

AARDAPPELGENOOM IS BIJNA AF



Het aflezen van het aardappelgenoom was eigenlijk onbegonnen werk, omdat de aardappel van elk chromosoom vier versies bezit. Genetici maakten daarom een pieper met één chromosoomvariant. Zondag verschijnt de dna-volgorde in *Nature*.

‘Het gangbare idee was: dat zal nooit lukken’, zegt Christian Bachem, geneticus bij Wageningen UR Plantenveredeling en projectleider van het Potato Genome Sequencing Consortium. Wageningen UR coördineert de internationale zoektocht naar de dna-volgorde van de aardappel. Instellingen uit veertien landen deden eraan mee.

De opmerking van Bachem slaat op het zeer complexe genoom van de pieper. Het is een tetraploïde gewas: in de celkern van de aardappel zijn van elk van de twaalf chromosomen vier exemplaren aanwezig. Elk gen komt dus ten minste vier keer voor in het genoom. Het is heel erg lastig om de positie van die genen te bepalen, als je bedenkt dat de aardappel niet minder dan 36.000 genen telt. ‘Je hebt steeds vier verschillende sequentiemogelijkheden voor één plek op het genoom.’ Met de gangbare technieken hadden de onderzoekers na drie jaar twintig procent van de genoomsequentie in kaart gebracht.

KLEURTJES


Een lang voortslepend proces van knippen en plakken met stukjes aardappelgenoom lag in het verschiep, maar in 2008 kwam een nieuwe generatie van technieken op de markt. Hiermee konden ze veel meer kleine stukjes DNA sequencen. Door aan iedere base een eigen kleurtje te hangen, konden ze de fragmenten door de computer aan elkaar laten plakken. Dat gaat een factor 200 sneller. Bovendien konden ze in één klap de aardappelsequenties van het gehele genoom verzamelen en van daaruit de twaalf chromosomen ‘assembleren’.

De nieuwe aanpak had één nadeel: hij weet zich geen raad met tetraploïde genomen, waarbij dus vier varianten van een chromosoom voorkomen. Daarom stapten de onderzoekers over op de wilde soort *Solanum phureja*. Amerikaanse genetici maakten een bijzondere variant van deze aardappel, die van elk chromosoom niet vier maar slechts twee en dan ook nog dezelfde varianten bezit. Deze aardappel komt niet voor in de natuur, maar is ideaal voor genoomanalyse.

Een Solexa-machine in het Beijing Genomics Institute deed het hele genoom in minder dan een jaar. Dat wil zeggen: 85 procent van het genoom is nu bekend. Onderzoekers kunnen het genoom van aardappels in het veld nu vergelijken met het genoom van de onderzochte aardappel en daarmee gemakkelijker genetische merkers vinden

De wilde aardappelen uit de Andes bezitten een grote genetische diversiteit met resistentiegenen tegen ziekten en plagen

van nuttige eigenschappen. Juist de wilde aardappelen uit de Andes bezitten een grote genetische diversiteit, waar je bijvoorbeeld resistentiegenen tegen ziekten en plagen in kunt vinden. Die genen wil je vinden om in te kruisen.

Eenvoudig is dat nog steeds niet, omdat de aardappel vier chromosomen heeft die bij kruisingen tot verschillende uitkomsten kunnen leiden. Daarbij is het maar de vraag of de gunstige eigenschap overerft. Daarom is aardappelveredeling een langdurige activiteit en werken veredelingsbedrijven vooral met vegetatieve vermeerdering (kloneren) van uitmuntende tetraploïde aardappels. ‘Daarmee fixeren ze de genetische informatie’, zegt Bachem. Door de kennis van het aardappelgenoom is het resultaat van veredeling straks veel gericht en voorspelbaarder.  Albert Sikkema

[E]

GENOME SUDOKU

No one thought it would ever be possible to map the genome of the potato, says Wageningen’s Christian Bachem, who manages the Potato Genome Sequencing Consortium. The potato genome is so complex that geneticists had to cut it up into 80,000 fragments and then put them back together correctly. After three years of work on this enormous sudoku they had 20% of the genome sequence. Then in 2008 came a technological breakthrough that meant the computer could take over, matching up fragments 200 times faster. It did mean creating a new genetically simpler variety, which was done in America. Then the Beijing Genomics Institute mapped the genome in less than a year. The genome sequence obtained makes it possible to find genes for resistance to pest and diseases and to improve potato plant breeding techniques. The research results will be published soon.

The full story?
resource.wur.nl/en