



De ontwikkeling in de bepaling van de DNA-sequentie gaat razendsnel, met vaak verbluffende resultaten. Miljoenen sequenties kunnen bekeken worden in slechts een paar uur tijd en dit aan een steeds lagere prijs. (Laboratorium voor Biodiversiteit en Evolutionaire Genomica, KU Leuven)

# HET DNA VAN DE ZEE

## op speurtocht!

Het leven is ontstaan in de oceaan, wat haar maakt tot 'moeder van alle leven op aarde'. De blauwdruk van dat leven zit ingebed in het erfelijk materiaal. DNA-moleculen zijn de dragers van die erfelijke code, de scheppers van de cel en bij uitbreiding van het ganse organisme, of het nu eencellig of meercellig is, bacterie, virus, plant of dier. Het genetisch materiaal (DNA) wordt met kleine veranderingen (mutaties) in de loop van generaties doorgegeven en verzamelt zo verwantschappen en gebeurtenissen uit het heden en verleden. Het perfecte startmateriaal voor een zee-detective, toch?! In wat volgt nemen we je mee naar zee en laten jullie kennis maken met wat DNA in zee ons zoal kan leren.

*Filip Volckaert<sup>1</sup>, Gregory Maes<sup>2</sup>, Pascal Hablützel<sup>3</sup>, Lisa Devriese<sup>4</sup>, Sofie Derycke<sup>5</sup>, Johan Robbens<sup>6</sup>*

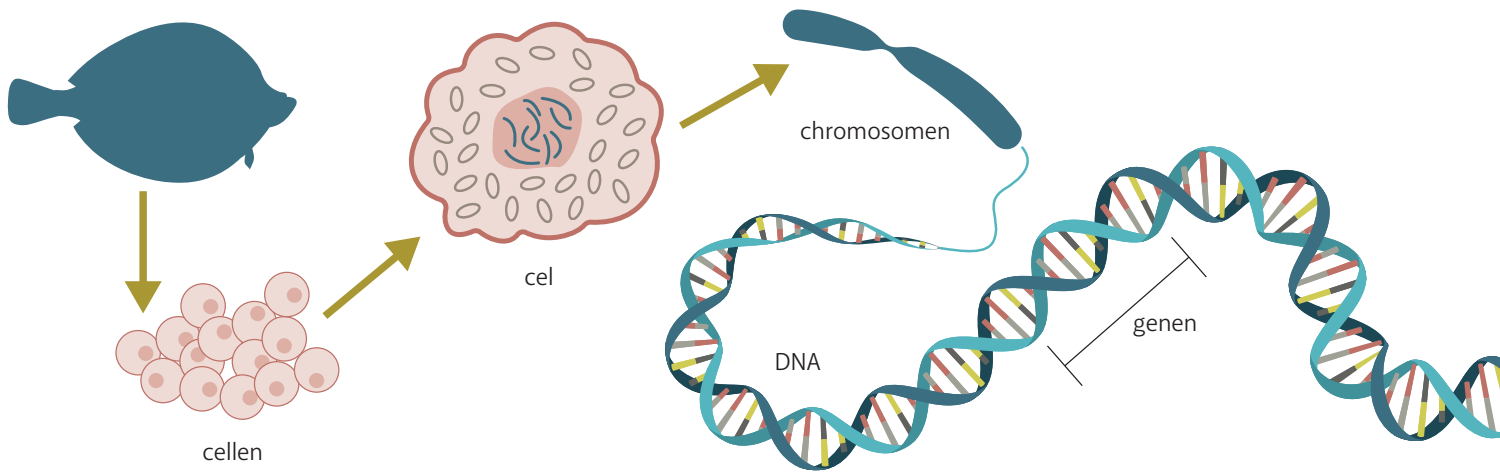
### IS WAT WE ZIEN AAN ZEELEVEN OOK WAT ER ÉCHT IS?

