

Eindrapportage Methodiekenonderzoek Raad voor plantensoorten 2018 – Executive summary

Samenvatting inhoudelijk:

Lijst met projecten

R17-401	Essentaksterfte
R17-403	Ontwikkeling van moleculaire merkers als voorspeller van traditionele kenmerken ter ondersteuning van het DUS-onderzoek
R17-406	Boon AFLP follow-up richting UPOV
R17-409	Japan
R17-411	Ontwikkeling duurzame DNA database voor tomaat
R17-413	Harmores
2018 – 2	B4EST Fraxinus excelsior
2018-2a	Reservering WP1 en WP2
2018 - 4	Ontwikkeling van een SNP detectie methode op basis van targeted re-sequencing ter ondersteuning van het DUS onderzoek in Engels raaigras
2018 – 5	Efficiencyverbetering in verband met de Brexit
2018 – 6	Ui indeling DNA merkers
2018 – 7	Beleidslijn rasafstanden tulp
2018 – 8	Rassenlijst bomen
2018 – 9	Pushtest Mais
2018 – 10	Projectmanagement

Hieronder vindt u de inhoudelijke projectrapportages

‘Deze rapportage is opgesteld in opdracht van de Raad voor plantensoorten, maar geschiedt onder verantwoordelijkheid van de auteur(s) en vertegenwoordigt niet noodzakelijkerwijs de mening van de Raad.’

1. R17-401 Essentaksterfte - CGN

Algemene conclusie

De inoculatie-experimenten hebben laten zien dat er verschillen zijn in isolaten qua virulentie. Op basis van de resultaten is een geschikt test-isolaat ontwikkeld en een methode voor lange termijn bewaring van het isolaat. Over de inoculatiemethodes (stamwond vs. bladsteel) kunnen nog geen conclusies getrokken worden.

Doel van het project

Ontwikkeling van een inoculatieprotocol voor het toetsen van gevoeligheid voor essentaksterfte bij essen (*Fraxinus excelsior*).

Voortgang

Voorjaar 2018 heeft er een destructieve eindwaarneming (meting lesionlengte) plaatsgevonden aan de stamwondinoculatie uitgevoerd in najaar 2017 met verschillende isolaten (repeated measures design). Op basis van deze test is één isolaat gekozen om te gebruiken. Dit isolaat wordt opgenomen in de CBS cultuurcollectie van het Westerdijk Instituut. Het materiaal in de collectie kan dan telkens als startmateriaal worden gebruikt (om verlies van virulentie tegen te gaan) voor de inoculatietoetsen in de komende jaren. Daarnaast is samen met het Westerdijk Instituut gewerkt aan het standaardiseren van het inoculum (groei schimmel, aantal houtjes per plaat etc.).

Conform projectplan is in zomer 2018 een tweede inoculatie ingezet. In samenwerking met Plant Research en het Westerdijk Instituut is ditmaal een bladsteel- versus stamwondinfectie ingezet. De eindwaarneming hiervan vindt plaats voorjaar 2019. Daarnaast zijn enkele bomen die in de zomer van 2017 zijn verzameld en vermeerderd geïnoculeerd.

De eindwaarneming van het 2e experiment en de bijbehorende data-analyse worden in 2019 uitgevoerd in plaats van 2018. In het oorspronkelijke projectplan stond hier 2018 voor.

Geschatte datum afronding

Juli 2019

Knelpunten

Symptoomontwikkeling gaat langzamer dan verwacht. Om deze reden is de eindwaarneming doorgeschoven naar voorjaar 2019. Dit brengt extra kosten met zich mee qua arbeid en huur faciliteiten.

Strategische conclusie

Het project loopt door tot voorjaar 2019. Er is een goede samenwerking opgestart voor ontwikkeling van een toetsmethode met het Westerdijk Instituut en WPR.

