

# Bedrijven kunnen veel, maar

**Nu de genomen van veel gewassen in kaart zijn gebracht, is het werken met de sequenties voor veredelingsbedrijven dagelijkse kost geworden. Overheden steken minder geld in het onderzoek, en hopen dat bedrijven het stokje overnemen. Dat willen ze graag, zegt Henk Huits van Bejo Zaden, maar 'het is een kwestie van keuzes maken'. Zo investeert Bejo Zaden wel in het wortelgenoom, maar niet in sequencing van meloenen.**

**Sander Peters**, senior onderzoeker bio-science bij Plant Research International, onderdeel van Wageningen UR:

'We hebben nu een aantal projecten lopen waarbij we gebruik maken van de DNA-sequentie van tomaat. Twee ervan hebben betrekking op de meiose, de celdeling die planten gebruiken om stuifmeel en eicellen maken. Dat proces speelt een cruciale rol in veredeling. Tijdens de meiose wisselen chromosomen DNA uit. Die uitwisseling heb je bijvoorbeeld nodig om genen die wilde verwanten resistent maken tegen ziektes, in te kruisen in een commercieel tomatenras.

## *'Nieuwe analyses dankzij DNA-sequentie'*

Uiteindelijk wil je binnen een aantal kruisingen zoveel mogelijk DNA van je originele tomatenras overhouden, en naast het gen dat je zoekt, zo weinig mogelijk van de wilde soort. Wij werken nu aan een project dat mede wordt gefinancierd door Rijk Zwaan, waarin we op zoek gaan naar de genen die de recombinatie tijdens een meiose sturen. Planten hebben bijvoorbeeld een ingebouwde beperking die ervoor zorgt dat het DNA op bepaalde plekken bijna niet uitgewisseld wordt. Als we een manier vinden om dat controlemechanisme uit te schakelen, kunnen veredelaars wellicht snellere kruisingsschema's opstellen, waarbij minder ongewenst DNA achterblijft. Als we meer weten van die genen, hopen we de frequentie waarmee delen van het DNA uitgewisseld worden en de plaats waar dat gebeurt, te kunnen sturen.

In een ander project, COMREC, kijken we naar de structuur van het genoom, om te voorspellen welke wilde verwanten van de tomaat bronnen kunnen zijn voor nieuwe genen. Als je tomaten met een verwante wilde soort kruist, zullen alleen die delen van het genoom uitwisselen die een vergelijkbare sequentie hebben.

Die delen van het DNA liggen tijdens de celdeling bij elkaar en kunnen dan uitwisselen. We zijn nu op zoek naar goede manieren om snel te kunnen analyseren welke kruisingen succes kunnen opleveren en welke niet. Op basis van sequentie-analyse willen we kunnen gaan voorspellen welke combinaties van ouders werken, en tijdrovende of kansloze combinaties op voorhand kunnen uitsluiten. Zulke analyses hadden we niet kunnen doen zonder de DNA-sequentie van tomaat te kennen.

Nu grote projecten als het Centrum voor BioSystems Genomics (CBSG) en het technologisch topinstituut Groene Genetica aflopen, zal er de komende jaren minder geld beschikbaar komen vanuit de overheid voor sequencing. De competitie tussen onderzoeksinstituten zal daardoor groeien. We zullen daarom bij onze acquisitie nog duidelijker moeten maken wat de mogelijke toepassingen van kennis is. Bedrijven droegen aan projecten van het topinstituut Groene genetica vijftig procent van de kosten bij, bij de topsector Tuinbouw en Uitgangsmaterialen betalen ze voor toepassingsgerichte projecten waarschijnlijk 75 procent. Voor zo'n bijdrage wil je natuurlijk wel boter bij de vis.'

**Maikel Aveskamp**, hoofd champignon-onderzoek bij Limgroup in Horst:

'Qua productie is Nederland op champignongebied groot in de wereld, maar niet voor uitgangsmateriaal. In Nederland zijn wij sinds 2009 de enige die aan nieuwe rassen werken, al zijn we nog niet zo ver dat ze de commerciële fase in kunnen.

