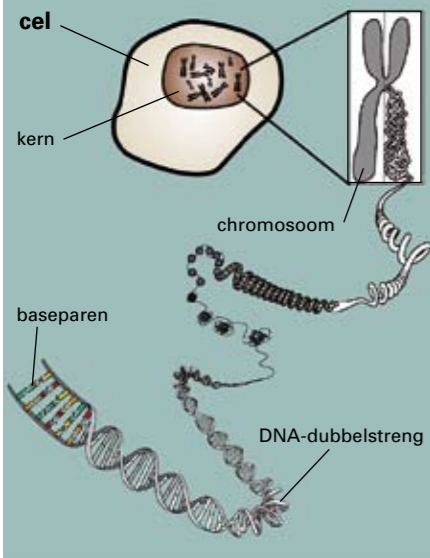


In de serie 'Alles is chemie' houdt VeeteeltVlees de erfelijke basis van de rundveefokkerij tegen het licht. In dit derde deel kijken we met een vergrootglas naar wat zich op DNA-niveau afspeelt.



Wetenschappers hebben al veel DNA-geheimen ontsluit, zoals de ruimtelijke structuur en de samenstelling. Maar er is nog veel te ontdekken. De natuur geeft zich zomaar niet bloot.

Het DNA is in alle bekende organismen de belangrijkste drager van de erfelijke informatie of de genen. Alle genen samen noemt men het genoom. Eén gen bevat over het algemeen de instruc-

ties voor het aanmaken (coderen) van één bepaald soort eiwit. Die eiwitten zijn op hun beurt bepalend voor de biologische activiteiten van een cel. Naar schatting codeert slechts vijf procent van het DNA daadwerkelijk voor een eiwit. Dat betekent dat 95 procent van het DNA geen functie zou hebben. Het niet-coderende DNA wordt het junk-DNA genoemd. Lange tijd is gedacht dat het junk-DNA geen rol speelde. De inzichten daarover zijn aan het veranderen. Waarschijnlijk heeft het junk-DNA een functie bij de regulatie van de genexpressie tijdens de groei en ontwikkeling van het organisme vlak na de bevruchting.

Wat is DNA eigenlijk?

Een DNA-molecuul bestaat uit twee strengen van nucleotiden die samen een dubbele helix of spiraal vormen (zie figuur in introkader). Een nucleotide is een chemische verbinding en bestaat zelf uit een stikstofhoudende base, een suiker en een fosforzuur.

Er zijn vier verschillende nucleotiden te onderscheiden naargelang de stikstofhoudende base adenine (A), guanine (G), cytosine (C) of thymine (T) is. Adenine vormt altijd een paar met thymine (en omgekeerd) en guanine vormt een paar met cytosine (en omgekeerd) en worden daarom baseparen genoemd. Deze twee baseparen passen als puzzelstukjes in elkaar, de vorming van een basepaar met een andere base gaat niet of moeilijk. De twee strengen van de dubbele helix zijn door middel van die baseparen aan elkaar gekoppeld. De baseparen vormen hierbij als het ware de treden van een ladder. Om de gedachten te vestigen: bij het rund zijn er zo'n drie miljard baseparen. Ander wetenswaardigheidje: een DNA-keten is 22 tot 26 ångström (Å) breed. Eén ångström is een tienmiljardste deel van een meter. Eén nucleotide is 3,3 ångström lang.

De volgorde van nucleotiden in een

streng wordt een sequentie genoemd. Genen bestaan uit één of meer sequenties. Aangezien er theoretisch oneindig veel sequenties mogelijk zijn, is het aantal genen theoretisch ook oneindig. Maar binnen het DNA zijn er ook duidelijke gebieden aan te wijzen die bestaan uit een reeks zich voortdurend herhalende nucleotiden. Deze gebieden zijn gemakkelijk te herkennen en kunnen als merkers (referentiepunten) worden gebruikt. Een genetische merker is dus niets anders dan een deel van een DNA-sequentie in de nabijheid van een gen.

Nog geen leesbaar boek

Planten hebben de meeste genen, rond de vijftigduizend. Zoogdieren, zoals de mens, hebben er ongeveer vijftienduizend, het rund naar schatting tussen de twintig- en dertigduizend.

De DNA-structuur van het herefordrund is sinds 2006 volledig gesequenceerd. Wetenschappers kennen dus exact de volgorde van de nucleotiden. Maar welke sequenties nu welke genen vormen, is op dit ogenblik nog allerminst bekend. Het is als volgt te vergelijken: het (DNA-)boek heeft dertig hoofdstukken (= chromosomenparen); alle letters (= nucleotiden) in de hoofdstukken van het boek zijn bekend. Maar men weet nog niet welke letters welke woorden (= genen) vormen. Bovendien hebben woorden slechts een betekenis als ze in een zin staan. Die zin (= functie van genen) is in de meeste gevallen nog niet bekend.

