

# 16 miljard letters informatie

**‘We ontrafelen het DNA van allerlei gewassen, maar wat levert die kennis eigenlijk op voor veredelaars en telers?’**

**‘Het werkt als een microscoop.’**

ARNO VAN 'T HOOG

Het genoom van voedselgewassen sequensen was lange tijd te kostbaar, aldus Henk Huits, manager merkertechnologie en genomics bij Bejo Zaden. “Eerst sequensen men het genoom van modelplantje *Arabidopsis*, later volgde rijst. Maar sinds een jaar of zeven is er sprake van een enorme versnelling, voornamelijk door daling van de kosten.” De lijst met gesequenste genomen op genomevolution.org is bijna niet meer te overzien: van appel, via komkommer en tomaat naar aubergine, koffie en sinaasappel.

Het uiengenoom staat binnenkort ook in dat lijstje. Ui is na tomaat wereldwijd het meest geteelde groentegewas. Bejo Zaden is samen met Wageningen UR, ServiceXS en Genetwister aan dit project begonnen. “Een flinke uitdaging”, aldus Huits. “Het uiengenoom is met zestien miljard basen vijf keer zo groot als het genoom van de mens. Bovendien zit het vol met retrotransposons en andere repeterende stukken. Naar schatting bestaat 95 à 98 procent van het uiengenoom uit repetitief DNA.”

Het uitlezen van 16 miljard basen is op zich niet het probleem, wel het aan elkaar puzzelen van de repeterende DNA-fragmenten. “Je kunt het vergelijken met een legpuzzel met 98 procent blauwe lucht. Al die blauwe stukjes op z'n plek leggen is lastig.”

## VOORSPELLEND WAARDE

Als de puzzel af is, krijgen veredelaars nieuw gereedschap, volgens Huits. “Je kunt dan sneller en gericht werken. We werken nu aan de kleur van uien, maar dat is momenteel een

kwestie van *trial and error*. Een genoomkaart heeft een voorspellende waarde: je kunt gericht op zoek naar genen waarvan bekend is dat ze betrokken zijn bij de synthese van kleurstoffen.”

De genomsequentie geeft volgens Huits op dezelfde manier houvast bij het inkruisen van ziekteresistentiegenen uit oude rassen of wilde verwanten. “Je kunt met genoomkennis veel gericht selecteren, doordat je met merkers genen kunt volgen, ook bij complexe eigenschappen die door veel verschillende genen worden beïnvloed. Vroeger duurde het zo'n twaalf à twintig jaar om een nieuwe eigenschap in te kruisen, met een genomsequentie en de juiste merkers kun je dit verkorten tot zes à zeven jaar.”

## ‘We moeten een enorme inhaalslag maken’

Huits verwacht dat de publicatie van het referentiegenoom van de ui het startsein is voor het sequensen van veel meer uiengenomen. Wie eenmaal een referentiegenoom heeft, hoeft namelijk veel minder moeite te doen om een nieuw genoom te sequensen. Zo zijn er sinds het tomatengenoom gereedkwam al meer dan 150 nieuwe tomatengenomen in kaart gebracht.

Op die manier biedt ook de genomsequentie van de champignon (*Agaricus bisporus*) houvast bij de zoektocht naar genetische variatie en het gericht veredelen. Beter gezegd: er kan eindelijk een begin worden gemaakt met veredeling. Het Proefstation voor de Champignoncultuur bracht namelijk de op dit

moment meest geteelde champignon werd namelijk al dertig jaar geleden op de markt. Wereldwijd zijn alle rassen daarvan afgeleid.

Die gelijkenis is een gevolg van eigenaardigheden van de champignon tijdens de aanmaak van sporen bij de voortplanting. De ouderlijke chromosomen wisselen tijdens de meiose vrijwel geen genetisch materiaal uit, zegt Anton Sonnenberg, hoofd van het champignononderzoek bij Plant Research International in Wageningen. “De chromosomen erven intact over. Uit de sporen van de champignon groeit een vrijwel exacte kopie. Daardoor kun je de champignon lastig veredelen, aangezien je moeilijk nieuwe eigenschappen kunt inkruisen. Dat was een belangrijke reden om het genoom in kaart brengen. In de hoop dat dat nieuwe gereedschap oplevert.”

## DETAILS

Sonnenberg was samen met collega's uit Amerika en Engeland initiatiefnemer van het champignonogenoomproject, met steun van het Joint Genome Institute (JGI) van het Department of Energy. In het najaar van 2012 publiceerde *PNAS* de kaart van twee champignonrassen.

