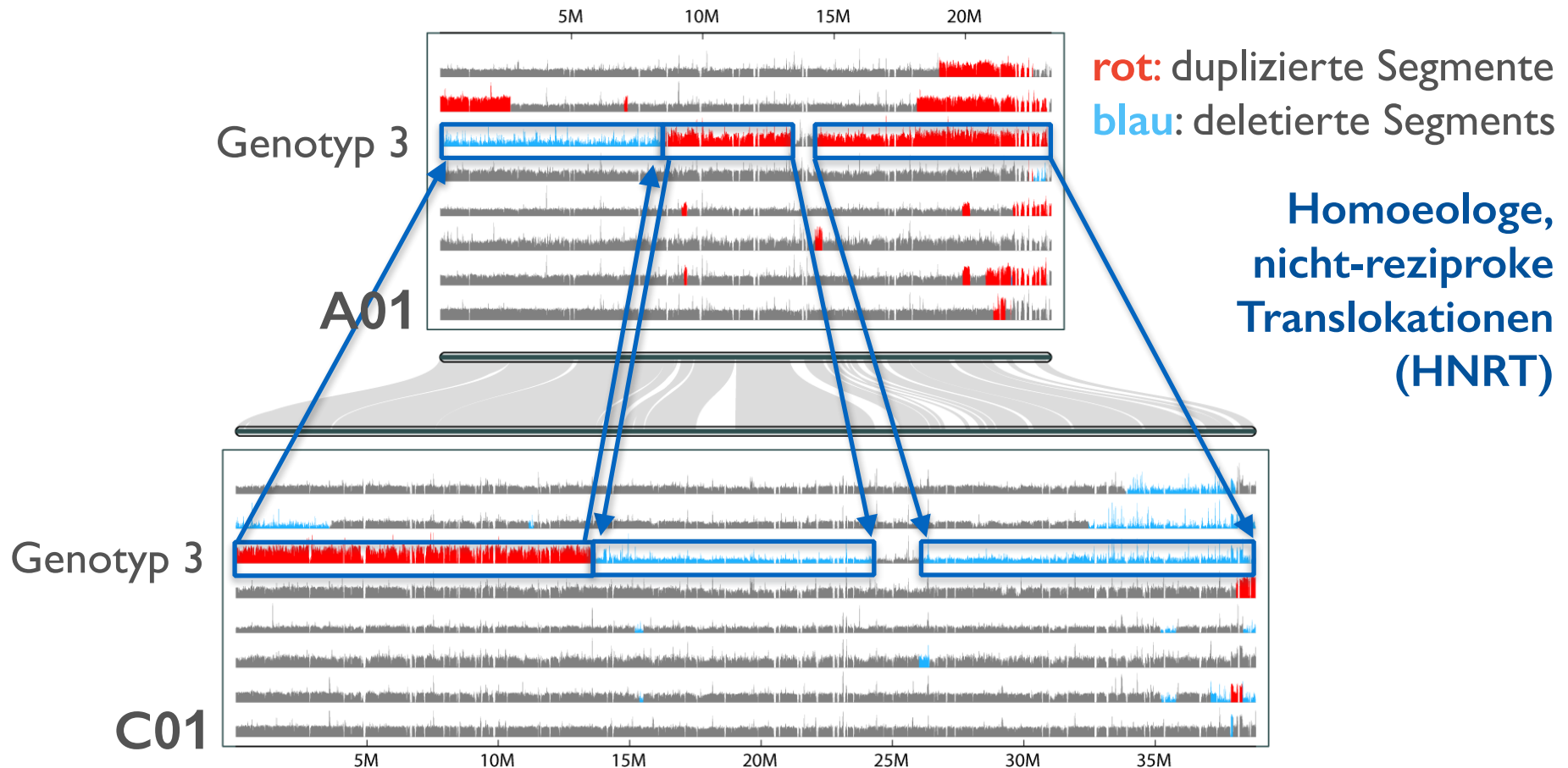
Genomweite Illumina-Resequenzierung (Beispiel Chromosomen A01/C01):
Grafik: mittlere Sequenzabdeckung pro 10 kbp-Interval in 8 diversen Genotypen