In het functioneel genomonderzoek tracht men de betekenis van die woorden te vinden door de koppeling te maken met praktijkbevindingen (verschillen in groei, voederefficiëntie et cetera). Het boek is dus nog niet volledig leesbaar.

Een andere vergelijking is te maken met de volgende letterwoordenpuzzel:

KTVALLESBTVKLGISHLKJHMQKLGTEK-
JDDSFJHERLEIDENAATOTJDICHEMIE

Door enkele letters te schrappen ontstaan woorden die de zin vormen: 'Alles is te herleiden tot chemie'.

Het 'omics'-tijdperk

Analyse van het DNA is maar een deel van het verhaal. DNA wordt overgeschreven naar mRNA in de celkern en dit mRNA wordt vervolgens vertaald naar de productie van eiwitten, die de bouwstenen zijn van onder andere spierweefsel. Deze processen worden door verschillende factoren geregeld, zodat de mate waarin eiwitten tot uitdrukking komen sterk kan verschillen. Verschillen in expressieniveau worden onderzocht in het transcriptomics-onderzoek.

Het zijn uiteindelijk de hoeveelheden en de specifieke eigenschappen van de eiwitten die aangemaakt worden, die grotendeels zullen bepalen welk type spierweefsel aangemaakt zal worden en hoe dieren functioneren. Als complement van het genoom spreekt men in dit verband van het proteoom (afgeleid van proteïne, eiwit). Proteomics omvat de studie van het proteoom, bijvoorbeeld de expressie van eiwitten onder invloed van genetische factoren, maar ook omgevingsfactoren en interacties tussen eiwitten. Anders dan bij genomics is men bij proteomics vooral geïnteresseerd in een groot aantal eiwitten tegelijkertijd, hoe de uiting ervan beïnvloed wordt door een of andere factor en hoe eiwitten elkaar beïnvloeden.

Omdat men juist talrijke genen en eiwitten tegelijk wenst te bestuderen, leunen deze wetenschappen sterk op bio-informatica. Bio-informatica verwerkt grote hoeveelheden gegevens betreffende genen of eiwitten door middel van speciale software. Uiteindelijk wil men aan de hand hiervan meer inzicht krijgen in het volledige metabolisme en de fysiologie van dieren.

Guy Nantier



Mals- en anti-mals-gen van het vlees gevonden

Door moleculair onderzoek heeft men in een Australische populatie runderen vastgesteld dat er verschillende varianten in het calpastatine-gen op chromosoom 7 aanwezig zijn. Die verschillen uiten zich in de meer of mindere vorming van het calpastatine-eiwit, wat zich vertaalt naar verschillen in malsheid. Aangezien elk individu twee genen heeft, kan een rund nul, één of twee gunstige varianten hebben van het calpastatine-gen. De merkertest GeneSTAR Tenderness laat toe om dit na te gaan. Kennis van de afstamming van het dier is niet nodig. Op een groot aantal dieren vond men bij de dieren met twee gunstige varianten slechts acht procent 'taaie' karkassen, ten opzichte van 21 procent taaie karkassen bij de dieren zonder gunstig gen. Bij de dieren met één gunstig gen was het resultaat gemiddeld. De malsheid werd hier beoordeeld op basis van de scheurkracht van het vlees, dit is de kracht die nodig is om een gestandaardiseerd stukje vlees door te scheuren. Hoe hoger deze scheurkrachtwaaarde, hoe taaiër het vlees.

Naast een merkertest voor malsheid is er nog een andere merkertest op de markt, de GeneSTAR Marbling-test.

Deze laat toe om dieren met een verhoogde marmering of met vetdoorrengen vlees te selecteren.

Onderzoekers aan het INRA, het Franse landbouwonderzoeksinstituut, hebben recent via transcriptomics een gen gevonden dat tot 63 procent van de variabiliteit in de malsheid van het vlees van charolaisdieren verklaart. Het INRA-team kwam in zijn onderzoek uit op 215 genen die de malsheid, de sappigheid of de smaak van het vlees beïnvloeden bij het charolaisras. 23 genen hadden een sterke positieve correlatie met het kenmerk malsheid, 18 genen waren sterk gecorreleerd met sappigheid en smaak. Slechts één gen, het DNAJA1-gen, had een zeer sterke, negatieve correlatie met malsheid. Het gen codeert voor het hsp40-proteïne. Dit eiwit vertraagt de celfbraak bij het rijpingsproces en dus de malsheid van het vlees na de slacht. Dieren die drager zijn van het gen produceren dus taaier vlees.

De bevestiging dat dit gen onder praktijkomstandigheden en op grote schaal hiervoor verantwoordelijk is, moet nog worden aangetoond voordat er een routinemerkestest beschikbaar komt. Dat is een kwestie van enkele jaren.

De genetische code bij het rund ontr afeld, maar helaas nog niet leesbaar

In de ban van het gen