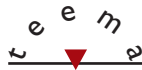


Yrjö Helariutta

”Kasvikunnan banaanikärpäsen” lituruohon geenikartoitus jouduttaa myös metsäpuiden geenistön tuntemista



Lituruohon (*Arabidopsis thaliana*) genomin emäsjärjestyksen julkistaminen joulukuussa 2000 siirsi kasvien geenitutkimuksen uudelle aikakaudelle; suurin osa kasvien geenitoiminnoista selvitetään seuraavan noin kymmenen vuoden kuluessa mukaan lukien metsäpuiden kasvua ja puun laatuominaisuuksia säätelevät geenit. Samalla tavalla kuin ihmisgenomin emäsjärjestyksen selvittäminen avaa uusia näköaloja lääketieteessä, ensimmäisen kasvigenomin tunteminen mullistaa useita luonnontieteen aloja (kuten biologiaa, kasvitiedettä ja farmasiaa) sekä soveltavan luonnontieteen aloja (kuten jalostustieteitä ja osin lääketiedettä), siis myös metsän ja puun käyttöön liittyviä tieteenaloja.

Muutaman viime vuoden aikana on julkaistu useiden organismien kuten kolibakteerin, leivinihiivan, sukkulamadon ja banaanikärpäsen genomien koko emäsjärjestys. Joulukuussa 2000 julkaistiin ensimmäisen kasvin, lituruohon geenistö. Samoin ollaan varsin pitkällä ihmisen oman geenistön kartoituksessa. On tullut siis ensimmäisen kerran mahdolliseksi tutkia ja vertailla, millaiset geenit ohjaavat kunkin erityyppisen elomuodon kehitystä ja toimintaa.

Metsäpuut ovat sekä ekologisesti että ekonomisesti tärkeä kasviryhmä. Pitkän sukupolvenvälin ja ristisiittoisuuden vuoksi metsäpuiden geneettinen tutkimus on kuitenkin varsin hankalaa. Tästä syystä myös

metsäpuiden geneettisessä tutkimuksessa, vastaavalla tavalla kuin lääketieteellisessä tutkimuksessa, on mielekästä käyttää ns. malliorganismia. ”Kasvikunnan banaanikärpäsen” lituruoho on kaalin ja rypsin läheinen sukulainen. Sillä on vain viisi pientä kromosomia, joissa kuitenkin on pääosin samat geenit kuin kaikissa muissakin kasveissa. Lituruoho on pieni ja sen elinkierto on lyhyt. Tämä mahdollistaa helpon ja nopean kasvattamisen laboratorio-olosuhteissa.

Vaikka lituruoho on yksivuotinen ja ruohovartinen kasvi, sillä on kuitenkin samantyyppiset kasvinosat ja solut kuin puuvartisillakin kasveilla. Tiettyllä tavalla kasvatettuna lituruohon varsi jopa saadaan muuttumaan puumaiseksi. Tässä mielessä voidaan siis ajatella, että lituruohon geenistön tutkimus edesauttaisi myös metsäpuiden geenitutkimusta. Lituruohon ja metsäpuiden geneettisestä yhtäläisyydestä onkin jo lukuisia esimerkkejä. Esimerkiksi selluloosan ja ligniinin biosynteesiin liittyviä entsyymejä koodaavia geenejä on alunperin eristetty lituruohosta ja myöhemmin osoitettu vastaavanlaisten geenien toimivan puuaineksen muodostuksessa itse puuvartisella kasvilla. Oma ryhmäni on äskettäin löytänyt lituruohon ”puunmuodostuksen” solunjakautumisille tarvittavan reseptorigeenin, ja tutkimme parhaillaan, säätelevätkö rakenteellisesti samantyyppiset koivun reseptorigeenit puunmuodostusta.

Nyt lituruohon koko perimän emäsjärjestyksen paljastamasta lähes 26 000 geenistä on aktiivisesti tutkittu vain noin kymmenen prosenttia. Tuhansia tutkijoita käsittävän kansainvälisen yhteisön kymmenen lähivuoden tavoitteeksi on asetettu kaikkien 26 000 geenin merkityksen selvittäminen. Tämä toteutuu kansainvälisesti tutkimalla suuria määriä lituruohon kantoja joihin on tarkoituksellisesti tuotettu geenivirheitä. Geenivirheiden perusteella voidaan edelleen tunnistaa geenitoimintoja. (Esimerkiksi mikäli tietyssä linjassa oleva geenivirhe johtaa alenuneeseen selluloosapitoisuuteen, voidaan päätellä että virheettömänä kyseinen geeni saattaa olla tärkeä selluloosan biosynteesille.)