Chalhoub et al. Science, 2014

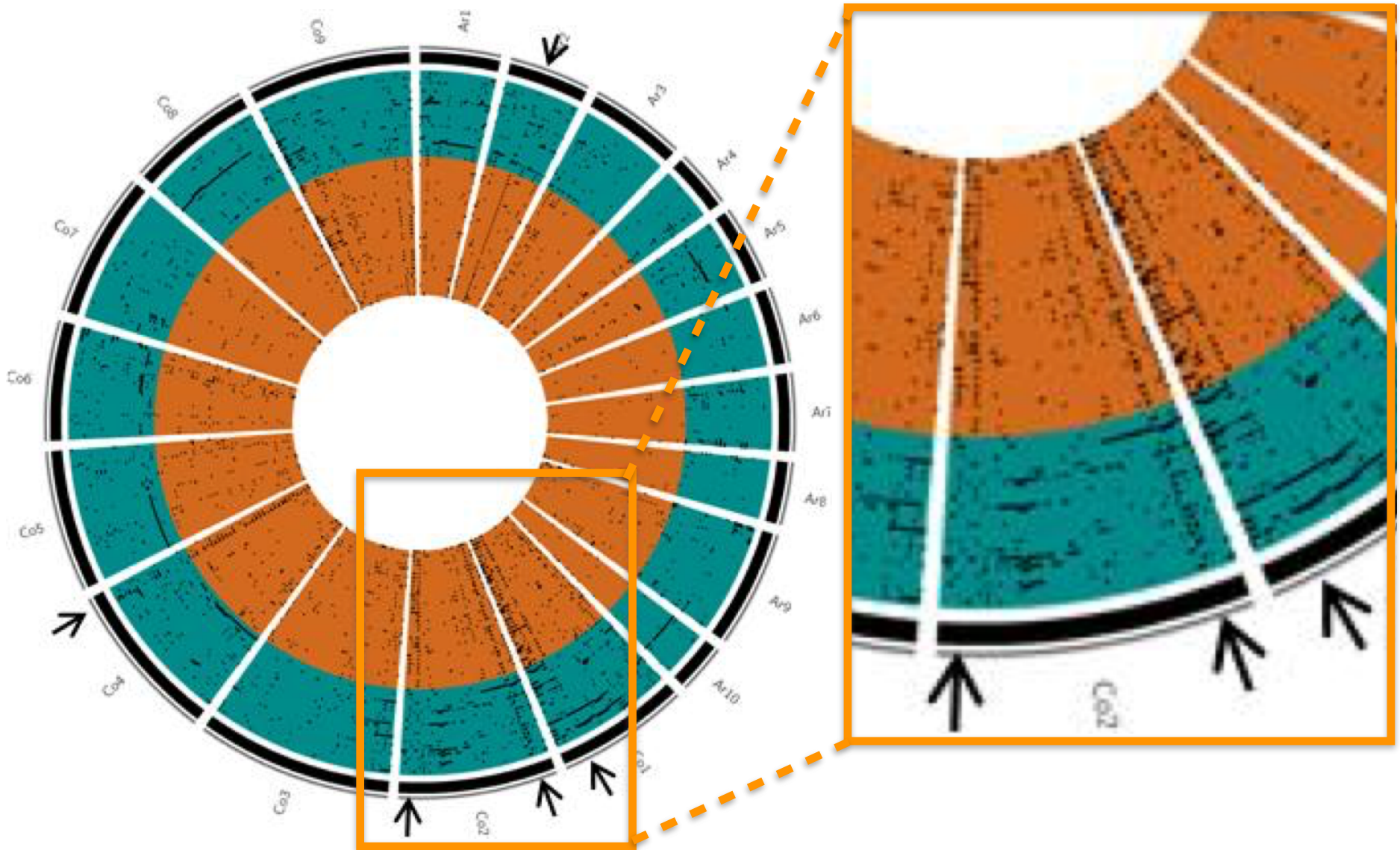
Entstehung von Genomstrukturvariation

Genomweite Illumina-Resequenzierung (Beispiel Chromosomen A01/C01):
Grafik: mittlere Sequenzabdeckung pro 10 kbp-Interval in 8 diversen Genotypen



