

Kasvien geenitutkimus ja geenitiedon soveltaminen

Yrjö Helariutta

Kaikkinaisen geeni- ja molekyyli-tason informaatio erilaisten kasvimuotojen geneeistä ja niiden toiminnasta edesauttaa biodiversiteetin ymmärtämystä ja on näin itseisarvo sinänsä. Sen lisäksi että vaalimme erilaisia uhanalaisia lajeja tärkeänä osana kasvillisuutta, pystymme ehkä tulevaisuudessa arvioimaan niitä myös geneettisen diversiteetin kantajina. Tätä molekyyli-tason biodiversiteettiä voidaan mahdollisesti tulevaisuudessa myös hyödyntää esimerkiksi optimoitaessa kasviperäisten raaka-aineiden ominaisuuksia.

Kasvit, sienet ja eläimet muodostavat kolme monisoluista eliökuntaa ja erottuvat näin näkyvinä elinympäristömme mikroskooppisen pienistä organismeista, bakteereista ja yksisoluisista aiotumallisista eliöistä. Toisenvaraisina organismeina me ihmisetkin olemme riippuvaisia kasvien yhteyttämistoiminnasta, fotosynteesistä, jossa ilmakehän hiiltä sidotaan meillekin ravinnoksi kelpaavaan muotoon ja jossa hapetta vapautetaan hengitettäväksemme.

Kaikki lehtivihreät kasvit pystyvät hyödyntämään ilmakehäämme yhteyttämiseen. Toisaalta olot planeettamme pinnalla vaihtelevat lämpötilan, kosteuden, suolapitoisuuden, mineraalien saatavuuden ja valaistuksen suhteen sekä sen suhteen millaisia naapurieliöitä ympäristössä on. Koska kasvit juurillaan kasvualueistaan ankkuroituneina eivät kykene epäsuotuisten olosuhteiden vallitessa muuttamaan elinalueitaan, kasvit ovat tyypillisesti pitkälle sopeutuneet elämään ympäristössään. Näin on kehittynyt erilaisia kasvillisuusalueita, kuten pohjoiset havumetsät tai Afrikan savannit, luonnehtimaan planeettamme erilaisia ympäristöolosuhteita. Kasvit ja eläimet yhdessä muiden eliöiden kanssa vastaavat kullekin alueelle tyypillisestä elämän monimuotoisuudesta, biodiversiteetistä.

Ihminen on myös kautta aikojen pyrkinyt hyödyntämään ympäristönsä kasvillisuutta. Ravinnon ohella kasvit ovat tarjonneet ja edelleen tarjoavat meille uusia lääkkeitä. Lisäksi kasvikunnasta on ammennettu raaka-aineita yhä uudenlaisia hyödykkeitä silmällä pitäen.

Kasvinjalostuksesta geneettiseen muunteluun

Noin 10 000 vuotta sitten ihmisen ja kasvillisuuden suhde muuttui peruuttamattomasti. Tällöin ehkä ensimmäisen kerran nykyisen Lähi-Idän alueella, oman planeetankolkkamme vasta vapautuessa viimeisimmästä jääkaudesta, siirryttiin keräilytaloudesta maanviljelytoimintaan. Ihminen alkoi paikoin raivata ympäröivää kasvillisuuttaan ja korvata poistetut lajit ravintoarvoltaan merkityksellisemmällä kasveilla.

Lisäksi samoihin aikoihin aloitettiin kasvinjalostus. Valinnan ja risteytystoiminnan kautta luotiin entistä satoisampia ja kestävämpiä lajikkeita. Vuosituhansien kuluessa tämä toiminta on johtanut siihen, että merkittävä osa planeettamme maa-alasta on valjastettu viljelytoimintaan. Lajeja on siirretty yli maanosien.

