

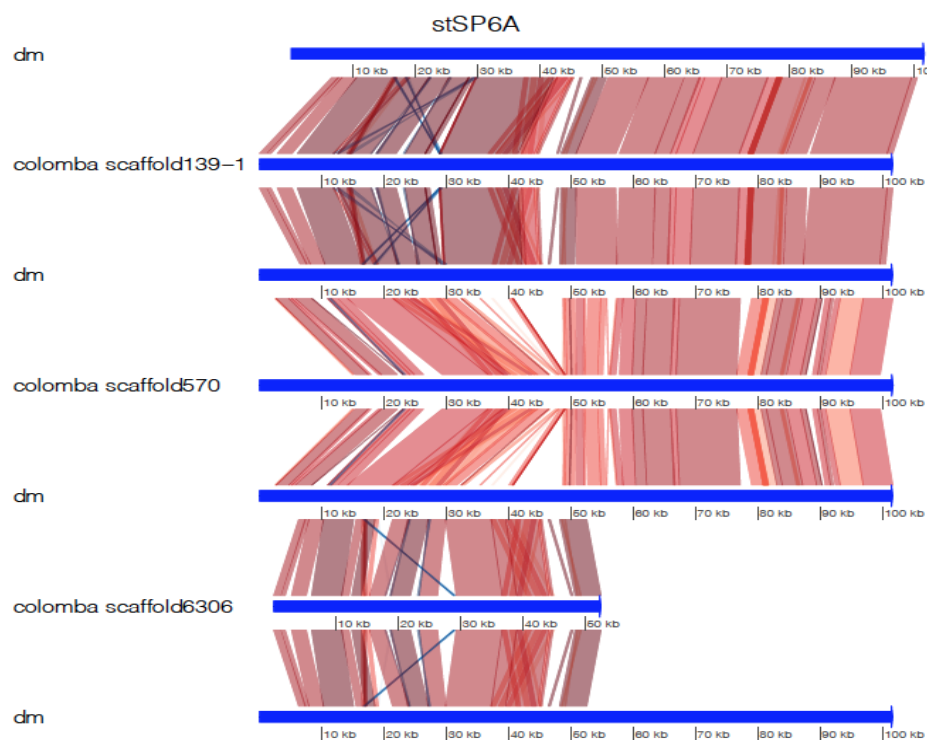
HIP-BB1.3: Markers en modellen voor opbrengst in aardappel

Wageningen Research: Dr Richard Finkers; Wageningen University: Dr Christian Bachem

In dit project worden de moleculaire "kranen" en "kleppen" in het transportsysteem van aardappelplanten onderzocht, het transport van metabolieten naar de knol is hierbij de focus. Eerder onderzoek heeft geleid tot de identificatie van een aantal sleuteleiwitten die fungeren als signaalmolecuul voor transport van suiker binnen de plant. In dit project wordt deze kennis gebruikt om aardappelveredeling mogelijk te maken op basis van efficiënt koolhydraat transport en een positief effect op opbrengststabiliteit en stresstolerantie.

Hoogtepunten per 1 januari 2020

Het eerste prototype is ontwikkeld van een software tool om de haplotype variatie in aardappel te onderzoeken door vergelijking van sequentie data uit verschillende bronnen. In eerste instantie is onderzocht hoe de verschillende analyse resultaten te visualiseren. Als voorbeeld zijn de en knolzettingen en bloei loci (stSP6A and stSP3D) gebruikt. De eerste testen en validatie van de onderliggende software (WhatsHap, SDHap and HapTree) is begonnen .



Illustratie. Sequentie gebaseerde organisatie van haplotypes uit Colomba in vergelijking met het DM referentie genoom. Colomba haplotype 570 heeft deleties en 6306 is korter dan de andere haplotypes. Onderzocht wordt of dit veroorzaakt wordt door een grote structurele reorganisatie of door een verkeerde sequentie assemblage.

Planning

De in het specificatie document vastgelegde eisen zullen verder uitgewerkt worden tot een tool, waarmee de variatie in de verschillende genen automatisch bekeken kan worden. Dit moet beschikbaar komen via een gebruikersvriendelijke online interface. Hiermee kan de variatie in grote sets van resequencing data en geassembleerde genomen bestudeerd en geanalyseerd worden.