Omdat vorig jaar het champignongenoom is gepubliceerd, hebben we al wel stammen uit onze collectie volledig kunnen sequencen. De DNA-volgorde bepalen is veel makkelijker als er al een mal bestaat, een de-novo sequence als voorbeeld om de losse stukjes DNA goed achter elkaar te kunnen zetten. De volgende stap, de koppeling van genen

# niet alles

aan eigenschappen en ontdekken hoe genen met elkaar interacteren, is lastiger. Dat vraagt nieuwe kennis op het gebied van bioinformatica en celbiologie. Die fundamentele kennis is voor champignon helaas nog niet publiek beschikbaar.

## *‘Genen koppelen aan eigenschappen is nog lastig’*

Om gericht te kunnen gaan sturen op de overerving van eigenschappen, willen we ook de meiose nog onder controle krijgen. Doordat een DNA-streng wordt gevouwen, kunnen er stukjes DNA vaker of minder vaak worden afgelezen, wat kleine verschillen in uiterlijk of groei kan veroorzaken. Daar hebben we nu met Wageningen een project op lopen. We werken daarnaast samen aan een definitie van een champignonras, op basis van genomesequentie, om zo te komen tot betere Europese rasbescherming.

Wil je in Nederland een champignonsector van belang houden, dan moet Nederland zich gaan onderscheiden op kwaliteit of technische vernieuwing; van gerobotiseerd plukken tot nieuwe substraten. Ook is er wereldwijd vraag naar nieuwe rassen. Daarom het is wel jammer dat er nauwelijks Nederlandse onderzoekers en studenten gespecialiseerd zijn in champignons.’

**Henk Huits**, teamleider merkertehnologie en genomics bij Bejo Zaden in Warmenhuizen, veredelingsbedrijf voor groentezaden:

‘Als ik heel eerlijk ben, zou ik voor al onze gewassen de genomesequentie willen hebben. Het is een basistool aan het worden dat de veredeling ondersteunt. Veredelen met behulp van een genomesequentie is efficiënter en sneller dan traditioneel kruisen. Je kunt van tevoren in het lab testen of een eigenschap aanwezig is, en hoeft dus niet te wachten op veldproeven en toetsen voor je het opnieuw kunt proberen. Verder draagt een genomesequentie bij aan vernieuwing. Het maakt het makkelijker om bij een wilde variant op zoek te gaan naar een resistentie of andere interessante eigenschap en die

snel in veredelingsmateriaal in te brengen.’ ‘Dat nog niet van alle gewassen het genoom bekend is, is een kwestie van geld en keuzes moeten maken. Zo hebben wij ons niet aangesloten bij een initiatief rond meloen, maar wel bij een consortium van enkele bedrijven voor het sequencen van het wortelgenoom. Initiatiefnemer daarvan was een Amerikaanse onderzoeker, die al heel lang aan wortel werkt.

Ui is een ander verhaal. Daar zit je op de rand van wat technisch mogelijk is, zowel soft- als hardwarematig, omdat ui een enorm groot genoom heeft: 16 miljard baseparen, ruim vijf keer meer dan de mens. Daarbij bevat het ook nog heel veel repetitieve sequenties – meer dan 95 procent bestaat uit stukken die zich herhalen. Toch willen we erin investeren; ui is een van onze drie hoofdgewassen naast kool en wortel.

## *‘We zijn afhankelijk van methodiekontwikkeling’*

We hebben ook al stappen gezet in samenwerking met Wageningen UR en een technologisch bedrijf. Maar we zijn wel afhankelijk van methodiekontwikkeling.’

‘Om de noodzakelijke vernieuwing van gewassen in gang te houden, zou de overheid de drempel naar genomesequencing kunnen helpen verlagen. Genoeg en goede voeding voor de toekomst is tenslotte ook een maatschappelijk belang. Ui is na tomaat het tweede gewas wereldwijd, en overal een basis-ingrediënt; in India hebben hoge uienprijzen al tot onrust en politieke problemen geleid. Omdat er steeds minder gewasbeschermingsmiddelen zijn toegestaan, willen wij in ui graag nieuwe resistentiegenen inkruisen. Ook willen we inspelen op nieuwe groeiomstandigheden door klimaatverandering, voor meer oogstzekerheid overal ter wereld. Maar dan moeten we wel goed gebruik kunnen maken van wild en verwant materiaal. Daarvoor zijn een genomesequentie en grote aantallen merkers een voorwaarde.’

