

Tomatengenen zijn goud waard

Hij is er: de volledige beschrijving van het genenpakket van de tomaat. Daarmee kunnen veredelaars gericht op zoek gaan naar genen om hun tomaten lekkerder en mooier te maken, en minder vatbaar voor ziekten.

TEKST NIENKE BEINTEMA FOTOGRAFIE AGE





Negen jaar zijn ze bezig geweest; driehonderd onderzoekers uit veertien verschillende landen. Maar nu ligt hij er: een nauwkeurige beschrijving van het DNA van de tomaat. Afgelopen mei werd het tomatengenoom gepubliceerd in het wetenschappelijke tijdschrift *Nature*.

De tomaat is niet de eerste groente die is gesequencet. Van bijvoorbeeld Chinese kool, komkommer en soja was de genenvolgorde al eerder bekend. Maar volgens René Klein Lankhorst van Plant Research International, onderdeel van Wageningen UR, is het belang van het tomatengenoom tot nu toe het grootst. 'Tomaat is wereldwijd een van de belangrijkste groenten, een belangrijke bron van vitamine C in het menselijke dieet. En voor de Nederlandse economie is de tomaat het grootste groente-exportgewas. De export van tomaten en tomatenzaad is jaarlijks goed voor honderden miljoenen euro's.'

Er is nog iets wat het tomatengenoom bijzonder maakt, vervolgt Klein Lankhorst. 'Ik durf wel te stellen dat het kwalitatief tot de beste drie plantengenomen behoort die tot nu toe in kaart zijn gebracht. Veel gesequencete genomen bevatten nog blinde vlekken, maar bij de tomaat zijn dat er veel minder dan gemiddeld.' Daar werkten ook een aantal Nederlandse partners aan mee, waaronder biotechnologiebedrijf Keygene, Plant Research International en twee afdelingen van Wageningen University (onderdeel van Wageningen UR): de leerstoelgroep Erfelijkheidsleer en het Laboratorium voor Plantenveredeling. Als geheel speelde Wageningen UR een relatief grote rol, vertelt Klein Lankhorst. 'Wij hebben gezorgd voor de informatietechnologie die nodig was om het genoom in elkaar te puzzelen', vertelt hij. 'Het tomatengenoom bestaat uit zo'n 35 duizend genen, en in totaal uit meer dan 800 miljoen basenparen. Het sequensen >

levert fragmentjes op die elk 50 tot 2.000 basenparen lang zijn, en vaak wel duizend keer gerepeteerd zijn. Wil je de juiste volgorde van die fragmenten bepalen, dan zit je dus met een legpuzzel van miljarden stukjes.'

Hoe je die in elkaar legt? De fragmentjes overlappen gedeeltelijk, legt Klein Lankhorst uit. De Wageningse bioinformatici hebben software ontwikkeld waarmee je die stukjes overlap kunt identificeren en de fragmenten vervolgens dakpansgewijs op elkaar kunt passen. Dat is geen eenvoudige zaak, stelt de onderzoeker. 'Het is informatietechnologie van de bovenste plank. En je hebt er computers voor nodig met een enorme rekenkracht.'

LETTERBRIJ VOOR GENETICI

Zodra de basenvolgorde bekend is, zijn de genetici aan zet. Zij willen weten uit welke genen die letterbrij is opgebouwd. Maar hoe weet je waar het ene gen ophoudt en het andere begint? 'Het is al langer bekend hoe genen er zo ongeveer uitzien', vertelt Klein Lankhorst. 'Allemaal hebben ze ruwweg dezelfde opbouw. Ze beginnen bijvoorbeeld allemaal met precies dezelfde drielettercode. Als je met de computer daarop zoekt, dan weet je precies welke genen er in het genoom zitten.' Maar dan weet je natuurlijk nog niet wat die genen betekenen, met andere woorden: voor welke eigenschappen ze coderen. 'Gelukkig hoefden we niet bij nul te beginnen', zegt de Wageningse onderzoeker. 'We konden voortbouwen op bestaande kennis over de genen van planten, dieren en micro-organismen. Voor veel processen gebruiken die namelijk sterk vergelijkbare genen, of zelfs precies dezelfde. Die kennis is verzameld in databases waar je gemakkelijk in kunt zoeken.'

Op die manier heeft het consortium de functie kunnen achterhalen van maar liefst 70 procent van de tomatengenomen – althans, in grote lijnen. In veel gevallen moeten de onderzoekers nog controleren of gen X in de tomaat inderdaad dezelfde functie heeft als in de andere organismen met datzelfde gen. En ze willen natuurlijk uitvin-

den waar de overige 30 procent van de tomatengenomen voor dient – nog altijd zo'n 10 duizend genen. Voor beide taken moeten ze de labjas aantrekken. 'De functie van genen achterhalen, is monnikenwerk', vertelt Klein Lankhorst. 'Het is een kwestie van genen uitschakelen, of juist toevoegen, of in een andere plant inbrengen, en dan kijken wat daarvan het effect is.'

Gelukkig hebben de onderzoekers vaak wel een startpunt, dankzij de genendatabases. 'Genen die te maken hebben met resistentie tegen ziekten en plagen, lijken bijvoorbeeld erg op elkaar bij verschillende plantensoorten. Kom je zo'n resistentiegen tegen, dan is het alleen een kwestie van achterhalen tegen welke ziekte dat gen beschermt.'

