

Infinium™ Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip

Eine fortschrittliche
Genotypisierungslösung
für Anwendungen bei der
Züchtung von Nutzpflanzen
und in der Forschung

- Unterschiedliche Weizen-SNPs aus dem weltweiten Keimplasma für Forschungs- und Zuchtungsanwendungen
- Die genaue Zuordnung zu unterschiedlichen Hintergründen ermöglicht den Vergleich von Sorten aus aller Welt
- Hochdurchsatzanalyse mit bis zu 96 Weizen- und Gerstenproben gleichzeitig auf jedem BeadChip
- Hochwertige Daten mit durchschnittlichen Call-Raten von 99 % und einer Reproduzierbarkeit von 99,9 %

illumina®

Einleitung

Weizen ist die weltweit am dritthäufigsten angebaute Nahrungspflanze, der überall eine wichtige Rolle bei der Versorgung von Menschen mit Kalorien, Ballaststoffen und Eiweiß zukommt.¹ Gerste ist eine weitere wichtige Nutzpflanze, die als Tierfutter ebenso zum Einsatz kommt wie bei der Getränkeproduktion und sich auch als Nahrungspflanze wachsender Beliebtheit erfreut.² Daher sind sowohl Weizen als auch Gerste Gegenstand umfassender Forschungs- und Züchtungsoptimierungsprogramme. Hierfür bietet Illumina den Infinium Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip (Abbildung 1).

Der Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip basiert auf bewährter Infinium Assay-Technologie mit den branchenweit höchsten Call-Raten und flexiblem Inhaltsdesign. Dank der Möglichkeit zur Zuordnung zu Weizen- und Gerstensorten aus aller Welt eignet sich dieser BeadChip für zahlreiche Anwendungen wie:

- Keimplasmabestimmung bei *H. vulgare*, hexaploidem Weizen (von Zucht- bis hin zu synthetischem Weizen) und tetraploidem Weizen (von *T. diccicum* bis hin zu *T. durum*)
- Merkmalsaufgliederung, von genomweiten Assoziationsstudien (GWAS) bis hin zu Genmapping
- Markergestützte Selektion
- Genomische Vorhersage
- Merkmalsintrogression von verwandten Spezies

Von Experten ausgewählter SNP-Inhalt für einen breiten Einsatz in Forschung und Züchtung

Der Infinium Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip wurde von Wissenschaftlern bei Agriculture Victoria in Australien in Zusammenarbeit mit Intergrain entwickelt, einem australischen Unternehmen, das sich auf die Züchtung von Weizen, Gerste und Hafer spezialisiert hat. Der hochdichte Wheat Barley BeadChip für die genomweite Genotypisierung umfasst insgesamt 35.052 informative SNP-Sonden (Single Nucleotide Polymorphism, Einzelnukleotid-Polymorphismus) aus den Genomen von Weizen und Gerste für die Untersuchung genetischer Varianten (Tabelle 1).

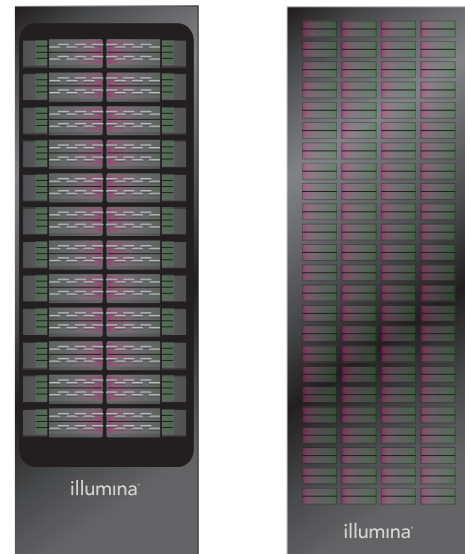


Abbildung 1: Infinium Wheat Barley BeadChip 40K v1.0 BeadChip: Der für mehrere Spezies geeignete Infinium Wheat Barley BeadChip ist in Formaten mit 24 und 96 Proben erhältlich und kann 22.163 Weizen- und/oder 12.889 Gersten-SNPs gleichzeitig analysieren.