De zee kent een grote diversiteit aan leven, gaande van virussen en bacteriën, éencellige dieren en planten tot complexe meercellige organismen zoals zeewier, schelpdieren, vissen en dolfijnen. De economisch belangrijke soorten zijn goed gekend, maar ook soorten die niet 'nuttig' lijken voor de mens, vervullen een belangrijke rol in zee. Toch is

slechts een kleine fractie van die diversiteit gekend. Dat komt enerzijds door moeilijk te bemonsteren plaatsen – denk maar aan de diepzee – maar ook omdat soorten niet altijd gemakkelijk te herkennen zijn. Hun kenmerken overlappen immers zowel in vorm als kleur. Toen biologen realiseerden dat de DNA-code van het genoom (zie kader 'Een paspoortje van begrippen') karakteristiek is voor elke soort en zelfs voor elk individu, ontstond het idee om een stukje DNA als unieke "barcode" te

gebruiken. Zoals elk product in de winkel een specifieke barcode heeft, zo laat ook elke soort zich kenmerken door een specifieke DNA-sequentie.

- 
- 1 Departement Biologie, KU Leuven, Leuven
  - 2 Departement Biologie, KU Leuven, Leuven / Centrum voor Menselijke Erfelijkheid, KU Leuven, Leuven
  - 3 Vlaams Instituut voor de Zee
  - 4 Vlaams Instituut voor de Zee
  - 5 Operationele afdeling Dier, Instituut voor landbouw-, visserij- en voedingsonderzoek (ILVO), Oostende
  - 6 Operationele afdeling Dier, Instituut voor landbouw-, visserij- en voedingsonderzoek (ILVO), Oostende



DNA-moleculen zijn de dragers van de erfelijke informatie, de scheppers van de cel en bij uitbreiding van het ganze organisme, of het nu eencellig of meercellig is, bacterie, virus, plant of dier. Een DNA-molecule bestaat uit twee lange strengen, die in de vorm van een dubbele helix met elkaar vervlochten zijn. Het DNA bevindt zich in cellen in de vorm van chromosomen.

## MOEILIK OP HET ZICHT TE ONDERSCHIEDEN SOORTEN

In 2002 toonde de Canadese onderzoeker Paul Hebert aan dat een welbepaald gen (het 'cytochroom c oxidase I' of COI gen) voor de meeste dieren als bruikbare barcode kan dienen. Intussen is gebleken dat nog een aantal andere genen (o.a. 16S rRNA, ITS, rbcL) hiervoor in aanmerking komen. Door deze barcodes in een publiekelijk toegankelijke databank ([www.ibol.org](http://www.ibol.org)) onder te brengen en te koppelen aan foto's en een wetenschappelijke naam, kunnen nieuwe soorten sneller worden opgespoord. Bovendien kunnen zo uiterlijk moeilijk te onderscheiden soorten met barcodes alsnog vlot uit elkaar gehouden worden. Zo bleek de bekende eetbare mossel niet één soort te betreffen, maar twee: *Mytilus edulis* en *Mytilus trossulus* (deze laatste typisch voor riviermondingen). Op dit moment bevat de gegevensbank meer dan 6 miljoen barcodes van meer dan 280.000 land- en zeesoorten. Toch heeft DNA-barcoding ook beperkingen: de gegevensbank bevat lang nog niet alle soorten, en de resolutie van de barcodes is onvoldoende om individuen van eenzelfde soort te onderscheiden. Met DNA-barcoding kun je bijvoorbeeld onze culinair geprefereerde 'Zeeuwse mossel' niet onderscheiden

“ DE IN HET DNA VAN DE GEFILTERDE ZEEWATER-STALEN AANGETROFFEN DIVERSITEIT AAN MICRO-LEVEN WAS ONGEZIEN EN VERSTOMDE DE BIOLOGISCHE WERELD ”

van mosselen gekweekt in een ander gebied. Intussen gaat de ontwikkeling in de bepaling van de DNA-sequentie razendsnel, met vaak verbluffende resultaten. Miljoenen sequenties kunnen bepaald worden in slechts een paar uur tijd en dit aan een steeds lagere prijs. Dat betekent dat DNA-barcoding nu ook toegepast kan worden op volledige gemeenschappen – we spreken dan van DNA-metabarcoding – in plaats van op individuele organismen, en op een groot aantal stalen tegelijkertijd. Hiermee kondigt zich een betrouwbaar alternatief aan voor de ecologische karakterisering van door de mens beïnvloede zeegebieden. En wat meer is: de staalname kan voor de helft goedkoper en tot 70% sneller!