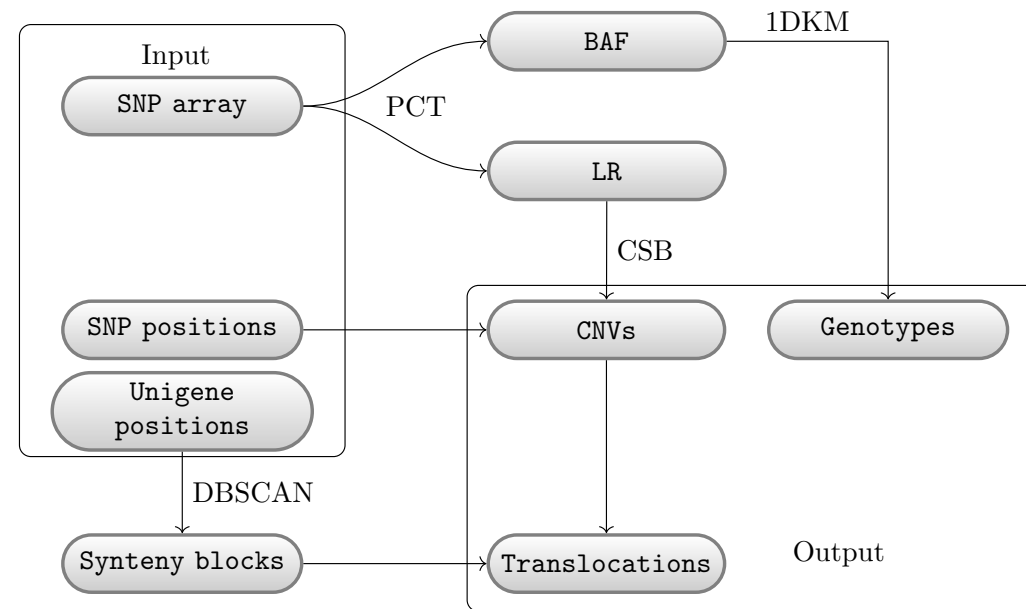
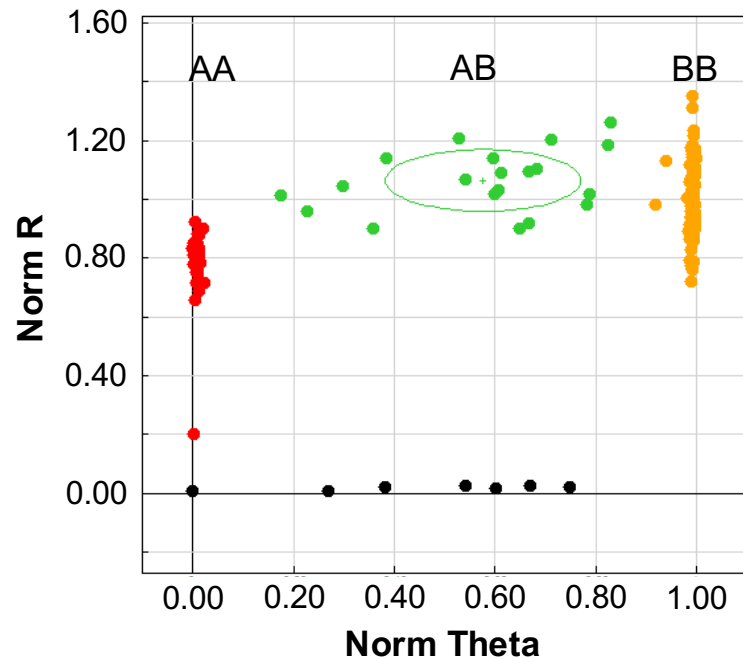
Chalhoub et al. Science, 2014

Heterosisches Potential durch Deletionen?



