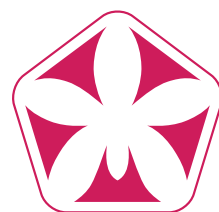




Next level
veredeling van
orchideeën



Floricultura
ORCHIDACEAE & ARACEAE



Next level veredeling van orchideeën: minder is meer

Sinds enkele jaren werkt Floricultura aan het implementeren van zogenaamde Novel Breeding Tools.

Novel Breeding Tools is een verzameling moleculaire DNA-technieken die onze veredelaars in staat stelt om met specifieke genetische kennis van interessante eigenschappen te werken. Eigenschappen, zoals bloemkleur, ziekte- en plaagresistentie of lengte van de bloeiwijze worden allemaal bepaald door ettelijke genen en de in de planten aanwezige genetische variatie. Om grip te krijgen op eigenschappen op moleculair genetisch niveau willen we ten eerste te weten komen waar in het genoom de informatie ligt die verantwoordelijk is voor een specifieke eigenschap.

Helaas is door intensieve en zeer selectieve veredeling in het verleden, in combinatie met vegetatieve klonale vermeerdering, de genetische achtergrond van veel commerciële orchideeën veranderd in een rommeltje met afwijkende chromosoomaantallen en -groottes alsmede structurele chromosomale afwijkingen. Het gebruik van een zogenaamd "referentie genoom", mogelijk bij meerdere model- en consumptiegewassen als tomaat en mais, is in het geval van orchideeën niet voor de hand liggend. Dit alles maakt orchideeënveredeling tot een complexe, maar daarom ook zeer interessante reis.

Recente innovaties in high-throughput sequensen stellen ons in staat om de DNA code van individuele planten te lezen en efficiënt in kaart te brengen. Zo kan het hele genoom van een plant worden gelezen, iets wat vergelijkbaar is met het lezen en analyseren van alle boeken in een bibliotheek. Dat zijn dus 1.600.000.000 letters in het geval van het relatief kleine *Phalaenopsis equestris* genoom. Wij hebben samen met Spark Genetics echter gekozen voor een alternatieve aanpak waarbij er slechts korte fragmenten verspreid over het genoom worden gelezen. Denk aan zinnen uit verschillende boeken. Deze techniek heet "Genotyping-by-Sequencing" (GBS) en stelt ons in staat om stelselmatig in elke plant dezelfde set korte fragmenten te analyseren.

"Deze techniek heet "Genotyping-by-Sequencing" ofwel GBS"

GBS gecombineerd met SNP-analyse biedt ongekennde mogelijkheden voor onze orchideeveredeling

Maar wat kan het nut zijn van het weten van slechts de sequentie van deze kleine en verspreid liggende regio's in plaats van het gehele genoom? Om te beginnen is het genoom van de meeste orchideeën van aanzienlijke grootte en dat maakt complete genomanalyses nog steeds kostbaar en tijdrovend. Daarentegen biedt GBS de mogelijkheid om voor dezelfde prijs grote aantallen planten te analyseren in een korte tijd. Daarnaast is er een biologisch fenomeen genaamd genkoppeling dat in ons voordeel werkt. Genkoppeling betekent dat genen vaak in clusters overerven in plaats van individuele genen. Zie ook de figuur op blad 5.

Stel je voor dat we een klein uniek stukje sequentie van één gen kennen dankzij GBS en dat gen zich altijd ophoudt in een cluster van 50 genen. Dit betekent dat wanneer we ons specifieke stukje DNA terugvinden in een plant we eigenlijk het hele cluster van 50 genen hebben gevonden. Nu wordt het interessant! En stel je voor dat één van de 50 genen verantwoordelijk is voor een specifieke eigenschap waar wij interesse in hebben. Zonder precies te weten welke van deze 50 genen verantwoordelijk is voor de eigenschap kunnen we onze eigenschap genetisch volgen in planten en veredelingstrajecten via één klein stukje bekende sequentie uit het genencluster.

Kortom door slechts een fractie van de genomsequentie te kennen kunnen we zeer efficiënt onze eigenschap volgen. Minder betekent dus meer in deze context! De ware kracht van moleculaire genetica wordt zichtbaar wanneer we GBS combineren met een ander fenomeen genaamd "single nucleotide polymorphism" oftewel SNP. Dit is het feit dat er tussen individuen, cultivars of gerelateerde soorten genetische variatie aanwezig is, vergelijkbaar met typfouten in de boeken van de bibliotheek. Vaak gaat het om subtiele variatie waarbij er een enkele letter "single nucleotide" anders is. Deze letter variaties "SNP's" beïnvloeden soms de functie van een gen, maar vaak hebben ze geen duidelijk effect op het betreffende organisme. SNP's kunnen we ook vinden in de kleine fragmenten die we analyseren met onze GBS aanpak.

Stel je nu voor dat we een kruising hebben tussen twee Phalaenopsis planten waarbij een eigenschap zoals rode bloemkleur onderdeel is van de uiteindelijke beoogde plant. Ouder 1 draagt witte bloemen maar heeft andere interessante eigenschappen die gecombineerd moeten worden met de rode bloemdragende ouder 2. Door gebruik te maken van de hier beschreven GBS-aanpak zijn we in staat om via één SNP de rode bloemdragende planten te onderscheiden van de witte. Terwijl we dus niet exact weten welk gen betrokken is bij de rode bloemkleur, kunnen we de eigenschap perfect volgen in een kruisingspopulatie door genkoppeling. Deze vorm van plantselectie is extra interessant voor eigenschappen waarop pas in de bloeifase kan worden geselecteerd via conventionele verdeling. Selectie op bloemkleur kan nu al plaatsvinden in het zaailing stadium. Dit betekent dat er minder planten hoeven te worden gekweekt en er dus meer ruimte beschikbaar is voor andere projecten.

Kortom, GBS gecombineerd met SNP-analyse biedt ongekennde mogelijkheden voor onze orchidee veredeling waarbij snelheid en gerichte selectie van gewenste eigenschappen onze veredelingstrajecten verder worden geoptimaliseerd. Hiermee kunnen wij onze klanten blijven bedienen met de beste variëteiten.