Tabelle 1: Wichtige Informationen zum Infinium Wheat Barley BeadChip

Merkmal	Beschreibung
Spezies	Weizen und Gerste
Anzahl der Marker	Weizen: 22.163 Gerste: 12.889 Gesamt: 35.052 ^a
Call-Rate	Durchschnittlich 99 %
Reproduzierbarkeit	Durchschnittlich 99,9 %
Assay-Chemie	Infinium HTS oder XT
Anzahl der Proben je BeadChip	HTS-Format: 24 Proben XT-Format: 96 Proben
Erforderliche DNA-Zugabe	200 ng genomische DNA
Unterstützte Geräte	iScan-System
Scandauer je Probe ^b	30 Minuten
iScan-Probanddurchsatz ^b	HTS: ca. 5.760 Proben/Woche XT: ca. 23.040 Proben/Woche

a. Gegenüber dem ursprünglichen Assay mit 40.000 SNPs wurden 4.854 SNPs in Vorbereitung auf die Version 1.1 entfernt, der neue Inhalte hinzugefügt werden, mit denen die Einsetzbarkeit des Assays optimiert und erweitert wird. Die Entfernung der SNPs beeinträchtigt die beschriebene Einsetzbarkeit des Arrays nicht.

b. Bei den Angaben handelt es sich um Richtwerte. Scanzeiten und maximaler Durchsatz können je nach Labor- und Systemkonfigurationen variieren.

Tabelle 2: Die durchschnittliche Korrelation und Übereinstimmung zwischen dem Infinium Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip und exomsequenzierten Genotypen

	Mit heterozygoten Calls		Ohne heterozygote Calls	
	Korrelation (%)	Übereinstimmung (%)	Korrelation (%)	Übereinstimmung (%)
Weizen	95,7	98,1	98,1	99,5
Gerste	97,2	99,2	99,2	99,8

Dieser neue Wheat Barley BeadChip umfasst aktuelle Forschungsergebnisse und neu verfügbar gemachte Sequenzierungsdaten zur Exomvielfalt, die neue SNP-Ziele enthalten. Der SNP-Inhalt wurde in Hinblick auf eine zuverlässigere, genauere Zuordnung durch Tagging von LD-Blöcken in vielfältigem Keimplasma aus der ganzen Welt ausgewählt.

Merkmalspezifische SNPs für Weizen und Gerste sind enthalten, um die Einsetzbarkeit bei Züchtung und Forschung zu optimieren. Der Wheat Barley BeadChip zeichnet sich zudem durch eine höhere SNP-Assaydichte in Regionen mit hohen Rekombinationsraten aus und ermöglicht so die genaue Kartierung quantitativer Merkmalsloci (QTL, Quantitative Trait Loci) sowie die Entwicklung merkmalspezifischer Marker. Weizen- und Gerstenproben lassen sich an derselben Array-Position gleichzeitig analysieren, wodurch sich der Durchsatz erhöht und die Kosten halbieren.

Der Weizen-SNP-Inhalt basiert auf veröffentlichten und nicht veröffentlichten Daten aus 1.300 exomsequenzierten Weizenabstammungen. Der Inhalt wurde in Hinblick auf die maximale Erfassung der genetischen Vielfalt von 6.700 weltweit unterschiedlichen Abstammungen ausgewählt, darunter Landrassen, freigesetzte Sorten, synthetische Derivate, neue Merkmalspender und historische Zuchtlinien.³

Die Merkmale für Weizen umfassen Metallionen-Toleranzen, Widerstandsfähigkeit gegenüber Pilzen und Nematoden, Frosttoleranz, Phänologie, Glutenin-Untereinheiten, α -Amylase bei verspäteter Reifung (LMA, Late Maturity α -Amylase), Auswuchs (PHS, pre-harvest sprouting), Endverbrauchsqualität des Korns, Pflanzenhöhe und Herbizidresistenz.

Der Gersten-SNP-Inhalt basiert auf 262 exomsequenzierten *H. vulgare*-Landrassen und *H. spontanaeum*-Abstammungen, die in Hinblick auf die Erfassung der maximalen geografischen Vielfalt ausgewählt wurden, sowie 120 gesamtgenomsequenzierten historischen Zuchtlinien und Sequenzdaten aus 1.000 unterschiedlichen *H. vulgare*-Abstammungen aus der ganzen Welt.⁴⁻⁶

Die Merkmale für Gerste umfassen Metallionen-Toleranzen, Widerstandsfähigkeit gegenüber Pilzen und Nematoden, Frosttoleranz, Phänologie, Malzqualität, Korneigenschaften, Reihenanzahl und Herbizidresistenz.

Einfacher Workflow

Der Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip ist in Formaten mit 24 oder 96 Proben erhältlich (Abbildung 1). Der BeadChip zeichnet sich durch eine anwenderfreundliche, PCR-freie Vorbereitung in einem einzelnen Röhrchen aus, die Laborfehler sowie die falsche Handhabung von Proben deutlich reduziert.^{7,8} Dank der Eignung für mehrere Spezies lassen sich Weizen- und Gerstenproben auf den einzelnen BeadChips gleichzeitig verarbeiten.