## ZOGENAAMDE 'VERBORGEN' SOORTEN...

Een uitzonderlijk nuttige toepassing van DNA-barcoding is het opsporen van verborgen (cryptische) soorten. Dit zijn soorten die met het blote oog, of zelfs met behulp van een uitstekende microscoop, niet van mekaar te onderscheiden zijn. Enkel hun DNA verschilt. Deze cryptische soorten blijken zeer algemeen. Tot de verbeelding spreekt het voorbeeld van de orka of zwaardwalvis. Met DNA-barcoding konden onderzoekers aantonen dat er niet één orka, maar meerdere varianten bestaan, al naargelang hun geografisch voorkomen, gedrag, voeding en genetische code.

## DE STAMBOOM VAN HET LEVEN ONTRAFELLEN

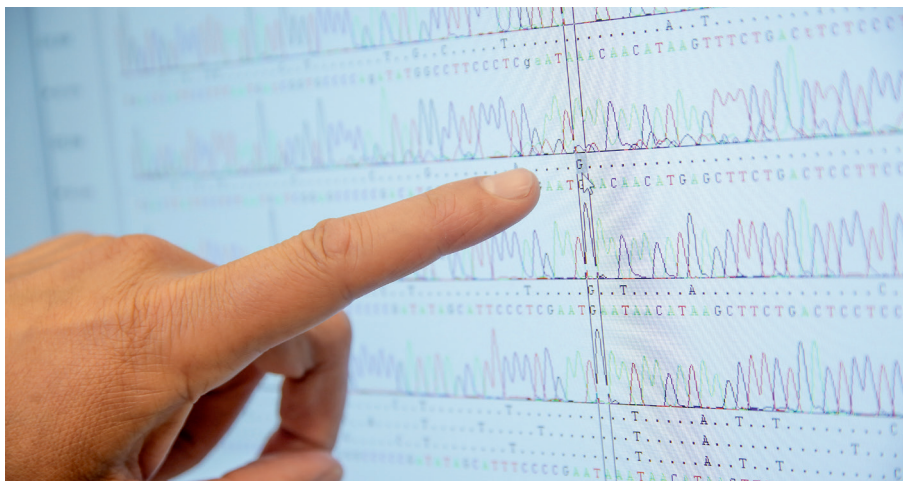
Naast soortenidentificatie wordt DNA ook gebruikt om verwantschappen tussen soorten te documenteren. Dit leidt dan weer tot inzicht in de 'stamboom van het leven'. Op basis

van het 16S rRNA gen weten we bijvoorbeeld dat er drie grote groepen 'leven' bestaan: de Eubacteria (klassieke bacteriën zoals de darmbacterie *E. coli*), Archaea ('oer'bacteriën, algemeen in extreme omgevingen zoals warmwaterbronnen en zoutpannen, maar ook in onze Noordzeebodem) en de Eukaryota ('gekernde' organismen, die alle dieren, planten en schimmels omvatten). De studie van deze verwantschappen laat bijvoorbeeld toe om na te gaan wanneer en waaruit soorten ontstonden. Zo weten we dat de voorouder van alle leven in de zee vertoefde.