Jalostustoiminta on tuottanut suuren määrän aivan uudenlaisia kasvimuotoja. Mm. maissi on Väli-Amerikan intiaaniheimojen risteytystyön kautta jalostunut keinotekoinen muoto joka on sittemmin levinnyt yhdeksi globaalisesti tärkeimmäksi viljelyskasviksi. Jalostustyön kautta syntyneet muutokset noin viidessä geenissä erottavat nykyään viljellyn maissin sen luonnonvaraisista kantamuodoista.

Tämä ihmisen kasvillisuutta muuttava toiminta tehostui kahden viimeisimmän vuosisadan aikana. Ihmisväestön voimakas lisääntyminen ja teollisuuden kehitys ovat johtaneet viljellyn maa-alan lisääntymiseen ja uusien kasviperäis-

ten tuotteiden, kuten puusta tuotettavan paperin, syntyyn. Toisaalta noin 100 vuotta sitten, perinnöllisyystieteen alkamisen myötä kasvinjalostustoiminta muuttui tieteesksi.

Kun selvisi että perinnöllisesti erilaiset viljelymuodot pohjautuvat DNA:n emäsjakson eroihin, jalostuksessa alettiin systemaattisesti käyttää esimerkiksi röntgen-sädetystä luomaan lisää geneettistä muuntelua jota sitten yleisesti on käytetty uusien risteytys- ja valintaohjelmien pohjana.

Kuriositeettina haluan muistuttaa että nyt hyvin ekologisesti trendikkäänä pidetty ”luonnonmukainen” luomuviljely on sittenkin tyypillisesti geneettisesti varsin sattumanvaraisesti muokattujen meille alkuperältään vieraiden lajikkeiden tai lajien viljelyä ihmisen keinotekoisesti ylläpitämässä ympäristössä.

Kaiken kaikkiaan viime vuosisadan systemaattinen viljelytoiminta muutti kasvillisuutta monin paikoin peruuttamattomasti. Tämä toiminta siirtyi pelloilta myös metsiin. Muun muassa niin meillä kuin tropiikissakin laji- ja populaatorakenteeltaan muutetut talousmetsät valtaavat jatkuvasti alaa luonnontilaisilta metsiltä. Jo harjoittamansa viljelytoiminnan takia ihminen on jatkuvasti köyhdyttämässä ympäristönsä biodiversiteettiä ja tuhoamassa lajeja sukupuuttoon.

Väestön voimakas kasvu, kaupungistuminen ja nopea teollistuminen ovat toisaalta vaikuttaneet kasvillisuuteen myös saastuttamalla ympäristöä. Ehkäpä suurin tällä hetkellä tiedostettu uhkatekijä on ilmaston lämpeneminen.

Lituruoho kasvikunnan banaanikärpänen

Kasvitieteen nykyhaasteet voi pelkistää seuraavasti:

1. On kartoitettava yhä monipuolisemmin kasvikunnan monimuotoisuutta. Minkälaisia eri elomuotoja on olemassa? Mikä on niiden alkuperä suhteessa muihin muotoihin? Miksi tietyt elomuodot ovat sopeutuneet elämään tietyssä ympäristössä?
2. Miten kasvit reagoivat muuttuvaan ympäristöön? Onko mahdollista ennustaa miten kasvillisuus tulee muuttumaan ja ehkä pystyä ennakoivasti suojaamaan kasvillisuutta joiltakin muutoksilta?
3. Miten kehittää ihmisen kasveihin perustuvaa taloudellista toimintaa ympäristöä vähemmän rasittavammaksi? Onko mahdollista viljelyllä ja jalostuksella tehostaa kasvien tuottavuutta ja näin pienentää ihmisen käytössä olevaa pinta-alaa?

On ilmeistä että esittämäni kysymykset ovat laajoja ja niiden ratkaiseminen vaatii useiden niin kasvitieteen kuin sen lähialojenkin tutkimustoimintaa ja näiden välistä yhteistyötä. Seuraavassa tarkastelen mitkä nykyaikaisen kasvien geenitutkimuksen mahdollisuudet ovat näiden haasteiden edessä.