R17-403 Merkers als voorspeller DUS-kenmerken / ontwikkeling moleculaire merkers als voorspeller van traditionele kenmerken - Naktuinbouw

Algemene conclusie

Dit 2-jarig onderzoek is zeer succesvol verlopen. De doelen zijn gehaald. Er is aan 3 verschillende eigenschappen gewerkt en daar zijn merkertoetsen (meerdere co-dominante merkers per toets) voor ontwikkeld, geoptimaliseerd en deels (zie voortgang) gevalideerd.

Doel van het project

- 1 Criteria vaststellen voor eigenschappen (UPOV kenmerken) en hun genetische basis om in aanmerking te komen voor een Model 1 aanpak.
- 2 Een inventarisatie maken van genen die zijn gekloneerd en die in aanmerking komen om een model 1 merker voor te ontwikkelen. Lijst is beschikbaar. Uiteraard is dit een momentopname.
- 3 Validatieprotocol voor een merkervalidatie maken (nodig voor opname in CPVO protocol).
- 4 Daadwerkelijk ontwikkelen, optimaliseren, valideren en implementeren van merkers voor drie eigenschappen/UPOV kenmerken.
- 5 Implementatieprotocol (wat is nodig om merkers toe te voegen aan DUS-protocollen en richtlijnen van UPOV/CPVO).

Voortgang

- 1 De criteria voor kenmerken als Model 1 kenmerk zijn vastgesteld en ook beschikbaar voor vervolgprouwen. Model 1 (UPOV) kenmerken zijn morfologische- en resistentie-kenmerken die door 1 merker vervangen kunnen worden.
- 2 De lijst van genen die zijn gekloneerd en die in aanmerking komen om een model 1 merker te ontwikkelen is beschikbaar. Uiteraard is dit een momentopname.
- 3 Validatieprotocol voor het maken van een merkervalidatie is gereed.
- 4 Er is aan 3 UPOV-kenmerken gewerkt: *Fusarium* (II-3), LMV in sla, *Fulvia fulva*.
- 5 De ontwikkeling van LMV-merkers in sla is helemaal afgerond. Er zijn nu 2 TaqMan merkers ontwikkeld: de eerste op een deletie die mo1/mo12 t.o.v. mo11 kan onderscheiden (aminozuur 108-110), en de tweede op een SNP die mo1/mo11 t.o.v. mo12 kan onderscheiden (aminozuur 70). Je hebt dus merkers op beide genetische verschillen nodig om alle mogelijke varianten aan te tonen. Daarmee hebben we merkers die voorspellend zijn voor vatbaar en resistent/tolerant (type 1 of type 2) fenotype. Er zijn al meer dan 100 rassen getoetst voor mo1, mo11 en mo12. De protocollen zijn opgenomen in MMS en de verdere validatie (correlatie bepaling met de TQ en biotoets) zal worden uitgevoerd in een vervolgprouwen.
- 6 De ontwikkeling van merkers voor *Fulvia fulva* is afgerond en uitgetest. Het gen Cf9 is het meest van belang, dit geeft resistentie tegen alle *Fulvia fulva* groepen. Op dezelfde locus liggen ook Cf4 en een vatbaarheidsgen. Deze 3 merkers zijn 'gevalideerd': er zijn 100 rassen met Cf-9/4/0 (zelfde locus) getoetst. De toets levert co-dominante info. Cf-0 (vatbaar); Cf-4 AD resistent; Cf-9 A-E resistent. Er is een nieuw (vatbaar) allel gevonden. De correlatie met de biotoets-resultaten is 100%. Ook voor Cf-0/2/5 locus is werk verricht. Dit is lastig omdat de actieve genen en de homologen nauwelijks van elkaar verschillen. Er is nu een toets die Cf-0 van Cf-2/5 kan onderscheiden. Op dit moment is er geen noodzaak om meer tijd te investeren om ook Cf-2 en Cf-5 uit elkaar te kunnen halen. Verdere validatie (meer rassen) zal worden uitgevoerd in een vervolgprouwen.
- 7 *Fusarium*: van I-7 is nog te weinig bekend in de literatuur. Hier wordt niet aan gewerkt. I-3 is een merker die van grote waarde zal zijn bij rassen die resistent zijn tegen *Fusarium* fysio's 0, 1 en 2. Er zijn twee verschillende SNPs beschreven die beide voorspellend zouden zijn. Voor beide merkers zijn Caps-merkers beschreven. 1 van de 2 Caps-merkers is omgezet in een Taqman. Deze lijken voorspellend: Voor resistente rassen geven beide merkers het resistente allel. Bij vatbare rassen geven beide merkers het vatbare allel. In de biotoets wordt in sommige gevallen een intermediair niveau van resistentie gezien. In de merkertoets geeft de ene merker het resistente allel en de ander het vatbare allel. De validatie loopt nog.