CNV/PAV-Calling aus Illumina-Chip-Daten

“Genome structural rearrangement caller” (GSRC – Fabian Grandke et al., submitted)



1DKM 1-Dimensional K-Means Clustering

BAF B-Allele Frequency

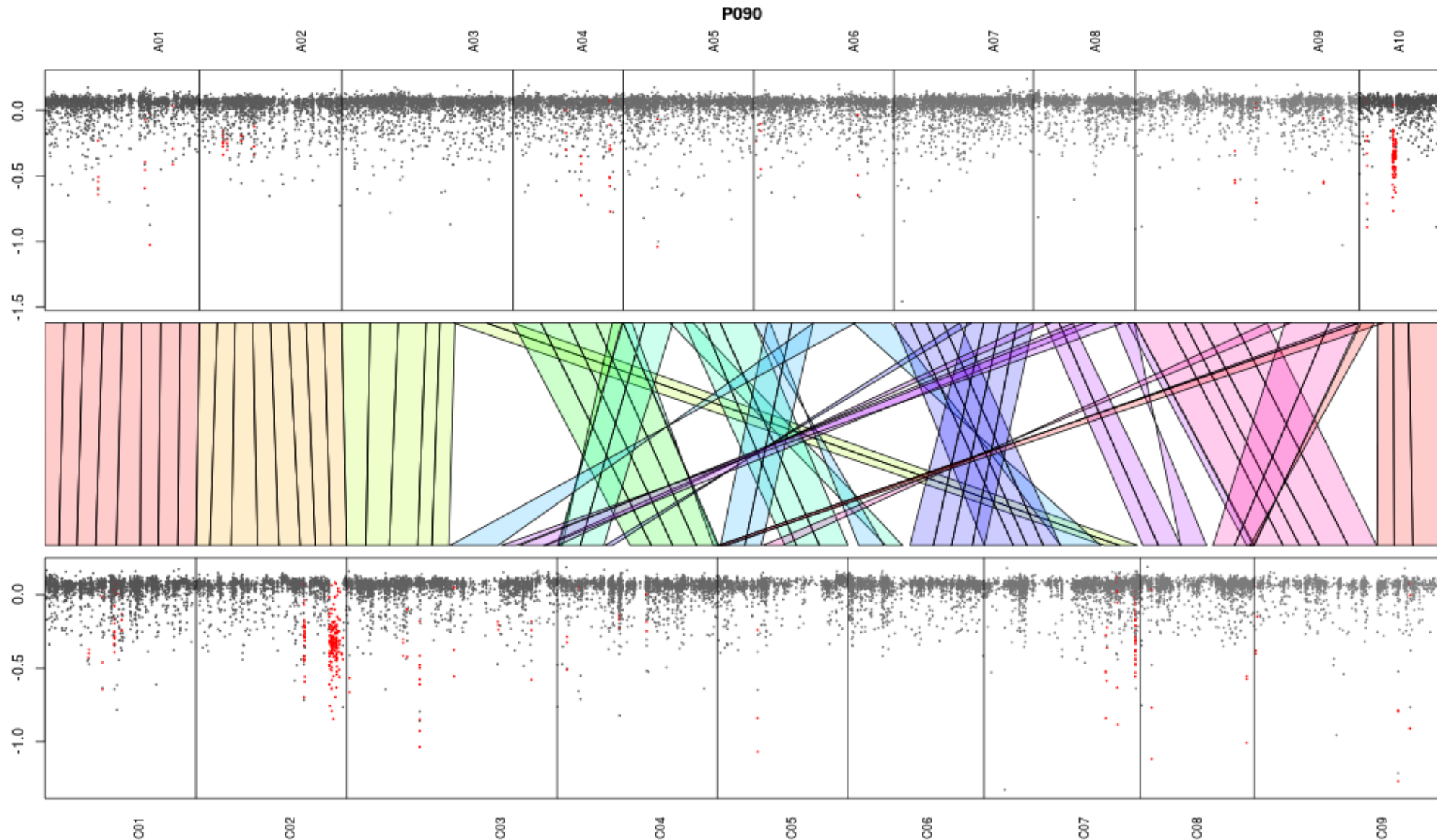
CSB Circular Binary Segmentation