Vaikka munkki Gregor Mendel 1800-luvulla perustikin teoriansa perinnöllisyydestä kasvimateriaalilla tehtyihin kokeisiin, perinnöllisen analyysin kannalta suhteellisen hankaliin ekonomisesti tärkeisiin viljelykasveihin keskittynyt kasvien geneettinen tutkimus jäi viime vuosisadalla jälkeen eläinkunnan banaanikärpänessä huipentuneesta genetiikan kehityksestä.

Vasta 1980-luvun lopulla kasvien geenitutkimukselle löydettiin oma banaanikärpäsen tyyppinen malliorganisminsa, lituruoho, *Arabidopsis thaliana*. Lituruohon genomien emäsjärjestyksen julkistaminen joulukuussa 2000 siirsi kasvien geenitutkimuksen uudelle aikakaudelle. Nyt siis pian noin kuuden vuoden ajan on tiedetty, minkä näköiset geenit ohjaavat kasvintyyppisen elomuodon kehitystä ja toimintaa. Lituruoholla on noin 29 000 geeniä, mikä on määrältään samaa luokkaa kuin eläinkunnassa tutkittujen lajien, ihminen mukaan lukien.

Lituruohon genomien analyysi paljastaa että kasvien alkuperä aitotumallisina eliöinä on yhteinen eläinten ja sienten kanssa. Mutta yli 500 miljoonaa vuotta sitten arvioidun kasvin ja eläinten tyyppisten elomuotojen eriytymisen jälkeen voidaan päätellä tapahtuneen paljon kasveille ominaista evoluutiota; monet lituruohon geeniryhmät ovat ominaisia vain kasveille. Lisäksi lituruohogenomissa on mielenkiintoisena lisänä joukko bakteereille ominaisia geneejiä, joiden arvellaan siirtyneen sinne yhteyttämisestä vastaavan viherhiukkasan syntyessä kasvisoluun symbioosin kautta siniviherbakteerin kaltaisen eliön kanssa.

Elämme parhaillaan ns. funktionaalisen genomitutkimuksen aikakautta. Lituruohon perimän emäsjärjestyksen paljastamasta noin 29 000 geenistä on aktiivisesti tutkittu vain noin parisenkymmentä prosenttia.

Suomalainen kasvien funktionaalisen genomiikan tutkimus painottuu kasvien puolustusmekanismeihin ympäristönmuutoksen aiheuttamia stressitiloja vastaan ja kasvien kasvun ja kehityksen säätelyyn (Helsingin yliopistossa), ja yhteyttämisgenetiikan mekanismeihin (Turun yliopistossa).

Oma tutkimusryhmäni pyrkii selvittämään miten geenit ohjaavat puunmuodostusta. Puu

syntyy kaarnan alla sijaitsevassa kapeassa jälsivöhykkeessä, jonka erilaistumattomat kantasolut jakautuvat ja tuottavat sisäänpäin uusia puuaineksen muodostavia soluja ja ulospäin kasvin yhteyttämistuotteiden kuljetuksesta lehdistä juuriin vastaavia nilan soluja. Vaikka lituruoho on yksivuotinen ja ruohovartinen kasvi, sillä on kuitenkin samanlaiset kasvinosat ja kantasolut kuin puuvartisillakin kasveilla. Pyrimme määrittämään molekyyllitasolla mitkä tekijät ohjaavat puunmuodostuksesta vastaavien kantasolujen toimintaa.

Vuonna 2000 ryhmäni löysi lituruohon "puunmuodostuksen" solunjakautumisille tarvittavaa solun pinnan reseptorimolekyyliä koodaavan geenin, WOODEN LEG, joka sittemmin osoittautui 1950-luvulla havaittua sytokiniini-kasvihormonia sitovaksi signaalinvälitysmolekyyliksi. Sytokiniini-hormonin sitoutuminen WOODEN LEG -reseptoriin puunmuodostuksen kantasolun pinnalla laukaisee entsyymaattisia reaktioita, jotka johtavat geenien aktivoitumiseen tumassa.