Geschatte datum afronding

Het project is afgerond. Er wordt nog gewerkt aan de eindrapportage.

Knelpunten

Geen.

Strategische conclusie

Technisch zijn de vragenstukken goed op te lossen. Merkerimplementatie in UPOV en CPVO protocollen is een langdurig proces dat ook een politiek karakter heeft. Naktuinbouw blijft werken aan nieuwe merkers en ook aan de implementatie binnen UPOV/CPVO.

Definitief

R17-406 Boon AFLP follow-up richting UPOV - Naktuinbouw

Algemene conclusie

De resultaten uit het project van 2017 zijn met succes ingebracht bij de UPOV.

Doel van het project

Internationale acceptatie van een werkwijze waarbij in stamboon gebruik wordt gemaakt van DNA-onderzoek om tot de juiste set vergelijkers in het veld te komen.

Voortgang

Het onderzoek was al eind 2017 afgerond. Daarna zijn er extra gegevens verzameld. Ook is er een voorstel ingediend bij de UPOV om boon AfIP als voorbeeld te gebruiken bij het beheer van referentiecollecties en het gebruik van DNA bij het selecteren van rassen van algemene bekendheid voor een DUS-onderzoek. Dit voorstel is in 2018 door de UPOV als voorbeeld van dit model geaccepteerd.

Geschatte datum afronding

Het project is afgerond.

Knelpunten

Geen.

Strategische conclusie

Het is mogelijk om met behulp van DNA-kenmerken vergelijkende rassen voor een DUS veldproef te selecteren. Deze strategie is nu binnen de UPOV geaccepteerd.

Al bij het opzetten van het onderzoek was het duidelijk dat AfIP niet de beste methode is om te gebruiken. Andere technieken waren op het moment van indienen bij de Rvp nog niet beschikbaar bij Naktuinbouw. Bij het indienen van het project is dit ook vermeld en besproken. Het doel was om de methode van het gebruik van DNA bij het beheer van referentiemateriaal binnen de UPOV geaccepteerd te krijgen middels een voorbeeld. Dat is zeer succesvol gebleken. Om dit onderzoek in praktijk te benutten in boon zal een andere DNA-merkertechniek gebruikt moeten worden.

R17-409 Harmoniseren DUS onderzoek met Japan - Naktuinbouw

Algemene conclusie

In 2018 zijn de afgesproken gewassen behandeld en is er extra gewerkt aan Chrysant.

Doel van het project

Het harmoniseren van de morfologische kenmerken in het DUS onderzoek in 10 gewassen tussen Japan en Nederland in 5 jaar.

Voortgang

In 2018 zijn de “calibration manuals” voor aubergine en *Anthurium* afgerond. Zie ook:

<https://www.naktuinbouw.nl/over-naktuinbouw/nieuws/kalibratiehandboeken-anthurium-en-aubergine>

Geschatte datum afronding

Voor 2018 is het werk afgerond. Het laatste jaar voor dit samenwerkingsproject met Japan is 2019.