DBSCAN Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise

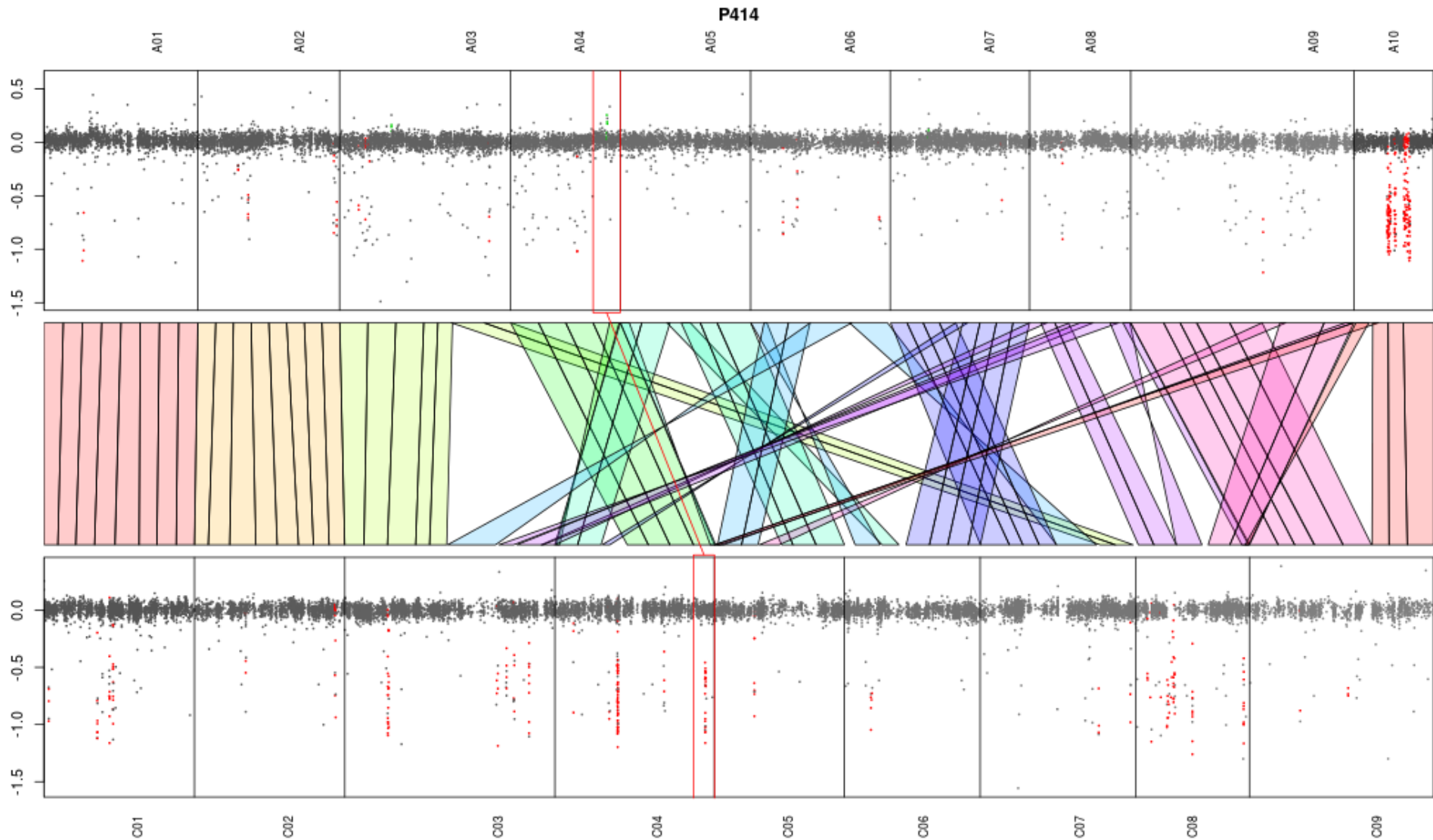
LR Log R ratios

PCT Polar Coordinates Transformation

GSRC-Output: Segmentale Deletionen



GSRC-Output: Duplikationen bzw. HNRT



“Heterotic Haplotype Capture”