Seuraavan noin kymmenen vuoden aikana tullaan todennäköisesti ratkaisemaan suurin osa lituruohon geenitoiminnoista. Tämän jälkeen tutkimus keskittyy genejä vastaavien valkuaisaineiden ominaisuuksiin sekä geenitoimintojen diversiteettiin kasvikunnassa.

Eri kasvilajien DNA:n emäsjärjestyksen ja kasvien elintoimintojen yleisen samankaltaisuuden perusteella on varsin oletettavaa että lituruohon geenistö edustaa varsin kattavasti myös eri metsäpuulajien geenistöjä. Vaikka metsäpuut ovatkin systemaattisesti heterogeeninen ryhmä ja niiden genomien koot vaihtelevat ollen joka tapauksessa useita kertoja/kertaluokkia suurempia kuin lituruohon genomi, eri metsäpuuiden genomitutkimuksesta tulevan tiedon valossa näyttäisi siltä että hyvin suuri osa erilaisista geeniluokista olisi kaikille kasveille yhteisiä. Tällöin kasvikunnan diversiteetti perustuisi ennen muuta siihen miten eri lajeissa tiettyjä geeniluokkia edustavat geeniperheet ovat organisoituneet ja diversifikoituneet, ja miten eri genejä eri lajeilla säädellään.

Koska metsäpuut yhdessä ja toisaalta kukin laji erikseen edustavat ainutlaatuisia ympäristöönsä sopeutuneita elinstrategioita, on paikallaan pyrkiä selvittämään miten paljon lituruohosta suhteellisen nopeasti saatava tieto on sovellettavissa metsäpuuiden geenitutkimukseen. Tässä lähtökohtana on eri metsäpuulajien geenitoimintojen vertaileva tutkimus perustuen geenien emäsjärjestyksen laajamittaiseen kartoitukseen.

Miten lituruohon ja muiden kasvien, kuten metsäpuuiden, geneistä saatua tietoa voidaan hyödyntää? Kasvigeeneihin pohjautuvalla tiedolla on huomattavan laaja-alainen merkitys ainakin seuraavilla tasoilla:

- Geeni- ja molekyyli-tason tieto kasvien kasvun ja ympäristöön sopeutumisen mekanismeista on arvokasta sinänsä. Sen avulla voidaan yhä paremmin kartoittaa ja tarkkailla kasvien ja kasvillisuuden nykytilaa ja ennustaa, miten se muuttuu ympäristön muuttuessa.
- Geeni- ja molekyyli-tason tieto tehostaa perinteistä valintajalostusta. Sekä peltokasvien jalostus (joka alkoi jo ihmiskunnan kulttuurievoluution varhaisessa vaiheessa) että metsäpuuiden jalostus (jota on harjoitettu vasta 1900-luvulta lähtien) ovat laajalti perustuneet mekanismeiltaan varsin heikosti tunnettuihin biologisiin prosesseihin. Geenitason tieto lisää ratkaisevasti näiden mekanismien tuntemusta, jolloin yhä kohdennetumpi valinta tulee mahdolliseksi.
- Siirtogeeniset kasvit. Geenitutkimus tuottaa tyypillisesti hypoteeseja joiden testaus tapahtuu viime kädessä geeninsiirron. Toisaalta tätä tekniikkaa on mahdollista käyttää myös itse jalostuksessa. Tämä voi kuitenkin tapahtua vain laajamittaisen riskinarvioinnin ja yhteiskunnallisen keskustelun kautta. Tässä keskustelussa on kuitenkin tärkeää tehdä ero itse tutkimukseen liittyvän (joka on olennainen osa perustutkimusta) ja sovellutuksiin tähtäävän (jossa on mukana yhteiskunnallinen ulottuvuus) geeninsiirtotoiminnan välillä.

Kirjallisuutta

The Arabidopsis Genome Initiative. 2000. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature* 408: 796–815.

■ Dos.Yrjö Helariutta, Helsingin yliopisto, biotekniikan instituutti. Sähköposti yhelariu@operoni.helsinki.fi