Knelpunten

Het was om fysieke redenen niet mogelijk voor de Nederlandse DUS-specialisten in Chrysant om naar Japan te reizen. De Japanners hebben daarom een extra bezoek aan Nederland gebracht in februari 2019.

Strategische conclusie

Het doel om tot een gezamenlijke standaard in het DUS-onderzoek in Japan en Nederland te komen, zodat beide landen elkaars rapporten voor deze gewassen over kunnen nemen, loopt goed. De goede band met Japan levert ook op dat de Japanners de Nederlandse kwekersrechtwet zijn gaan bestuderen en hun wet op het gebied van inbreuk aan willen gaan passen. Hierover is er in 2018 naast een bezoek aan Nederland ook een seminar in Japan georganiseerd waar LNV en Naktuinbouw als sprekers zijn uitgenodigd.

R17-411 Duurzame DNA database voor tomaat - Naktuinbouw

Algemene conclusie

Dit 3-jarige project verloopt volgens planning. Fase 1 is afgerond, Fase 2 en 3 lopen op schema. Inmiddels is bekend geworden dat internationale validatie door CPVO IMODDUS voor 90% gefinancierd zal worden.

Doel van het project

Ontwikkelen van een SNP set voor tomaat en het opbouwen van een database voor tomaat.

Voortgang

Fase 1:

- Criteria waaraan SNPs moeten voldoen zijn opgesteld.
- Selectie van training-set en test-set aan tomatenrassen die voldoen aan de criteria is gedaan. 192 rassen zijn geselecteerd en DNA is geïsoleerd.
- Genetische data van training-set en test-set is verkregen door het screenen van de Axiom Array.
- Eerste selectie van 1000 SNPs die aan de vooraf gestelde criteria is gedaan.

Fase 2:

- In kaart brengen van de wensen en eisen van Naktuinbouw aan een genotyperings- technologieplatform is gedaan. Er is gekozen voor targeted multiplex amplicon sequencing door middel van GT-Seq (Campbell et al. 2015).
- GT-Seq voor tomaat zal in kader van CPVO IMODDUS worden uitgetest en gevalideerd.
- De uiteindelijke finale selectie van SNPs zal gedaan worden in een IMODDUS project.

Fase 3:

- Verzamelen van DNA van 2000 tomatenrassen. Daarvan zijn er 1479 gedaan.
- Genotyperen van 2000 tomaten rassen met de geselecteerde SNPs met de geselecteerde genotyperings-technologie zal plaatsvinden met de GT-Seq na validatie (eindfase van het project).

Geschatte datum afronding

Aangezien dit project gedeeltelijk overlapt met de internationale validatie gefinancierd door CPVO, zullen alle projectdoelen zijn gerealiseerd na afloop van beide projecten. Het CPVO project duurt 30 maanden. De start van het project wordt medio 2019 verwacht.

Knelpunten

Afhankelijkheid van het IMODDUS project (vervolgproject) waardoor een deel van de projectdoelen iets later zal worden behaald (uiteindelijke selectie van SNPs en de opbouwen van de database).

Strategische conclusie

Het project krijgt een internationaal vervolg. Dat zal de acceptatie en toepassing van de SNP set voor tomaat en gebruik in DUS onderzoek vergroten. Mogelijk is dat de eerste stap naar een internationale DNA database voor tomaat.

R17-413 Harmores 3 - Naktuinbouw**Algemene conclusie**

Het project loopt in 2018 goed. Er zijn extra inspanningen verricht.

Doel van het project

Het harmoniseren op Europees niveau van resistentietoetsen in 7 ziektes in groentegewassen.