## INDRINGERS OPSPOREN

De laatste tien jaar wordt DNA-barcoding uitgebreid toegepast om de toenemende verspreiding van zogenaamde 'invasieve' soorten in kaart te brengen. Scheepvaart, aquacultuur en internationale handel verplaatsen – bewust of (meestal) onbewust – grote aantallen levende organismen wereldwijd. In het geval van de scheepvaart liften vreemde soorten mee op de romp van het schip ('fouling') of in de ballastwatertanks. Wanneer dit gebeurt tussen dezelfde klimaatzones, dan is de kans op overleven van de verplaatste soort groot. In een aantal gevallen zal die nieuwe soort zich vestigen en in een zeer beperkt aantal gevallen zich verspreiden en 'invasief' – lees schadelijk – worden. Zo bereikte het muiltje, een zeeslak oorspronkelijk afkomstig van de Atlantische Westkust, Europa meer dan honderd jaar geleden door mee te liften met oesterbroed. Al snel bleek dat de volwassen slakken de oesterkweek langs de Europese Atlantische kust belemmerden. Terwijl volwassen dieren makkelijk herkenbaar zijn, is dat niet het geval voor de microscopisch kleine larven. DNA-barcoding kan dit wel, wat waardevolle informatie oplevert om richtlijnen te ondersteunen ter beperking van ongewilde transfers.

“ MET DNA-BARCODING KONDEN ONDERZOEKERS AANTONEN DAT ER NIET ÉÉN ORKA, MAAR MEERDERE VARIANTEN BESTAAN, AL NAARGELANG HUN GEOGRAFISCH VOORKOMEN, GEDRAG, VOEDING EN GENETISCHE CODE ”



De globale ontrafeling van de genetische code van het zeeleven leidde tot de ontdekking van miljoenen nieuwe genen. (Laboratorium voor Biodiversiteit en Evolutionaire Genomica, KU Leuven)

## HET ÉCHTE CSI-WERK: EDNA!

Een recente en veelbelovende toepassing is het opsporen van leven op basis van DNA-sporen die dieren of planten achterlaten in hun omgeving. Het zou zo uit een misdaadserie kunnen komen! Bij dit 'environmental DNA' of eDNA onderzoek hoef je dus geen intact individu meer te vinden. Versnipperde DNA resten uit schubben, slijm of uitwerpselen in het water volstaan. De onderzoeker filtert meerdere liters water, zuivert het DNA eruit en bepaalt de sequentie van de DNA-fragmentjes. Voordeel is dat soorten die in de omgeving in kleine aantallen voorkomen toch op te sporen zijn, zonder de hele omgeving met netten ondersteboven te halen. Zo konden Deense onderzoekers in een haven 15 vissoorten aantonen met eDNA, waaronder één zelden gevangen sardien. De techniek kan wel nog

geen aantallen bepalen. De toekomst voor dit onderzoek lijkt alvast rooskleurig. Mits verdere verfijning lijkt het opvolgen van vis- en andere bestanden aan zeeleven, puur op basis van het in de omgeving aanwezige DNA, niet langer fictie.

## NIEUWE DNA-TECHNIKEN ZETTEN KENNIS MICROLEVEN IN ZEE OP ZIJN KOP

De rol van micro-organismen (of microben) in zee is immens. Toch kunnen we ze niet zien met het blote oog. Enkel in zeer grote aantallen ('algenbloei') worden ze zichtbaar. Dan kleuren ze het water rood, groen of bruin. Herkenning, zelfs onder de microscoop, is overigens lastig. Kiezelwieren en andere micro-algen met een harde celwand zijn, door de versieringen op het 'huisje'

waarin ze leven, nog enigszins te herkennen. Maar micro-organismen met een zachte celmembraan zijn vaak niet te onderscheiden op basis van morfologische kenmerken. Bovendien vereist de traditionele manier om deze soorten te bestuderen kweek in het laboratorium. Geen gemakkelijke taak en slechts haalbaar voor een kleine fractie van alle soorten. Veel problemen dus... tot dé grote doorbraak zich aandienende, met de uitvinding van DNA-gebaseerde methodes! In 2004 opende zich een nieuwe wereld. De Amerikaanse biotechnoloog Craig Venter voer ter gelegenheid van de Global Ocean Sampling Expedition (GOS) twee jaar lang de wereld rond met zijn schip, de *Sorcerer II*. Hij verzamelde zo veel mogelijk waterstalen en onderwierp die aan 'hoge doorvoer' DNA-sequentiereactie. Cruciaal was de toegang tot krachtige machines en computers om de grote hoeveelheid DNA

