

Variety Tracer spoort frauduleuze ouderlijnen op

Hedwich Teunissen werkt bij Naktuinbouw als moleculair onderzoeker. Voor vragen over verwantschap en herkomst ontwikkelde ze het DNA-concept Variety Tracer. Naktuinbouw voert ongeveer 100 Variety Tracer-projecten per jaar uit naar plantensoorten.



Variety Tracer geeft antwoord

Naktuinbouw krijgt veel verschillende vragen over de identiteit van plantenrassen en soorten. Ook bij vermoedens van inbreuk op kwekersrecht geeft Variety Tracer antwoord. Is mijn rasechte materiaal wel of niet hetzelfde als het verdachte materiaal dat ik in de markt vond?

Teunissen: “We gebruiken drie verschillende strategieën binnen Variety Tracer: het zoeken van inteeltplanten en vergelijken met rasechte ouders, de statistische ‘ouder-kind-test’ en Multiple Sequence Alignments. Dit laatste is het vergelijken van de sequentie van grotere stukken DNA en het volgen van de overerving daarvan van potentiële ouders op nakomelingen. Het referentiekader waarmee je vergelijkt, is belangrijker dan welke technologie je gebruikt. Dit moet je altijd goed voor ogen houden.”

Inteeltplanten vergelijken

“Om inteeltplanten te zoeken, identificeren we ze eerst,” vertelt Teunissen. “We gebruiken merkers om planten te testen die onderscheidend zijn van de ouders. Wanneer hier inteeltplanten tussen zitten, is dit in principe het genotype van de moeder. Die vergelijken we dan met de moeder van de rasechte F1-hybride van onze opdrachtgever (zie ook pag.19). Hoe meer van het DNA je vergelijkt, hoe betrouwbaarder het wordt. Maar zelfs met enkele merkers krijg je al een duidelijk beeld om het resultaat goed te kunnen interpreteren.”

Statistische ‘ouder-kind-test’

Teunissen geeft een voorbeeld: “Als veredelaar heb je een mooi ras op de markt gebracht. Je komt een ras tegen dat veel op die van jou lijkt, maar toch iets verschilt. Wat zou de verklaring kunnen zijn? We gebruiken hier de strategie van de ‘ouder-kind-test’ en vergelijken ouder 1, ouder 2 en de mogelijke kinderen. Maar we kijken alleen naar merkers die monomorf zijn voor de ouders. Monomorf wil zeggen dat er voor beide ouders op een specifiek stukje DNA identieke informatie is. En daarna kijken we welk genotype de nakomeling heeft. We vergelijken alle oudercombinaties met alle mogelijke nakomelingen en berekenen de overeenkomsten. In aanvulling daarop bekijken we ook de individuele potentiële ouders om erachter te komen of de ouder kan hebben bijgedragen aan deze F1-nakomeling. Zo komen we tot een statistisch antwoord.”

Multiple Sequence Alignments

“Met de derde strategie kijk je naar fysiek gekoppelde SNP’s (Single Nucleotide Polymorphisms), ook ‘snips’ genoemd,” vertelt Teunissen. “Ze vertegenwoordigen een verschil in een enkele DNA-bouwsteen. Je volgt met deze strategie de overerving van die fysiek gekoppelde SNP’s van ouders op kinderen. De uitdaging hierbij is dat er veel ruimte nodig is voor dataopslag. Het kost veel tijd van bio-informatici om de data te analyseren. Deze innovatieve strategie gebruikt hoogwaardige DNA-sequentiedata van hele genomen. Dat maakt dat deze strategie op dit moment nog erg duur is.” ●