Andersom kunnen veredelaars nu binnen het ontrafelde tomatengenoom heel gericht op zoek gaan naar genen voor een bepaalde ziekteresistentie. Of voor talloze andere eigenschappen, zoals kleur, geur, smaak en grootte. Want dat is waar het hele project uiteindelijk om draait, aldus Klein Lankhorst. 'Natuurlijk zijn wij als genetici en biologen heel nieuwsgierig naar hoe dit genoom is opgebouwd, maar uiteindelijk is het natuurlijk de bedoeling dat die kennis zijn weg vindt naar de praktijk. De bal ligt nu bij de veredelaars. Zij mogen bepalen met welke eigenschappen ze aan de gang gaan. Zij kunnen inschatten hoe de markt zich ontwikkelt en wat de consument wil.'

GROOT EN ZOET

De gemiddelde tomaat zoals die nu in de schappen ligt, is het product van jarenlange, geavanceerde veredeling. Toch valt er nog veel aan te verbeteren. 'Erg belangrijk voor de veredelaars is het verband tussen de smaak en de grootte', vertelt Klein Lankhorst. 'Grotere tomaten zijn over het algemeen minder zoet. Bedrijven willen tomaten ontwikkelen die én groot zijn én zo zoet als een cherrytomaatje. En liefst ook nog in verschillende kleuren: helderrood en -geel. Want dat is wat de consument graag wil.' Een andere consumentenwens is een tomaat die zo gezond mogelijk is. Daarom experimenteren veredelaars ook met het gehalte aan vitamine C of anti-oxidanten.

Verder zijn er eigenschappen die voor telers interessant zijn: zij willen tomatenrassen die toe kunnen met minder water en energie en die beter bestand zijn tegen hit-



'De functie van genen achterhalen, is monnikenwerk'

te, ziekten en plagen. Ten slotte zijn er eigenschappen waar vooral winkeliers op letten: hoe houdt de tomaat zich tijdens het transport? Blijft hij mooi glad of ligt hij gebutst en gerimpeld in de schappen? En hoe lang kan hij schimmels buiten de deur houden? Al met al is veredeling een zoektocht naar het beste compromis tussen al die verschillende eisen.

De essentie van veredeling is vandaag da dag nog precies hetzelfde als eeuwen geleden. Het is een kwestie van veelbelovende lijnen met elkaar kruisen, in talloze verschillende combinaties, en vervolgens nakomelingen selecteren die zo veel mogelijk van de gewenste eigenschappen in zich verenigen. Die nakomelingen kruis je weer selectief met elkaar, net zolang totdat je tevreden bent. Dat klinkt gemakkelijker dan het is: met iedere kruising komen ook ongewenste eigenschappen mee, die je dan weer door kruising moet zien kwijt te raken. Al met al gaan er vele generaties planten overheen voordat een tomatenlijn daadwerkelijk een stapje beter is geworden.

INZOOMEN OP GENEN

Dat werk wordt wel een heel stuk gemakkelijker nu de genekaart op tafel ligt. Veredelaars kunnen voortaan veel sneller inzoomen op genen die ze wel of juist niet willen hebben. Ze kunnen gemakkelijker nagaan welk DNA is meegekomen met een bepaalde kruising, en nauwkeurig gebieden van het genoom selecteren waarop meerdere gewenste eigenschappen vlak bij elkaar liggen. Klein Lankhorst: 'Ik verwacht dat het ontwikkelen van nieuwe tomatenlijnen nu niet langer een kwestie van



FOTO BART DE GOUW

RENÉ KLEIN LANKHORST, Plant Research International

'De bal ligt nu bij de veredelaars, zij mogen bepalen met welke eigenschappen ze aan de gang gaan.'

tientallen jaren is, maar van enkele jaren. Als je het DNA vergelijkt met het wegnen van Europa, dan is het alsof veredelaars nu een geavanceerde tomtom hebben die elk straatje kent, terwijl ze het voorheen moesten doen met een kaart van het Romeinse Rijk.'

Veredelaars kunnen volgens Klein Lankhorst nu ook gericht aan de slag met groenten die nauw verwant zijn aan de tomaat, zoals aardappel, paprika en aubergine. Zelf zitten de Wageningen ook niet stil. Het Laboratorium voor Plantenveredeling en het cluster Bioinformatica van Plant Research International zullen de komende jaren, samen met partners in China, een leidende rol spelen in het vervolgtraject. Samen gaan de instituten het genoom in kaart brengen van 150 andere tomaatvariëteiten, waaronder een aantal oude rassen. Die hebben wellicht genen voor bepaalde nuttige eigenschappen die in de afgelopen eeuwen tijdens de selectieve veredeling verloren zijn gegaan. 'Als je weet om welke genen het gaat, en welke eigenschappen die genen vertegenwoordigen', zegt Klein Lankhorst, 'dan kun je die nuttige eigenschappen relatief eenvoudig weer terugkruisen in de moderne tomatenrassen'.

Het ontrafelen van het eerste tomatengenoom kostte bijna een decennium; is het sequensen van 150 tomatenvariëteiten dan geen onbegonnen werk? 'Nee', zegt Klein Lankhorst stellig. 'Door het sequensen van de eerste tomaat is het meeste werk al gedaan; het gaat nu verder om relatief kleine verschillen in bepaalde genregio's. Bovendien zijn de technieken in de laatste jaren spectaculair verbeterd. Wat voorheen een paar jaar kostte, is nu binnen een maand te doen.' ■

