

## Slutrapport ” Utveckling av en ny växtförädlingsmetod, genomisk selektion, för att förbättra sjukdomsresistens och avkastning hos rödklöver med bibehållet eller förbättrat fodervärde”



### Bakgrund

Detta har bedrivits som ett delprojekt inom Grogrundprojektet ” Genomisk selektion i rödklöver (*Trifolium pratense* L.). Syftet med projektet är att utveckla en ny förädlingsmetod, genomisk selektion, för att förbättra egenskaper som avkastning, sjukdomsresistens och uthållighet hos rödklöver vid bibehållet eller förbättrat fodervärde med avseende på protein, fiber och energi. Det nationella projektet finansieras med medel från SLU Grogrund – centrum för växtförädling av livsmedelsgrödor.

### Syfte

Syftet med detta delprojekt var att förse det stora projektet med data på foderkvalitetsparametrar genom att analysera på sådana.

### Genomförande

Delprojektet har genomförts enligt plan. Totalt 1248 st torkade rödklöverprover från 2021 och 2022 års skörd på Råde har skickats till Lantmännens laboratorium i Svalöv. Proverna har malts och analyserats med NIRS med avseende på råprotein, NDF (totalfiber), ADF (cellulosa+lignin), råfiber, socker, fruktan, råfett, aska, omsättbar energi och NE<sub>L</sub> (netto-energi för laktation). Detta har skett i

samarbete med VDLUFA (Verband Deutscher Landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten) i Tyskland. Proverna var av 532 stycken olika sorter. Det inkluderade vild klöver, lantraser, gamla sorter och de sorter som används för förädling idag.

## Resultat

Tillsammans med prover från Svalöv, Ås och Lännäs har korrelationerna mellan olika egenskaper analyseras. Korrelationerna för de viktigaste egenskaperna redovisas i Figur 1. Det är viktigt att kunskap om att ensidig förädling för en egenskap försämrar andra egenskaper. Till exempel skulle ensidig förädling för hög skörd ge lägre råproteinhalt, högre fiberinnehåll och lägre energiinnehåll.

	Skörd	Råprotein. %	NDF, %	NE <sub>L</sub>	Proteinskörd
Skörd	1,0000	-0,4799	0,2442	-0,1073	0,7661
Råprotein %	-0,4799	1,0000	-0,6494	0,4792	0,1880
NDF, %	0,2442	-0,6494	1,0000	-0,8363	-0,2105
NE <sub>L</sub>	-0,1073	0,4792	-0,08363	1,0000	0,2439
Proteinskörd	0,7661	0,1880	-0,2105	0,2439	1,0000

Figur 1. Korrelationen mellan avkastning och kvalitetsparametrar. Skörd = torrsubstansskörd per hektar, NDF, % = procent Neutral Detergent Fibre, NE<sub>L</sub> = Nettoenergi för Laktation, Proteinskörd = kg råprotein per hektar

Resultaten från foderkvalitetsanalyserna och andra fenotypiska data har jämförts mot genomdata och där hittade man 165 markörgener att använda i det fortsatta förädlingsarbetet med rödklöver. Genom att känna till vilka gener som påverkar olika parametrar effektiviteten i rödklöverförädlingen att öka. Det kommer att gå snabbare att ta fram nya rödklöversorter för nutida och framtida behov.

De gjorda analyserna har varit en del av det material som ligger till grund för Johanna Ostermans avhandling "Advancing red clover breeding through genomic selection methods".

## Publikationer

Osterman, J. 2024. Advancing red clover breeding through genomic selection methods. Diss. Acta Universitatis Agriculturae Sueciae 2024:33.

DOI: <https://doi.org/10.54612/a.70avv46bjm>

Osterman, J., Gutierrez L., Öhlund L., Hammenhag, C., Ortiz, R., Parsons, D., and Geleta, M. Comparison of single-trait and multitrait models for genomic prediction in red clover (manuscript)

Osterman, J., Gutierrez L., Öhlund L., Hammenhag, C., Ortiz, R., Parsons, D., and Geleta, M. Comparing longitudinal multi-trait GWAS to single-trait GWAS for yield and forage quality in red clover (manuscript)

### **Sammanfattning**

Totalt 1248 st rödklöver prover från 532 sorter analyserades utifrån deras foderkvalitetsegenskaper. Proverna kom från Rådde. Sorterna inkluderade vild klöver, lantraser, gamla sorter och de sorter som används för förädling idag. Tillsammans med prover från andra försöksstationer beräknades korrelationerna för de viktigaste egenskaperna beräknades. Genomstudien hittade 165 markörgener att använda i det fortsatta förädlingsarbetet med rödklöver. Genom att känna till vilka gener som påverkar olika parametrar effektiviteten i rödklöverförädlingen att öka. Det kommer att gå snabbare att ta fram nya rödklöversorter för nutida och framtida behov.