## EEN PASPOORTJE VAN BEGRIPPEN

- **ALLEL** > variant van een gen
- **AMINOZUUR** > organische verbinding, o.a. bouwsteen van eiwitten.
- **CHROMOSOOM** > drager van het erfelijk materiaal (DNA) van een organisme.
- **DINOFLAGELLAAT** > na de kiezelwieren, de talrijkste groep micro-algen in zee; gekenmerkt door twee zweepharen of 'flagellae' en een skelet uit cellulose
- **DNA** > desoxyribonucleïnezuur, macromolecule die drager is van de genetische code.
- **DNA-BARCODING OF DNA-PROFILERING** > methode die, aan de hand van korte genetische merkers uit het DNA, soorten herkent.
- **DNA-METABARCODING** > snelle methode om biodiversiteit te evalueren op basis van DNA-gebaseerde identificatie (DNA barcoding) en hoge doorvoer DNA-sequentiebepaling.
- **DNA-SEQUENTIE** > opeenvolging van letters (ACTG) die de rangschikking aangeven van nucleotiden die allelen vormen in een DNA-molecule.
- **ENVIRONMENTAL DNA (EDNA)** > DNA dat geëxtraheerd wordt uit de omgeving in plaats van rechtstreeks uit een organisme.
- **GEN** > de eenheid van erfelijk materiaal; onderdeel van een chromosoom, bestaande uit stukken DNA
- **GENENPOEL** > variatie aan genen binnen een populatie
- **GENOOM** > de volledige genetische samenstelling van een organisme.
- **HOGE DOORVOER DNA-SEQUENTIEREACTIE** > methoden die door automatisatie toelaten de sequentie van enorme hoeveelheden DNA te bepalen
- **MOLECULAIRE GENETICA** > onderdeel van de genetica met focus op de studie van de genen op moleculaire schaal
- **NUCLEOTIDE** > bouwsteen voor o.a. DNA
- **POLYMERASE** > enzym dat ketens van aminozuren of nucleotiden kan opbouwen
- **STOCK** > subpopulatie van een soort, zich onderscheidend door specifieke biologische kenmerken

semi-automatisch uit te lezen en te analyseren. En wat bleek? De in het DNA van de gefilterde zeewaterstalen aangetroffen diversiteit aan micro-leven was ongezien en verstomde de biologische wereld. Eén van de vele verrassingen was de alomtegenwoordigheid van de methaan producerende zeebacterie *Pelagibacter ubique* (letterlijk: 'overall voorkomende zeebacterie'). Dit reeds in 1995 als SAR11 geïdentificeerde micro-organisme, bleek het op één na talrijkste organisme van de ganse planeet! Naast informatie over de soortenrijkdom ('wie is er aanwezig?') is ook kennis m.b.t. de fysiologie van de micro-organismen ('wat doen ze daar en hoe doen ze het?') essentieel. De globale ontrafeling van de genetische code van het zeeleven leidde tot de ontdekking van miljoenen nieuwe genen. Van een groot deel van deze genen is de juiste DNA-sequentie gekend, maar niet de functie. Mogelijk schuilen in deze genenpoel enkele genen die coderen voor nuttige of soms zelfs noodzakelijke producten. Denk aan nieuwe geneesmiddelen tegen kanker (uit de bacterie *Salinispora*), het karlotoxine (uit de dinoflagellaat *Karlodinium veneticum*), enzymen voor waspoeders, antibiotica of een extract van algen als antioxidant in cosmetica.

