

# Nieuw roosgenoom biedt inzicht in diversiteit en belangrijke bloem- en bloeikenmerken

Er is opnieuw een belangrijke stap gezet in het genetisch onderzoek van de roos. Amper een maand nadat een eerste team van onderzoekers het genoom van de roos ontrafelde en genen kon koppelen aan geur- en kleurvariatie, slaagde een tweede team wetenschappers erin hetzelfde te doen voor doorndensiteit en belangrijke bloem- en bloeikenmerken.

ILVO

Door de nieuwste DNA sequencing-technieken te combineren met cytogenetische analyses en bio-informatica is een internationaal team onder leiding van het Franse INRA in Angers erin geslaagd om een nieuw kwaliteitsvol referentiegenoom van de roos te verkrijgen. De nieuwe sequentie biedt inzicht in de diversiteit van het roosgenoom en belicht de achtergrond van belangrijke plantkenmerken typisch voor rozen, zoals het aantal doornen, het aantal bloemblaadjes en een continue bloei. Hierdoor wordt het voor veredelaars makkelijker om de genen te identificeren die verantwoordelijk zijn voor de gewenste kenmerken, wat de veredeling van nieuwe rooscultivars aanzienlijk versnelt. Of dit betekent dat er binnenkort rozen zonder doornen op de markt zullen zijn, is echter nog koffiedik kijken.

ILVO werkte mee aan dit onderzoek. Leen Leus: "ILVO heeft een veredelingsprogramma in tuinrozen. In meer dan 50 jaar tijd brachten we een 80-tal cultivars op de markt. Sinds jaren voeren we ook onderzoek uit ter ondersteuning van de veredeling. Vooral ziekteresistentie is daarbij belangrijk. De publicatie van dit referentiegenoom zal gebruikt worden om ook ziekteresistentie genen te identificeren en zal leiden tot concrete toepassingen in de veredeling".

Het geleverde werk vergt bijzonder veel expertise en kennis van de laatste biotechnologische technieken, want de roos geeft niet graag haar geheimen prijs. De chromosomen zijn klein en moeilijk te analyseren. Om de klus te klaren, werd het genoom



*De roos waarvan het genoom nu bekend is, is Rosa chinensis 'Old Blush', een oude Chinese roos die een belangrijke voorouder is van de moderne roos.*

*Ze introduceerde de continue bloei in de moderne roos.*

bestaande uit 44.000 genen eerst 'uitgepakt' en daarna terug 'ingepakt' en samengesteld tot 7 pseudomoleculen, die de 7 chromosomen van de roos voorstellen. Zo konden de wetenschappers het genoom uiteindelijk lezen en het verhaal van de plant erachter begrijpen.

Verschillende onderzoekers van ILVO waren bij het onderzoek betrokken en leverden vooral expertise aan op vlak van genetische merkers die de kenmerken van de plant koppelen aan locaties in het genoom. Tom Ruttink: "Bij ILVO bestudeerden we de uitsplitsing van kenmerken in kruisingspopulaties en hielpen we mee om genen te identificeren die deze kenmerken

controleren. ILVO heeft ook heel wat expertise in cytogenetica bij rozen, wat toeliet om de fysieke posities op de chromosomen te koppelen aan specifieke sequenties in het genoom zoals de centromeren. Dit zijn belangrijke structurele regio's van de chromosomen, die moeilijk te analyseren zijn."

Behalve inzicht in de diversiteit van de roos en haar bloemkenmerken, leverde de studie nieuwe inzichten op in de relatie van de roos met verwante gewassen zoals aardbei. ■

*Publicatie: A high-quality genome sequence of Rosa chinensis to elucidate ornamental traits - Nature Plants*