“Zo'n kaart kun je vergelijken met een microscoop”, zegt Sonnenberg. “Je kunt nu tot in detail inzoomen en zien welke gereedschappen de champignon gebruikt voor de groei en voorplanting.” Het blijkt bijvoorbeeld dat de chromosomen van de champignon toch wel wat genetisch materiaal uitwisselen, maar alleen aan de verre uiteinden van de chromosomen. Het moleculaire mechanisme voor recombinatie is dus

wel aanwezig, maar werkt niet overal. Sonnenberg: "Er is een wilde verwant van de champignon bekend uit de Sonorawoestijn in Californië, die het wel normaal doet. We kunnen nu onderzoeken waar dat verschil op berust."

De genomsequentie opent ook de deuren voor het onderzoeken en benutten van genetische variatie uit Sonnenbergs collectie van ruim driehonderd champignonstammen. Sonnenberg. "We moeten een enorme inhaalslag maken. Maar we kunnen heel veel kennis overnemen uit de plantenverdeling, zoals het gebruik van SNP's als merkers."

### VOEDINGSBEHOEFTE

Genoomkennis draait niet alleen om genetica. Ook producenten van compost en champignonbroed gebruiken kennis uit het champignongenoom. "We onderzoeken de voedingsbehoeften van de champignon, onder andere door metabole routes in kaart te brengen met genexpressie. Dat soort data kun je alleen interpreteren wanneer je beschikt over een goede genomsequentie", vertelt Elsa Berends, senioronderzoeker bij CNC, een bedrijf dat compost maakt voor champignontelers.

Berends: "Uiteindelijk willen we beter begrijpen wat de champignon precies nodig heeft om te groeien, om zo de productiviteit en kwaliteit van de compost verder te verbeteren. Op dit moment blijven er bijvoorbeeld na de teelt nog vrij veel koolhydraten in de compost achter."

De genomkaart geeft gedetailleerd inzicht in de batterij enzymen die deze paddenstoel gebruikt om te groeien op koolhydraten uit tarwestro. Berends: "We weten nu dat de champignon geen typische houtafbreker is, terwijl hij vroeger wel in die categorie werd ingedeeld, om-

dat de meeste andere paddenstoelen liefst op hout groeien." Het genoom van de champignon codeert voor enzymen die laten zien dat het een soort is die zich thuis voelt op humusrijke substraten, materiaal dat overblijft nadat bacteriën en andere schimmels makkelijker beschikbaar materiaal hebben opgebruikt."

## 'Een legpuzzel met 98 procent blauwe lucht'

"Dat klopt met de fermentaties die wij uitvoeren bij de productie van compost. We begrijpen dus beter wat de champignon wel en niet kan. In vervolgonderzoek kijken we hoe de champignon die genen in onze praktijkomstandigheden gebruikt. Met een genomkaart ben je er natuurlijk nog niet, maar het geeft wel betere hypothesen om gericht onderzoek te doen."

Een nieuw champignonras is nog niet op de markt, volgens Sonnenberg, en het is de vraag wanneer dat het geval zal zijn. Een nieuw ras maken is een flinke inspanning en de ontwikkeling en marktintroductie kost al snel een paar miljoen. Het is echter kinderlijk eenvoudig om een zogenaamd *lookalike* ras op de markt te brengen. Daarvoor neem je wat sporen uit het nieuwe ras, en zoekt onder de nakomelingen naar een subtiel verschil in bijvoorbeeld kleur en vorm.

### KWEKERSRECHT

Sonnenberg: "We kunnen nu met genetische merkers eenvoudig gaan aantonen dat een 'zo'n' nieuw ras gewoon een lookalike is. Die kennis moet gaan helpen om wereldwijd afspraken te maken over afgeleid kwekersrecht voor champignonrassen. Ook daar gaat de genomkaart zijn nut bewijzen."

| Gewas     | Jaar | Megabasen | Aantal genen |
|-----------|------|-----------|--------------|
| Zandraket | 2000 | 125       | 25.498       |
| Rijst     | 2002 | 430       | 59.855       |
| Druif     | 2007 | 475       | 30.434       |
| Komkommer | 2009 | 367       | 26.682       |
| Sojaboon  | 2010 | 1115      | 46.430       |
| Appel     | 2010 | 742       | 57.386       |
| Cacao     | 2011 | 430       | 28.798       |
| Aardappel | 2011 | 844       | 39.031       |
| Tomaat    | 2012 | 900       | 34.727       |
| Gerst     | 2012 | 5.100     | 30.400       |
| Tarwe     | 2012 | 17.000    | 94.000       |

*Een greep uit de verzameling van gesequente gewassen, met het jaar van publicatie van de eerste versie van de genomkaart, in de jaren erna zijn er regelmatig updates gepubliceerd.*

BRON: THE PLANT GENOME 6 (2), 2013