Parhaillaan selvitetään, miten tämä sytokiniinihormonivälitteinen geenitoiminta säätelee puunmuodostuksesta vastaavien kantasolujen toimintaa. Olemme määrittäneet että vastaavanlainen reseptori toimii myös metsäpuiden, kuten kotimaisen koivun, puunmuodostuksesta vastaavan jälsivöhykkeen kantasoluissa.

Lituruohon genomien emäsjärjestyksen ohella on alettu määrittää myös muuntotyypisten kasvien geenistöä. Mm. riisin genomien emäsjärjestys on määritetty, samoin ensimmäisen metsäpuun, amerikkalaisen poppelisuvun lajin *Populus trichocarpa*. Piirtyvä kuva on, että varsin monimuotoisena näyttäytyvä kasvikuunta on geneettisesti yllättävän homogeeninen. Pelkästään emäsjärjestystä katsomalla ei voida selittää miksi lituruoho on pieni ruohovartinen kasvi ja poppeli suuri puu! Tästä voidaan päätellä kasvikkunnan monimuotoisuuden selittyvän pääsääntöisesti geeninsäätelyyn ja geenituotteiden yhteistoimintaan liittyvän diversiteetin kautta.

Geenitutkimuksen hyödyntäminen

Miten kasvien geenitutkimuksesta saatua tietoa sitten voidaan hyödyntää? Palaan aiemmin esittämiini kasvitieteen haasteisiin. Ensimmäisenä haasteena oli yhä monipuolisemmin kartoittaa kasvikkunnan monimuotoisuutta, ja toisena selvittää miten kasvit reagoivat muuttuvaan ympäristöön.

On ilmeistä, että kaikkalainen geeni- ja molekyyllitason informaatio erilaisten kasvimuotojen geeneistä ja niiden toiminnasta edesauttaa biodiversiteetin ymmärtämystä ja on näin itseisarvo sinänsä. Sen lisäksi että vaalimme erilaisia uhanalaisia lajeja tärkeänä osana kasvillisuutta, pystymme ehkä tulevaisuudessa arvioimaan niitä myös geneettisen diversiteetin kantajina. Tätä molekyyllitason biodiversiteettiä voidaan mahdollisesti tulevaisuudessa myös hyödyntää esimerkiksi optimoitaessa kasviperäisten raaka-aineiden ominaisuuksia.

Sen että kasvigenomin koodaavien geenien määrä on samaa luokkaa kuin aistivien, liikkuvien ja viestittävien eläinten genomien koodaavien geenien määrä, ajatellaan liittyvän kasvien alustansa kiinnittyvään elintapaan. Koska kasvi ei voi paeta epäedullisia olosuhteita, sen täytyy pystyä kohtaamaan hyvin erilaisia fyysikaalisista ja biologisista tekijöistä johtuvia stressitiloja. Erilaisia stressitiloja varten tarvitaan erilaisia geenitoimintoja ja kasvilla on lopulta oltava kaikki selviytymiseen tarvittavat toiminnot, joilla se on lajinsa kehityshistorian aikana valjastettu. Ylimääräisen haasteen muodostaa ihmisen ympäristöä nopeasti muuttava toiminta joka aiheuttaa kasveille usein niille ennestään tuntemattomia stressitiloja. Jälleen on ilmeistä että geenitieto on avainasemassa pyrittäessä jäsentämään kasvin fysiologisia selviytymisrajoja ja pyrittäessä enustamaan miten kasvillisuus muuttuu ympäristön muuttuessa.

Kolmas haaste on se, onko mahdollista viljelyllä ja jalostuksella tehostaa kasvien tuottavuutta ja näin pienentää ihmisen käytössä olevaa pinta-alaa, sen sijaan että kiihdytämme luonnontilassa olevien alueiden valtaamista viljelyalaksi ihmispopulaation lisääntyessä.

