

Programma Kennispodium 6 juni 2024

Ultragevoelige detectietechnieken: Kansen of risico?

14.00 uur **Welkom & toelichting op het thema
'Ultragevoelige detectietechnieken: kansen of risico?'**
Jan Meiling - Directeur Naktuinbouw



14.15 uur **Nieuwe detectietechnieken, nieuw uitvoeringsbeleid?**
Maaïke Bruinsma - NVWA

De ontwikkeling van gevoeliger en bredere detectietechnieken brengt nieuwe inzichten over de fytosanitaire status van getoetste planten en verspreiding van plantenziekten en -plagen. Op grond van de wettelijke kaders, resultaten van de diagnostiek en kennis over de biologie van het betreffende organisme, moet de NVWA bepalen welke bestrijdingsmaatregelen noodzakelijk zijn in welke situatie. In deze presentatie schetsen we inzichten en vraagstukken over hoe nieuwe toetsingstechnieken ons hierbij helpen en hoe we deze onderzoeksgegevens vertalen in gericht advies voor beleidskeuzes.

Maaïke Bruinsma werkt bij de afdeling Expertise Plantgezondheid van de Nederlandse Voedsel- en Warenautoriteit (NVWA). Hier is zij verantwoordelijk voor de coördinatie van de uitbraakbestrijding op het gebied van plantgezondheid. Ze studeerde biologie in Leiden en promoveerde op plant-insectinteracties bij de Wageningen Universiteit. Voor de NVWA werkte zij onder andere bij team R&D van Naktuinbouw. Hierdoor heeft zij ervaring in zowel de laboratorium- als de beleidskant van de detectie van plantenziekten en -plagen.



14.40 uur **Detectie van infectieuze virussen in groentezaden: Een vergelijking van methoden**
Sven Berendsen - Rijk Zwaan

Moleculaire detectietechnieken hebben enorm geholpen in de test-doorstroom van groentezaden op de afwezigheid van ziektes wat nodig is voor internationale handel. Helaas maken deze indirecte technieken geen onderscheid tussen virussen die een infectie kunnen veroorzaken en niet-infectieus 'environmental' RNA, waardoor zaadpartijen onnodig afgekeurd worden. Moet bij een risicoanalyse niet meer vertrouwd worden op directe methodes, zoals plantpathogeniteit indicatorstoetsen die alleen infectieus virus aantonen? Naast historische data kan dit mogelijk onderbouwd worden met digital PCR om de aan- of afwezigheid van volledig genomisch RNA in een monster te bepalen.

Sven Berendsen, onderzoeker zaadgezondheid, studeerde af in de plantenbiotechnologie aan Wageningen UR. Hij werkt nu twintig jaar bij Rijk Zwaan in De Lier, waar hij toetsen ontwikkelt voor het detecteren van zaadpathogenen op groentezaad. Hij werkt veel samen met onderzoekers van andere zaadbedrijven en servicelaboratoria via het International Seed Health Initiative (ISHI), waar hij sinds 2018 lid van is. Hier leidde hij onder andere validatieprojecten voor de detectie van Tomato brown rugose fruit virus en Pepino mosaïc virus met zaadextract PCR.



15.05 uur Evolutie in detectietechnieken en is mijn uitgangsmateriaal gezond?

Harrie Koenraadt - Naktuinbouw

In de tweede helft van de vorige eeuw is er begonnen met het uitgebreid testen van uitgangsmateriaal op ziekten in de groene sector. Klassieke detectietechnieken als uitplaten, biotoetsen en uitgroeioproeven werden gebruikt om na te gaan of plantmateriaal besmet was met pathogenen. In de jaren 80 werd ELISA geïntroduceerd voor de snellere detectie van virussen. Vanaf de jaren 90 werden in toenemende mate moleculaire detectietechnieken gebruikt met een veel grotere gevoeligheid. Voordeel is dat uitslagen snel verkregen worden. Maar is het aangetoonde pathogeen levend en biologisch relevant?

Harrie Koenraadt is senior onderzoeker bij Naktuinbouw. Hij werkt aan toetsontwikkeling en validatie van methodes voor het detecteren van zaadoverdraagbare pathogenen in groentezaden. Het gaat hierbij om viroïden, virussen, bacteriën en schimmels van groentengewassen. Verder is hij betrokken bij protocolbeoordelingen, audits en de organisatie van ringtoetsen binnen NAL (Naktuinbouw Authorized Laboratories), ASLN (Authorized Service Laboratories Naktuinbouw) en ISHI (International Seed Health Initiative).



15.30 uur Pauze

15.45 uur Op virussafari in Mashua

René van der Vlugt - Wageningen Plant Research

Door de opkomst van High Throughput Sequencing (HTS) technieken is het tegenwoordig mogelijk om een veelheid aan virussen te 'ontdekken' in planten en plantmateriaal. Vaak blijven die virussen onopgemerkt, omdat ze geen symptomen veroorzaken. Maar dergelijke vondsten roepen wel allerlei vragen op over de mogelijke fytosanitaire risico's.

In een deelproject PPS Fytosanitair Belangrijk voor Nederland is onderzoek gedaan naar de virussen die voorkomen in niet-Europese knolgewassen. Aan de hand van Mashua (*Tropaeolum tuberosum*) wordt ingegaan op die virusvondsten, maar ook op belangrijke vervolgvragen.

René van der Vlugt studeerde plantenziektenkunde aan de Landbouwhogeschool in Wageningen. Hij promoveerde in 1993 op transgene resistentie tegen aardappelvirus Y. Sinds 1994 werkt hij als plantenviroloog bij het tegenwoordige Wageningen Plant Research aan met name de identificatie en karakterisering van plantenvirussen, het ontwikkelen van diagnostische methoden en maatregelen om deze virusziekten te beheersen. Tussen 2014 en 2024 was hij ook aangesteld als buitengewoon hoogleraar Ecologie van plantenvirussen bij het Laboratorium voor Virologie van de Wageningen Universiteit.



16.10 uur Het aantonen van plantpathogenen in menselijke ontlasting en rioolwater met moderne sequentie-analysetechnieken

Harry Vennema - RIVM

Met metagenoom analyse wordt naast doelbewust gezochte organismen ook nucleïnezuur gevonden van allerlei andere organismen. In faeces en rioolwater is dat vooral bacterieel en bacteriofaag DNA en RNA. Door voorafgaand aan de sequentie analyse bacterieel DNA en RNA af te breken is een sterke verrijking mogelijk van viraal nucleïnezuur. Nadere analyse van de uiteindelijk gevonden sequenties laat zien dat daar ook vaak plantenvirussen tussen zitten, waarschijnlijk afkomstig uit voedselresten in ontlasting. De bevindingen worden gepresenteerd met speciale aandacht voor Tomato brown rugose fruit virus.

Harry Vennema is opgeleid als moleculair bioloog en werkte sindsdien aan virussen van dieren en mensen. Gedurende veertien jaar was hij verbonden aan de Faculteit Diergeneeskunde in Utrecht en daarna, tot nu toe, aan het RIVM. Een groot deel van het onderzoek is gewijd aan moeilijk of niet kweekbare virussen, waarvoor moleculaire technieken de mogelijkheid bieden om ze aan te tonen en te karakteriseren. Sequentie-analyse is de rode draad door zijn carrière, en dat gaf met 'Next Generation Sequence' analysetechnieken nieuwe mogelijkheden en uitdagingen.

16:40 uur Afronding door Jan Meiling

Einde bijeenkomst met aansluitend een drankje