

'Chocola' maken van de meloen

26 januari 2015

Sneller veredelen dankzij slimme combinatie van technieken. Veredelingsprogramma's kunnen spectaculair worden versneld. Het ontwikkelen van een nieuw ras kost straks misschien nog maar twee jaar in plaats van vijf tot tien. Dat is te danken aan nieuwe slimme combinaties van state of the art moleculaire technieken.

DNA-sequentiedata zijn nu rechtstreeks in verband te brengen met belangrijke erfelijke eigenschappen zoals ziekteresistentie, smaak en houdbaarheid. "Vroeger konden we daar geen chocola van maken, daardoor waren veredelingsprogramma's tijdrovend en weinig specifiek", zegt bio-informaticus dr. ir. Sander Peters van Wageningen UR. "Door de informatie uit de sequentiedata goed te analyseren, kan de veredelaar nu veel doelgerichter naar gewenste eigenschappen zoeken en veel gerichtere geschikte combinaties van kruisingsouders maken. Die kennis is goud waard! Samen met bedrijven ontwikkelen we die kennis nu bijvoorbeeld voor meloen."

100 Meloen Genoom

Peters leidt het nieuwe '100 Meloen Genoom'-Project, waarin Wageningen nu al samenwerkt met vijf veredelingsbedrijven, zoals het Thaise East-West Seed. Penvoerder van het project is dr. Rob Dirks van Rijk Zwaan Breeding bv. Vanuit Wageningen University brengt hoogleraar Hans de Jong de benodigde genetische expertise in en Willem van Dooijeweert van het [Centrum Genetische bronnen Nederland](http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Wettelijke-Onderzoekstaken/Centrum-voor-Genetische-Bronnen-Nederland-1.htm) (<http://www.wur.nl/nl/Expertises-Dienstverlening/Wettelijke-Onderzoekstaken/Centrum-voor-Genetische-Bronnen-Nederland-1.htm>) (CGN) de meloencultuur-collectie. Samen gaan de deelnemers genomen van 100 meloenrassen en vijf wilde verwanten ontsluiten. Het project is een met nieuwe innovaties uitgeruste opvolger van het zeer succesvolle '[150 Tomato Genome Sequencing project](http://edepot.wur.nl/258502)' (<http://edepot.wur.nl/258502>).

Beter houdbare en lekkerder meloenen



Meloen is over de hele wereld een belangrijk voedselgewas; in 2011 goed voor 335 miljard U.S. dollar. Maar bij het veredelen op hoge opbrengst zijn andere belangrijke eigenschappen verloren gegaan, zoals resistentie tegen schimmels, virussen en plaaginsecten en droogtetolerantie. Ook de houdbaarheid kan beter. Peters: "Soms zijn geogste meloenen een week onderweg en bij aankomst al

bijna bedorven. Beter houdbaarheid maakt transport over lange afstanden mogelijk. Verder is er vraag naar rassen met een dunnere schil, kleinere zaden en meer geur en smaak. Door terugkruisen met wilde soorten kan men deze eigenschappen



(/nl/Personen/Sander-Peters.htm)

Contactpersoon

dr.ir. SA (Sander) Peters

(/nl/Personen/Sander-Peters.htm)

Contactformulier (/nl/Expertises-Dienstverlening/Onderzoeksinstituten/maken-van-de-meloen.htm?contactpersonid=2208&presentationid



Volg het plantenonderzoek op facebook:



en ook op:

- [Twitter \(https://twitter.com/WURPlant\)](https://twitter.com/WURPlant)
- [YouTube \(http://www.youtube.com/user/plantrese\)](http://www.youtube.com/user/plantrese)

meegeven aan nieuwe rassen, maar daarbij komen onbedoeld ook veel ongewenste, primitieve eigenschappen mee, zoals kleine, zure vruchten. Door de kruisingsouders zeer gericht te kiezen – met genoomstructuren die compatibel zijn met elkaar – valt dit probleem te ondervangen en kan men het overtollige, ongewenste DNA gemakkelijk weer uitkruisen. Je weet van te voren al veel beter welke combinaties veelbelovend zullen zijn.”

Wilde meloenen

Eén van de wilde kandidaten is een heerlijk geurend Turks meloentje (*Cucumis melo* var. *Dudaim*, beter bekend onder de suggestieve naam 'Queen Anne's pocket') dat mensen in vroeger eeuwen, zonder douche of wasmachine, onder hun kleren bewaarden om frisser te ruiken. De wilde meloenen zijn afkomstig van het CGN, de Wageningse schatkamer van wild en primitief materiaal. Volgens Peters worden deze collecties des te waardevoller nu het gebruik van nieuw wild verzameld materiaal sinds 2011 sterk beperkt is door internationale afspraken ([Nagoya-protocol on Access & Benefit Sharing](http://www.absfocalpoint.nl) (<http://www.absfocalpoint.nl>)).

Nieuwe technologische revolutie in plantenveredeling

Recent is grote vooruitgang geboekt in het sequencen en het in kaart brengen van de genoomstructuur. De plantenveredeling wacht een nieuwe technologische revolutie, dankzij slimme combinaties van de voordelen van verschillende technieken uit de genomics en bio-informatica, namelijk optical mapping, Illumina en PacBio sequentietechnologie. Optical mapping is een techniek om een kaart van het genoom te maken. Men gebruikt zogenaamde nicking-enzymen, die telkens één streng van het dubbelstrengs DNA op specifieke plekken doorsnijden. In een volgende stap worden die breuken weer gerepareerd en ook gemerkt met fluorescerende nucleotiden. Met Illumina kan men korte DNA-fragmenten tot 300 basenparen heel zorgvuldig analyseren. De PacBio sequentietechnologie kan langere DNA fragmenten, tot wel 50.000 basenparen aan, terwijl je met optical mapping DNA fragmenten tot wel een miljoen basenparen kunt analyseren. Peters: "Ten opzichte van Next Generation Sequencing is optical mapping weer een enorme vooruitgang. Eerdere methoden kwamen neer op het sorteren en aan elkaar passen van kleine DNA-fragmenten, alsof iemand een doos vol kleine puzzelstukjes heeft omgekeerd. Daar kun je geen chocola van maken. Je maakt gemakkelijk fouten, er zijn stukjes die veel op elkaar lijken en ook in elkaar passen, maar toch niet bij elkaar horen. Grote stukken pas je sneller, trefzeker en betrouwbaar in elkaar. Daarom is deze combinatie van sequencen en optical mapping-technieken zo handig."

Kankercellen

Dat is bijvoorbeeld ook interessant voor klinische genetici in academische ziekenhuizen. Verschillende typen kankercellen kunnen elk hun eigen typische genoomstructuur-verandering vertonen. Als je de structurele veranderingen in het genoom van zo'n cel kunt relateren aan het type kanker, zou je de therapie daarop sneller kunnen afstemmen. En de methode is ook interessant voor fundamenteel onderzoek naar de evolutie van soorten."

Begin januari 2015 presenteerden de Wageningse onderzoekers Peters, Gabino Sanchez Perez en het bioinformatica-team, [resultaten van hun combinatie van technieken](https://pag.confex.com/pag/xxiii/webprogram/Paper16026.html) (<https://pag.confex.com/pag/xxiii/webprogram/Paper16026.html>) op de internationale Plant & Animal Genome Conference in San Diego.

Bent u benieuwd wat de vergelijkende genoom-bioinformatica voor uw eigen gewas of situatie kan betekenen? Neem dan contact op met [Sander Peters \(mailto:sander.peters@wur.nl\)](mailto:sander.peters@wur.nl).