Voortgang

Inhoudelijk verloopt de voortgang volgens plan. Daarnaast zijn er extra werkzaamheden georganiseerd zoals een workshop met alle deelnemende labs bij Naktuinbouw en extra toetsen voor Meloen-Px en Erwt-Ep. Vanwege onervarenheid met deze ziektes heeft er toetsontwikkeling plaatsgevonden voor Naktuinbouw binnen dit harmonisatieproject. Er is dit jaar gewerkt aan:

Tomaat: Fol: 0 Panel van 13 rassen waarvan 1 nieuw. Tomaat: Fol: 1. Panel van 12 rassen waarvan 1 nieuw (1 nieuwe standaard). Het nieuwe voorbeeldras met een zwakke expressie van gen I2 is voorgesteld door Naktuinbouw. Tomaat: Mi Panel van 15 rassen waarvan 3 nieuw, afkomstig van 2 bedrijven.

Tomaat: Fol: 0 Panel van 13 rassen waarvan 1 nieuw. Tomaat: Fol: 1 Panel van 12 rassen waarvan 1 nieuw (1 nieuwe standaard). Het nieuwe voorbeeldras met een zwakke expressie van gen I2 is voorgesteld door Naktuinbouw. Tomaat: Mi Panel van 15 rassen waarvan 3 nieuw, afkomstig van 2 bedrijven.

Meloen: Px Panel van 14 rassen, aangevuld met 3 rassen van 3 verschillende bedrijven Deze nieuwe rassen zijn gekozen om de waarnemingsschaal beter te kunnen valideren. Naktuinbouw blijft bij toets op ponsjes. Meloen: Fom: 2 Panel van 13 rassen, aangevuld met 3 rassen van 3 verschillende bedrijven. Deze nieuwe rassen zijn gekozen om de waarnemingsschaal beter te kunnen valideren. Meloen: Fom: 1.2 Panel van 12 rassen. Om beter te kunnen valideren wordt bij 6 rassen zonder codering getoetst. Meloen: Fom: 0 Validatie op 3 rassen. Meloen: Fom: 1 Validatie op 3 rassen.

Erwt: Ep Validatie op 8 rassen

Geschatte datum afronding

Augustus 2019

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

Het internationaal afstemmen van methodes wordt steeds belangrijker om deze als kenmerk binnen de UPOV te kunnen blijven gebruiken. De discussie spitst zich met name toe op intermediaire resistenties.

2018 – 2 CGN-WUR B4EST Fraxinus excelsior - CGN-WUR

Algemene conclusie

Het project is volgens verwachting opgestart.

Doel

B4EST will develop adaptive novel tree breeding strategies taking into account new diseases (ash dieback) currently threatening European forests. New relevant breeding targets (for higher resistance, sustainable productivity, etc.) will be identified for *Fraxinus excelsior*. The project will also provide genomic-based methodologies and operational tools (e.g., genomic selection) to accelerate breeding cycles and integrate underused genetic diversity.

Voortgang

Het project is in juni 2018 gestart met een kick-off meeting met alle partners in Orleans. In oktober 2018 is een bilateraal overleg geweest met INRA om de samenwerking door te spreken. Dit betreft de analyse van herkomsten toetsen van essen, de opzet van de SNP array en de ontwikkeling van een nieuwe screeningsmethode. Deze methode is gebaseerd op NIR spectrometry om gevoeligheid voor essentaksterfte te voorspellen. Er is een start gemaakt met inoculatie-toetsen die in het najaar zullen worden gevolgd.

Geschatte datum afronding

Vierjarig project, einddatum mei 2022

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

Het project is juni van start gegaan en loopt volgens schema. In het eerste jaar is vooral ingezet op de intensivering van de samenwerking met INRA.

2018-2a Reservering WP1 en WP2 - CGN

Algemene conclusie

Het project is vervallen.

Definitief

2018 - 4 Ontwikkeling van een SNP detectiemethode op basis van targeted re-sequencing ter ondersteuning van het DUS onderzoek in Engels raaigras - Naktuinbouw

Algemene conclusie

Dit 2-jarige project is pas gaan lopen vanaf 15 juli 2018. Inmiddels loopt het project volgens planning. Naast Genotyping By Sequencing (GBS) data voor gazon-type is er nu ook GBS data beschikbaar voor voedertype grassen. Op basis hiervan kan een goede SNP selectie plaatsvinden voor definitieve genotypering van de rassen.