10 000 vuotta jatkunut risteytyksiin ja valintaan perustunut jalostustyö on jo johtanut vaikuttaviin lisäyksiin erityisesti viljakasvien satoisuudessa. Toisten ekonomisesti tärkeiden kasviryhmien, kuten metsäpuiden, jalostus on vielä alkutekijöissään.

Geeni- ja molekyyllitason tieto tehostaa perinteistä valintajalostusta. Sekä peltokasvien jalostus että metsäpuiden jalostus ovat laajalti perustuneet mekanismeiltaan varsin heikosti tunnetuihin biologisiin prosesseihin. Nyt geenitason tieto lisää ratkaisevasti näiden mekanismien tuntemusta, jolloin yhä kohdennetumpi valinta tulee mahdolliseksi. Esimerkiksi on mahdollista, että oma tutkimuksemme puun kasvun säätelystä tuottaisi informaatiota, jonka perusteella voitaisiin valita tiettyä kasvua edistävää luon-

nonpopulaatioissa esiintyvää geenimuotoa hyvin aikaisessa taimivaiheessa ja näin jouduttaa jalostusprosessia.

Riskinarviointia tarvitaan

Geenitutkimus tuottaa tyypillisesti hypoteeseja joiden testaus tapahtuu viime kädessä geeninsiirtoin. Viime kädessä tietyn geenin toiminnallisuus esimerkiksi kasvin kasvun lisääjänä on kyettävä osoittamaan heikentämällä tai vahvistamalla geenin toimintaa siirtogeneesillä. Toisaalta tätä tekniikkaa on mahdollista käyttää myös itse jalostuksessa, jolloin se saattaisi joko jouduttaa jalostusta verrattuna pelkästään geenitietoa hyödyntävään valintaan tai jopa johtaa jalostusarvoon jota ei voida saavuttaa pelkästään valinnalla.

Aikoinaan tietyt eksoottiset lajit, kuten peruna, päätyivät viljelyyn mantereelta toiselle laajan debatin kautta. Samalla tavoin siirtogeneesin viljelmien käyttöönotto voi tapahtua vain laajamittaisen riskinarvioinnin ja yhteiskunnallisen keskustelun kautta, jossa kaikkien hyvin perusteltu mielipide on yhtä arvokas.

Tässä keskustelussa on kuitenkin tärkeää tehdä ero itse tutkimukseen liittyvän ja sovelutuksiin tähtäävän geeninsiirtotoiminnan vä-

lillä. Geeninsiirrot ovat välttämätön osa kasvien perustutkimusta, joilla saadaan tietoa kasvien perusgeenitoiminnoista, kuten kasvun ja ympäristöön sopeutumisen säätelystä.

*

Kasvien geenitutkimus on parhaillaan harvinaisessa murrosvaiheessa. Aloittaessani omaa gradutyötäni vuonna 1989 oli menossa vielä ikään kuin nykyisen avaruustutkimuksen aika, jossa suuresta tuntemattomasta kasvigenomista julkaistiin irrallisia paloja sen mukaisesti mihin teknisesti ja taloudellisesti oli mahdollisuuksia.

1990-luvun lopulla lituruohon geenikartan rakentuessa tutkimuksen luonne alkoi muuttua systemaattisemmaksi ja se huipentui vuonna 2000 julkaistuu lituruohogenomin emäsjärjestykseen. Tämän jälkeen on vallinnut ikään kuin löytöretkien tyyppinen prosessi, jossa kaikkien saatavilla olevaa valtavaa uutta mutta vähitellen yhä enemmän tunnettua resurssia pyritään jakamaan globaalein tutkijavoimin, ei välttämättä kovin hallitusti mutta kuitenkin mukana tietynlainen konsensus siitä että tilaa kaikille riittää.

Kirjoittaja on kasvien kehitysbiologian professori Helsingin yliopistossa. Kirjoitus perustuu virkaanastujaisesityksensä 24.5.2006.