## WELKE VIS LIGT ER OP MIJN BORD?

### IS HET WEL TONG?

De weg die vis en zeevruchten afleggen tussen vangst en consumptie is groot. Voedselveiligheid, eerlijke handel en een duurzame visserij zijn belangrijk in deze voedselwaardeketen. DNA kan ook hier helpen door de soort juist te identificeren (DNA-barcoding) en door de herkomst te bepalen (herkomstbepaling). Zeker bij bereide visgerechten, zoals een vispannetje, bestaat immers steeds de kans op al dan niet bewust verkeerde informatie. Een voorbeeld: in een enquête bij restaurants en bedrijfskantines in Brussel nam de NGO Oceana 280 vismaaltijden onder de loep (Christiansen *et al.* 2018). Maar liefst 31% van de op het menu vermelde soorten bleken fout. Vooral sushi-bars namen het niet nauw met de verwijzing naar de juiste tonijnsoort. De zeer dure blauwvintonijn bleek (begrijpelijk) een zeldzame verschijning op de Brusselse borden. En zelfs in de kantine van de EU werden vissoorten door elkaar gehaald. Vergelijking met andere studies wijst erop dat onvoldoende en onnauwkeurige controle aan de basis ligt van deze chronische fouten. Gelukkig loopt het niet altijd zo'n vaart. Een consumentenorganisatie



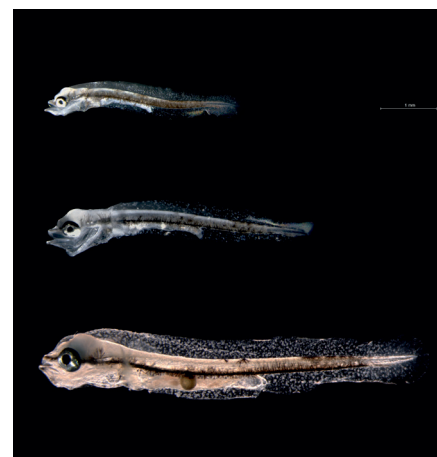
Zalmoederijen in Noorwegen worden 24/24 en 7/7 opgevolgd om ontsnappingen te vermijden. Een ontsnapte zalm kan zich ongewild mengen met de wilde, bedreigde populaties, wat een probleem vormt voor deze laatste.

kon geen fraude vaststellen bij een 70-tal geserveerde kabeljauwmaaltijden in restaurants verspreid in België. En ook de naamgeving van naar België geïmporteerde vis, bij analyses in het kader van de nieuwe wetgeving op etikettering (2011), scoorde positief. Toch blijft de toepassing op grote schaal achterwege omwille van kostprijs en techniciteit. Hoop is dat projecten die de authenticiteit en traceerbaarheid van vis, schaaldieren en zeewier vlotter willen laten verlopen hieraan kunnen verhelpen.

### VANWAAR KOMT DIE TONG?

Naast het toewijzen van de soort met DNA-barcoding is het ook mogelijk om de geografische of zelfs wild versus gekweekte herkomst van vis en zeevruchten te bepalen. Dit heet DNA-herkomstbepaling. Net zoals wijn aan een productiegebied vasthangt, zo is ook vis met een vangst- of kweekplaats verbonden. In dit geval berust de informatie niet op een enkel gen, maar op honderden plaatsen in het genoom waar de DNA-code varieert. Om de vergelijking mogelijk te maken, wordt eerst de genetische variatie in het ganse verspreidingsgebied in kaart gebracht. Met die kennis kan dan een individu toegewezen worden aan een populatie en verspreidingsgebied. Omdat dit een dure onderneming is, gebeurt het enkel voor economisch of om andere redenen belangrijke soorten. Blauwvintonijn, tong, kabeljauw en Atlantische zalm behoren tot deze kleine groep. Tong kan intussen met 98% zekerheid toegewezen worden aan een visgrond in de Zuidelijke Noordzee of Ierse Zee. Controle van 28 vishandelaars in België toonde geen enkel geval van soortvervanging van tong, maar wel vier gevallen van dubieuze herkomst (o.a. een verwisseling van de noordelijke Noordzee met de Golf van Biskaje). Het nut van herkomstbepaling

slaat voornamelijk op het beheer van de visgronden. Worden de vissen gevangen op de aangegeven plaats of juist niet? Ze is minder gericht op voedselveiligheid: is dit gecontamineerde wildvang van kabeljauw uit de Baltische Zee? Of is er sprake van economische fraude: wordt goedkopere tong uit de Atlantische Oceaan aangeboden in Venetië? Een tot de verbeelding sprekend voorbeeld is de 24/24 u en 7/7 dagen monitoring van de Noorse zalmoederijen. Basisbezorgdheid is dat gekweekte zalm ontsnapt en zich ongewild mengt met de wilde, bedreigde populaties, wat een probleem vormt voor deze laatste. Om ontsnappingen te ontraden, screent men in het wild gevangen zalmen op hun DNA. Zo kunnen mogelijk ontsnapte gekweekte exemplaren aan hun boerderij worden toegewezen. Het afschrik-effect heeft intussen zijn nut bewezen, o.a. als de vergelijking wordt gemaakt met Schotse en