Doel van het project

- Selectie van SNPs op basis van opgestelde criteria uit de GBS data.
- Ontwikkelen van targeted primers voor SNP detectie m.b.v. GT-Seq.
- Maken van GT-seq libraries en testen primer-panels.
- Optimaliseren primer panels.
- Sequentie analyse en ontwikkeling en optimalisatie van pipeline.
- Pipelines ontwikkelt voor allel-frequenties

Voortgang

- SNP selectie voor rassen van het gazon type is uitgevoerd
- Selectie van rassen die representatief zijn voor voedertypes zijn uitgezaaid en DNA hiervan is geïsoleerd.
- Een nieuw GBS experiment voor de voedertypes is uitgevoerd. Daarbij worden verschillende pool-groottes meegenomen om te bepalen wat de optimale poolgrootte is voor het betrouwbaar berekenen van allel-frequenties.
- Voorjaar 2019: Opnieuw uitvoeren van SNP selectie. Nu op beide GBS data sets.
- Samenstellen van een set die voor beide types geschikt is.
- Opzetten van GT-Seq voor alle grasrassen

Geschatte datum afronding

Eind 2019.

Knelpunten

Een mogelijk knelpunt kan zijn de beperkte capaciteit bij bio-informatica. Naktuinbouw probeert dat te voorkomen door de capaciteit aan bio-informatici te vergroten.

Strategische conclusie

De ontwikkeling van een SNP set voor raaigras leidt tot een database met apps die het DUS onderzoek gaat verbeteren. In de toekomst wordt samengewerkt met INVITE, waar ook aan Raaigras gewerkt zal worden.

2018 -5 Efficiency verbetering en extra DUS gewassen i.v.m. Brexit - Naktuinbouw

Algemene conclusie

Het onderzoek aan Brexit gewassen is in 2018 volledig afgerond. Dit heeft niet direct tot een efficiëntieslag geleid.

Doel van het project

Het opstellen van teeltinstructies en gewasinstructies voor circa 30 gewassen. Daarnaast het nagaan of er in de gewassen waar Naktuinbouw al in werkt efficiëntieverbetering is door te voeren.

Voortgang

Aan de eerste doelstelling is voldaan. Naast de 30 teelt- en gewasinstructies is er ook een IT-tool ontwikkeld die het maken van teeltinstructies heeft geautomatiseerd. Deze tool heet de “teeltgenerator”.

Ook is er nagegaan of gewassen op een andere manier geteeld kunnen worden. Daarnaast is er beoordeeld of de aantallen planten per monster verminderd kunnen worden. Dit is nog niet het geval. Eerst is er meer ervaring nodig voordat hierover een beslissing wordt genomen.

Geschatte datum afronding

Het project is in 2018 volledig afgerond, m.u.v. de rapportage die voor 1 juli 2019 wordt afgerond. Eind 2019 wordt over de aantallen planten per monster besloten.

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

Naast het uitvoeren van extra onderzoeken DUS heeft het overnemen van gewassen ook geleid tot een sterkere samenwerking met onder meer Polen. De ontwikkeling van de teeltgenerator maakt het makkelijker om nieuwe gewassen in praktijk te telen voor het DUS-onderzoek.

2018 - 6 Ui-indeling DNA merkers - Naktuinbouw

Algemene conclusie

Dit project is een vervolg op eerdere projecten met DNA merkers in ui. In dit project zijn de verwantschappen tussen de types in ui uitgewerkt en is de database op basis van 93 SNP omgezet in een GT-seq en uitgebreid.