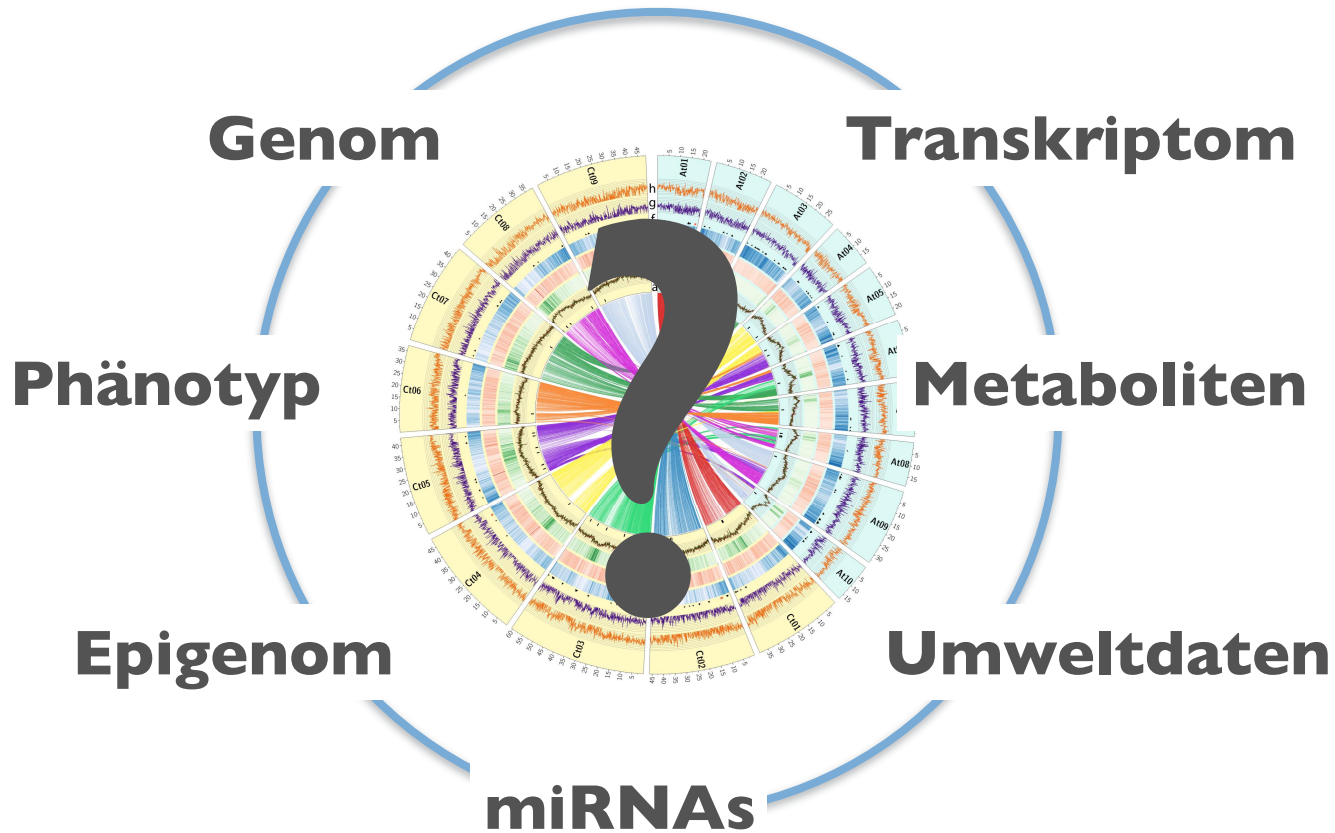
Genombasierte Identifizierung **diverser Ausgangslinien mit hoher GCA**

Genomsequenzierung der
Ausgangslinien, Chip-Profiling *aller*
Nachkommen auf GW-SNPs, CNV & PAV

GS-Modelle zur Selektion komplementäre
Haplotypen mit hohem Hybridpotential

Fixierung von **heterotischen Haplotypen** in divergenten Pools

Diffuse Daten aus großen
Zuchtpopulationen



Machine-Learning-
Algorithmen

Verbesserte Erfassung von Epistasie ~ fehlende Heritabilität?