Qualitativ hochwertige Daten

Mit dem iScan™-System, integrierter Analysesoftware und entweder dem Infinium-HTS-Assay (High-Throughput Screening, Screening mit hohem Durchsatz) mit 24 Proben oder dem XT-Assay mit 96 Proben bietet der Infinium Wheat Barley BeadChip besonders hohe Call-Raten und ermöglicht die flexible Entwicklung von Inhalten sowie die Erkennung und Bestimmung von Kopienzahlvarianten. Probenspezifische Genotypaufrufen zeigen eine hohe Übereinstimmung zwischen dem im Call ermittelten und dem tatsächlichen Genotyp (Tabelle 2).

Bestellinformationen

Wenden Sie sich bezüglich einer Bestellung des Infinium Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip an Ihren Ansprechpartner beim Vertrieb.

Produkt	Beschreibung
Infinium HTS iSelect-24 Kit^a	
Infinium HTS iSelect Custom BeadChip (48 Proben)	Jede Packung enthält zwei BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 48 DNA-Proben.
Infinium HTS iSelect Custom BeadChip (288 Proben)	Jede Packung enthält 12 BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 288 DNA-Proben.
Infinium HTS iSelect Custom BeadChip (1.152 Proben)	Jede Packung enthält 48 BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 1.152 DNA-Proben.
Infinium XT iSelect-96 Kit^b	
Infinium XT iSelect Custom BeadChip (1.152 Proben)	Jede Packung enthält 12 BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 1.152 DNA-Proben.
Infinium XT iSelect Custom BeadChip (4.608 Proben)	Jede Packung enthält 48 BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 4.608 DNA-Proben.
Infinium XT iSelect Custom BeadChip (23.040 Proben)	Jede Packung enthält 240 BeadChips sowie die Reagenzien für die Amplifikation, Fragmentierung, Hybridisierung, Kennzeichnung und Erkennung von 23.040 DNA-Proben.
<p>a. Jeder BeadChip kann zur Verarbeitung von 24 Proben verwendet werden. Die Mindestbestellmenge beträgt 288 Proben.</p> <p>b. Jeder BeadChip kann zur Verarbeitung von 96 Proben verwendet werden. Die Mindestbestellmenge beträgt 50.000 Proben.</p>	

Zusammenfassung

Fortschritte lassen sich bei der Erforschung von Nutzpflanzen nur anhand aktueller und umfassender genetischer Daten erzielen. Der für mehrere Spezies geeignete Infinium Wheat Barley 40K v1.0 BeadChip und das iScan-System sind die ideale Lösung für die wirtschaftliche Genanalyse unterschiedlicher Weizen- und Gerstensorten mit hohem Durchsatz. Wenden Sie sich an Ihren Ansprechpartner beim Vertrieb von Illumina, wenn Sie mehr über dieses leistungsstarke Tool für Anwendungen bei der Züchtung von Nahrungspflanzen sowie in der Forschung erfahren möchten.

Quellen

- Shewry PR, Hey SJ. [The contribution of wheat to human diet and health](#). *Food Energy Secur.* 2015;4(3):178-202.
- Newman RK, Newman CW. *Barley for Food and Health: Science, Technology, and Products*. John Wiley & Sons, Inc.; 2008.
- He F, Pasam R, Shi F, et al. [Exome sequencing highlights the role of wild-relative introgression in shaping the adaptive landscape of the wheat genome](#) [Überarbeitung veröffentlicht in *Nat Genet.* 2019 Jul;51(7):1194]. *Nat Genet.* 2019;51(5):896-904.
- Russell J, Mascher M, Dawson IK, et al. [Exome sequencing of geographically diverse barley landraces and wild relatives gives insights into environmental adaptation](#). *Nat Genet.* 2016;48(9):1024-1030.
- Milner SG, Jost M, Taketa S, et al. [Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection](#). *Nat Genet.* 2019;51(2):319-326.
- Hill CB, Angessa TT, McFawn LA, et al. [Hybridisation-based target enrichment of phenology genes to dissect the genetic basis of yield and adaptation in barley](#). *Plant Biotechnol J.* 2019;17(5):932-944.
- Gunderson KL, Steemers FJ, Lee G, Mendoza LG, Chee MS. [A genome-wide scalable SNP genotyping assay using microarray technology](#). *Nat Genet.* 2005;37(5):549-554.
- Steemers FJ, Chang W, Lee G, Barker DL, Shen R, Gunderson KL. [Whole-genome genotyping with the single-base extension assay](#). *Nat Methods.* 2006;3(1):31-33.

illumina[®]

1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) |
+1.858.202.4566 (Tel. ausserhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html. Pub.-Nr. M-NA-00004-deu v1.0.