Doel van het project

- Verder verfijnen van het vinden van de genetische basis van de indeling in type-aanduidingen door toewijzen van rassen aan intermediaire typen.
- Morfologische check van genetisch verwante groepen van rassen.
- Uitbreiden van de SNP set

Voortgang

- Er is een DUS proef uitgevoerd waarbij de genetische indeling op basis van morfologie is beoordeeld.
- Binnen het gewas ui wordt er gegroepeerd op basis van 11 types: zoals Rijnsburger type. De genetische basis van de type-indelingen is verfijnd. 32 van de 127 rassen konden niet duidelijk bij één van deze 11 typen worden ingedeeld. Van deze rassen is onderzocht of ze een mengsel zijn van types, de zogeheten intermediaire types. Hiermee kan het huidige systeem verder worden verfijnd.
- Er is gekeken of de 93 KASPtm merkers kunnen worden omgezet naar GT-Seq merkers. KASP is Kompetitive allele specific PCR en is een lab methodiek. Bij van Haeringen zijn alle primer sequenties en loci waarin de SNP zich bevindt opgevraagd. Op basis daarvan zullen GT-Seq primers worden ontwikkeld.
- Er zijn nog nieuwe uienrassen uitgezaaid en bemonsterd. Daarmee is een GBS experiment uitgevoerd om het aantal van 93 SNP nog te kunnen uitbreiden.
- Rapportage is geschreven. Project is afgerond.
- Vervolg projectplan geschreven voor de volgende werkzaamheden:
 - Analyse van de sequenties en selecteren van aanvullende set SNPs die ook binnen een groep (bijvoorbeeld Rijnsburger/Spaans) onderscheid geven.
 - Uittesten GT-Seq.
 - Validatie van de GT-Seq resultaten ten opzichte van de bestaande database waarin de SNPs met KASP zijn gegenotypeerd. Dit geeft ook inzicht in welke mate de SNPs technologie-onafhankelijk zijn.

Geschatte datum afronding

Project is afgerond. Er is een vervolg project geschreven en gehonoreerd binnen het methodiekenonderzoek van de Rvp: 2019 – 6 Opbouw DNA database voor *Allium cepa* rassen op basis van SNP.

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

De uien-database op basis van de uitgebreide set SNPs en de nieuwe genotyperings technologie GT-Seq zullen de kwaliteit van het DUS onderzoek in de toekomst kunnen vergroten en de kosten mogelijk verlagen (minder vergelijkers op het veld). Hiervoor zal er eerst een groot aantal rassen gegenotypeerd moeten worden. De afdeling Rassenonderzoek van Naktuinbouw heeft dit werk opgenomen in haar visie op DNA voor de komende jaren.

2018 7 Beleidslijn rasafstanden tulp - KAVB/Naktuinbouw

Algemene conclusie

Het project is goed verlopen. Het blijkt dat mutanten die in het verleden zijn geregistreerd over het algemeen ook in het heden goed onderscheidbaar blijken.

Doel van het project

Inzicht krijgen in de rasafstand die bij het gewas tulp gehanteerd wordt bij het rassenonderzoek ten behoeve van het kwekersrecht. Op basis van het onderzoek wordt gekeken naar een beleidslijn om de rasafstand in de praktijk beter hanteerbaar te maken.

Voortgang

De paarsgewijze vergelijkingen op geselecteerde tulpenmutanten zijn uitgevoerd. Op twee paren na zijn de rassen goed onderscheidbaar voor specialisten DUS. Ook leken (niet DUS experts) blijken na oefening het onderscheid goed te herkennen.

Deze studie heeft geleid tot een overzicht aan kenmerken die minder stabiel zijn en daardoor minder geschikt voor de beslissing over onderscheidbaarheid. Deze kennis wordt benut door deze kenmerken ook een tweede keer in een DUS onderzoek te willen zien als bevestiging. Ook wordt deze kennis benut bij een eventuele toekomstige revisie van de UPOV-richtlijn.