Jonge vislarfjes zijn, net als viseitjes, moeilijk van elkaar te onderscheiden. Aan de hand van DNA-onderzoek kunnen genetici voor elk van die stadia traceren tot welke populatie de vis behoort. Hier zeebaarsjes van respectievelijk 11, 13 en 15 dagen oud (Hans Hillewaert)



DNA-analyse kan een rol spelen in voedselveiligheid, eerlijke handel en duurzame visserij door de soort van vis- en zeevruchten juist te identificeren (DNA-barcoding) en door de herkomst te bepalen (herkomstbepaling) (VLIZ).

Chileense zalmkwekerijen waar zo'n intense monitoring niet bestaat. Ontsnappingen in Noorse wateren worden nu doorgerekend aan de betrokken visboerderij. De verwachtingen zijn dat real-time monitoring van de herkomst in de komende jaren verder terrein zal winnen.

## VISMIGRATIE: TERUG NAAR DE GEBOORTEPLAATS

Tenslotte kunnen DNA-technieken ook helpen bij het achterhalen van de voortplantingsstrategie en de trekpatronen van vissen en hun populaties. Een vissenleven speelt zich onder water af, maar niet steeds op dezelfde plaats. Vissen beginnen hun levensloop als bevruchte eitjes, afgezet op paai-gronden (broedgebieden). Elke soort heeft zo zijn voorkeur. Tong legt drijvende eitjes in ondiep water voor de Belgische kust in de lente. Haring kleeft zijn eitjes aan een harde ondergrond in diepe delen van de Noordzee. Drijvende eitjes en uitgeborede larven drijven met de stroming mee. Genetische profilering helpt om de kleine eitjes en larven op naam te brengen, vooral dan van nauwverwante soorten. Een mooi voorbeeld zijn de verschillende kabeljauwachtigen (zoals kabeljauw, wijting, steenbolk en vijfdradige meun) waarvan de paaiperiodes en paaigronden overlappen. De drift van de larven eindigt met de metamorfose tot een juveniel. Dit jonge visje zoekt vervolgens de zogenaamde "kinderkamers" op. Voedsel is er rijkelijk aanwezig en de kans opgegeten te worden is klein. Voorbeelden zijn de Westerschelde en de brandingszone langs de Belgische kust.

Massa's miniatuurplatvis (tong, pladijs, tarbot en bot), -zeebaars en -grondel groeien er de eerste zomer en herfst op. De KU Leuven toonde o.a. met DNA-onderzoek aan dat de meeste jonge tong lokaal geboren is, maar dat een kleine groep van "elders" (> 100 km) komt. Na hun eerste zomer verplaatst de jonge vis zich naar rijkere voedselgronden, die voor tong en pladijs in dieper water liggen. Zo is de cyclus van eitje tot volwassen vis gesloten. Voor elk van die stadia kunnen genetici traceren tot welke populatie (of "stock" in visserijjargon) de vis behoort. Dat is belangrijk omdat niet elke populatie dezelfde biologische kenmerken heeft van groei, geslachtsrijpheid en sterfte. Zo is genetisch beheer al nuttig gebleken bij het onderscheiden van fjord- en open zee kabeljauw, winter- en zomerpaaiende haring, enz.. Alle oeverstaten van de Noordzee beheren hun visstocks intussen met behulp van moleculaire technieken.

