

Kwaliteit koningin voorspellen

Lezing Koninginnenteeltdag 2017

Tekst Pim Brascamp, foto René Genet



Terugvliegende koningin.

De Duitse bijenonderzoeker Kaspar Bienefeld is bezig een methode te ontwikkelen waarbij de kwaliteit van een koningin voorspeld kan worden aan de hand van haar DNA. Er zitten twee aspecten aan deze methode.

1. De erfelijke aanleg voor een bepaald gen (bijvoorbeeld een VSH-gen)

De sleutel tot de herkenning ligt in de identificatie van nucleotiden (de baseparen in het DNA). In sommige baseparen treedt polymorfie op: in het Engels single nucleotide polymorphism, afgekort als SNP, uitgesproken als snip). Allereerst: hoe krijg je dat DNA voor een analyse? Je kunt niet een stukje uit een moeder snijden, maar er zit genoeg DNA in een moerdop om het DNA-profiel van de koningin te kunnen bepalen. Dat maken van een DNA-profiel is voor vele andere dieren al gedaan, zoals de kip, waarin 70.000 SNP's zijn bepaald. Zo'n overzicht kost 30 euro per kip. Een eendere prijs geldt voor paarden, maar dan krijg je slechts de analyse voor één gen. Wonderlijk dat één gen vrijwel evenveel kost als 70.000 SNP's. Dat ene gen betreft trouwens een erfelijk gebrek. De SNP-bepalingen zijn helemaal geautomatiseerd. Hoe gaat het vinden van nuttige SNP's in z'n werk? Neem twee groepen werksters, bijvoorbeeld met verschillend VSH-gedrag: de ene mét, de andere zónder VSH-gedrag. Dan wordt er gekeken of er een significant verschil is in SNP's tussen de twee groepen. Er zijn dus genen met elk twee varianten, waarbij men dan kijkt naar de frequentie van de twee varianten. In Hohen Neuendorf, in de buurt van Berlijn, waar Bienefeld werkt, vond men dat er zes SNP's waren met een significant verschil tussen de twee groepen. Vooral de varianten op de chromosomen 2, 3 en 7 lijken veelbelovend, omdat zich daar ook de genen bevinden die het reukvermogen bepalen. Dat VSH-onderzoek is als volgt uitgevoerd: 22.000 werksters werden daarbij individueel (!) genummerd. Vervolgens werden werksters gefilmd die besmette cellen openmaakten. Dat waren er 768 van de gemerkte werksters. Daarna werd een groep van 122 werksters geselecteerd die dit uitruimgedrag sterk vertoonde in vergelijking met volle zusters die dat helemaal niet deden. Deze analyse is gedaan voor 26.007 SNP's – een waar monnikenwerk.

Het is moeilijk te voorspellen wanneer dit gen opgespoord en in kaart gebracht zal zijn. Erg duur zal het in ieder geval niet worden: enkele tientjes per monster.

2. Teeltwaarde voor kenmerken berustend op meerdere genen (bijvoorbeeld zachtaardigheid of productiviteit)

Dit aspect wordt ook in Hohen Neuendorf onderzocht in het GeSeBi project (Genomische Selektion bei der Biene). Dit project loopt van 2015 tot 2018; kosten 1,3 miljoen euro. Er zijn twee stappen in de analyse. In de eerste stap wordt

verband gelegd tussen enerzijds verschillen in 120.000 SNP's en anderzijds verschillen in teeltwaarde voor bijvoorbeeld zachtaardigheid; dat leidt tot een voorspellingsformule in een 'referentiepopulatie'. In de voorspellingsformule wordt iedere SNP met waarde 2, 1 of 0 gewogen. Hoe zekerder, hoe zwaarder. We moeten hierbij wel bedenken dat de voorspellingsformules alleen gelden binnen populaties van verwante dieren. Verbanden vervagen als de tijd voortschrijdt: de formules moeten dus steeds 'ververst' worden door in de referentiepopulatie nieuwe volken op te nemen. In de tweede stap volgt dan de schatting van de teeltwaardes met een SNP-chip. Wat is de praktische toepassing hiervan? Je kunt koninginnen in een volle zustergroep met een hoge 'genomische' waarde voorselecteren en alleen de betere testen op honingopbrengst, zachtaardigheid, enz. Je hoeft daardoor minder volken te onderzoeken. Je zou ook na kunnen telen van volken die helemaal niet getest zijn, op grond van de genomische teeltwaarde. Dat levert een verkorting van het generatieinterval op. In het project zijn ongeveer 3500 koninginnen nodig met testgegevens van hun volk en een SNP-analyse om deze referentiepopulatie op te kunnen zetten. In 2016 had men 1055 moeren als onderzoeksmateriaal. Er is dus nog werk aan de winkel. In 2017 zal de Werkgroep Beebreed Nederland ook DNA van koninginnen leveren, middels darreneitjes, 200 à 300 per volk. Zodra de referentiepopulatie compleet is en de voorspellingsformule verkregen is, is de zaak operationeel. Kosten: enkele tientjes per monster.

Samenvatting:

- Enkel gen: het is moeilijk te voorspellen wanneer deze DNA-test beschikbaar zal zijn, maar de test is bruikbaar voor diverse rassen.
- Teeltwaarde (meerdere genen): die kan snel beschikbaar zijn zodra de referentiepopulatie daar is, maar het resultaat is alleen binnen een verwante populatie in Beebreed toepasbaar. Daarnaast is er waarschijnlijk voor ieder kenmerk een aparte voorspellingsformule nodig, wat de zaak er niet eenvoudiger op maakt. De betrouwbaarheid van de formule ligt tussen 0 (volledig onbetrouwbaar) en 1 (volledig betrouwbaar), en zal in de praktijk misschien uitkomen op 0,6 of 0,7. De betrouwbaarheid van de huidige teeltwaardeschattingen is zo'n 0,3, dus is dit een duidelijke verbetering. ●

De presentatie is terug te vinden op www.bijenhouders.nl. Ga naar Bijenwerk, Koninginnenteeltdag 2017.