Het voorlopige rapport is met de Rvp gedeeld. De bewoording in het rapport gaf aanleiding tot vragen van de Rvp over hoe Naktuinbouw omgaat met onderscheidbaarheid van rassen. Dit punt van zorg is besproken binnen team DUS en is in nog meer detail besproken door de DUS-onderzoekers in siergewassen.

Geschatte datum afronding

Het project is afgerond.

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

Het DUS onderzoek in het verleden goed uitgevoerd. De rasafstanden zijn niet te klein. Er is vastgesteld welke kenmerken minder stabiel zijn. Bij een beslissing gebaseerd op alleen dergelijk kenmerken is een extra onderzoek nodig om de verschillen te bevestigen.

2018 – 8 Rassenlijst Bomen - CGN

Algemene conclusie

Om geobjectiveerde informatie aan de Rassenlijst Bomen toe te kunnen voegen zijn de nodige aanpassingen aan zowel de database als website gedaan. Het project is afgerond.

Doel

Greendeal II uitbreiding rassenlijst met kenmerken. Het doel is gevalideerde informatie toe te voegen aan de Rassenlijst bomen. NB: het gaat om geobjectiveerde informatie. Deze informatie kan bijvoorbeeld gaan om foto's die door CGN zijn gemaakt die onderdeel uitmaken van een rapportage waarbij de opstand is waargenomen voor opname in de Rassenlijst bomen. Deze extra informatie hoeft niet noodzakelijkerwijs wetenschappelijk te zijn onderbouwd.

Voortgang

Er is een nieuwe functionaliteit in de website gebouwd om onderzoeksresultaten van uitgangsmateriaal (gevalideerde en geobjectiveerde informatie) te ontsluiten. De functionaliteit van de tabel categorieën uitgangsmateriaal is hiervoor uitgebreid. Documenten kunnen nu ontsloten worden onder 'opmerkingen' in deze tabel. Ook het tonen van een afbeelding bij een herkomst is nu mogelijk.

In de database zijn tevens aanpassingen gedaan in de tabellen waar documenten en afbeeldingen toegevoegd moeten worden. De te tonen documenten en afbeeldingen worden in de digital asset manager van het CMS opgeslagen, waarbij een link wordt gemaakt met de database om de betreffende image of document te tonen in de tabel op de website.

De functionaliteit is klaar om gebruikt te worden. Met het verzamelen van de foto's en documenten om te ontsluiten is een start gemaakt. Deze zullen in de loop van 2018 en volgende jaren via de website ontsloten worden.

Geschatte datum afronding

Het project is afgerond.

Knelpunten

Geen.

Strategische conclusie

Met het toevoegen van deze functionaliteit aan de website wordt het ontsluiten van onderzoeksresultaten en foto's van uitgangsmateriaal mogelijk. Het toevoegen van documenten en foto's aan opstanden op de website wordt in 2019 voortgezet, maar valt buiten het budget van dit project.

2018 9 Pushtest Mais - PPO

Algemene conclusie

De methode om stengelrot resistentie (o.a. fusarium) te meten in snijmais door middel van de druktest is in dit project onderzocht en geschikt bevonden.

Doel van het project

Aanleiding voor het rapport was een bezwaarprocedure waarbij een bedrijf bezwaar maakte tegen de druktoets waarmee stengelrotresistentie in snijmais wordt gemeten. Er is toen discussie ontstaan over de waarde en geschiktheid van de druktoets. Met dit project is onderzocht of de druktoets volstaat om stengelrotresistentie te meten in snijmais.

Voortgang

Afgerond

Geschatte datum afronding

Afgerond in juni 2018

Knelpunten

Geen

Strategische conclusie

In het kader van toelating tot de Nederlandse rassenverkeerslijst van mais is één van de onderdelen van het wettelijk CGO de score op stengelrotresistentie. De methode om stengelrot te meten is in dit project onderzocht en geschikt gebleken. Ook kan de Raad verder bouwen op de conclusies van het rapport bij een mogelijke bezwaarprocedure van het bedrijf.