## EN WAT BRENGT DE TOEKOMST?

Moleculaire technieken bewijzen dat identificatie aan de hand van het DNA in veel gevallen correcter en dus gemakkelijker is dan met de tot dusver gangbare technieken. Het zou mooi zijn indien dit sneller kon en niet beperkt bleef tot een degelijk ingericht analytisch lab met goed opgeleid personeel. De verwachting is dat in de nabije toekomst diagnostische kits, net zoals een nitriettest voor aquariumliefhebbers of een zwangerschapstest voor vrouwen, zullen beschikbaar zijn voor plaatselijk gebruik. Dan kan

een visser, ambtenaar of groothandelaar nakijken met welke soort hij te maken heeft. Ook zullen nieuwe, nog beter werkende toestellen toelaten dat dit massaal voor veel soorten tegelijk kan. Het gebruik van herkomstbepaling zal verder ingeburgerd raken, en nieuwe toepassingen – zoals het opsporen van zeer kleine populaties met eDNA, de gerichte toewijzing van visquota en de monitoring van infecties – komen eraan. Maar het identificeren van zeer kleine fragmenten DNA biedt ook kansen om museumcollecties of archeologische resten van organismen te identificeren en te traceren. Klopt het dat vanop Vikingsites al kabeljauw werd verscheept van verre visgronden? Of waar kwamen de zalmen vandaan, gevonden in de Middeleeuwse sites van Oudenaarde of Mechelen? Naast het opsporen van soorten en hun 'whereabouts', kan DNA-onderzoek ook een belangrijke rol spelen in tal van andere domeinen. Zo wordt moleculaire genetica vandaag al courrant gebruikt om onder andere Atlantische zalm te veredelen. Nu gebeurt dit vooral nog gericht op maximale groei, maar ook gedrag, bewaarkwaliteit, immuniteit en vatbaarheid voor infecties kunnen worden gestuurd. Tenslotte is de voedsel- en de farma-industrie geïnteresseerd in de productie van bioactieve moleculen van mariene organismen. Vaak zijn de moleculen niet rendabel te oogsten in de natuur, maar door productie in getransformeerde bacteriën zijn er heel wat mogelijkheden. Een klassiek voorbeeld is het *Taq* polymerase, oorspronkelijk geïsoleerd uit een warmwaterbron aan land, maar verbeterd met een variant uit de diepzee. Dit enzym is vandaag niet meer weg te denken uit het genetisch onderzoek. Het verhaal van het DNA van de zee is dus een heel groot, boeiend en groeiend verhaal.

## BIBLIOGRAFIE

- Bernatchez L., Wellenreuther M., Araneda C., Ashton D.T., Barth J.M.I., Beacham T.D., Maes G.E., Martinsohn J.T., Miller K.M., Naish K.A., Ovenden J.R., Primmer C.R., Suk H.Y., Therkildsen N.O. & Withler R.E. (2017) Harnessing the power of genomics to secure the future of seafood. *Trends in Ecology & Evolution* 32: 665-680.
- Christiansen H., Fournier N., Hellemsens B. & Volckaert F.A.M. (2018) Seafood substitution and mislabeling in Brussels' restaurants and canteens. *Food Control* 85: 66-75.
- Lacroix G., Maes G.E., Bolle L.J. & Volckaert F.A.M. (2013) Modelling dispersal dynamics of the early life stages of a marine flatfish (*Solea solea* L.). *Journal of Sea Research* 84:13-25.
- Nielsen E.E., Cariani A., Mac Aoidh E., Maes G.E., Milano I., Ogden R., Taylor M., Hemmer-Hansen J., Babbucci M., Bargelloni L., Bekkevold D., Diopere E., Grenfell L., Helyar S., Limborg M.T., Martinsohn J.T., McEwing R., Panitz F., Patarnello T., Tinti F., Van Houdt J.K.J., Volckaert F.A.M., Waples R.S., FishPopTrace Consortium & Carvalho G.R. (2012) Gene-associated markers provide tools for tackling IUU fishing and false eco-certification. *Nature Communications* 3:851.
- SeaFoodTomorrow – Creating nutritious, safe and sustainable seafood for consumers of tomorrow. URL: <https://seafoodtomorrow.eu>