

## Skog sett med molekylærbiologiske øyne

Av Carl Gunnar Fossdal og Lars Sandved Dalen

Skog spiller en nøkkelrolle i det globale karbonkretsløpet. Trær utgjør selve grunnlaget for den betydelige europeiske sagbruks- og treforedlingsindustrien. Til tross for at det er en så viktig ressurs på flere måter, har skogs-trær som gran blitt lite studert fra et molekylært perspektiv. Nylig er det gjort store fremskritt når det gjelder forståelsen av de mekanismer som kontrollerer vekst og overlevelse i planter. Det meste av denne nye forståelsen skyldes anvendelse av molekylærbiologiske teknikker som mikromatriseteknologi.

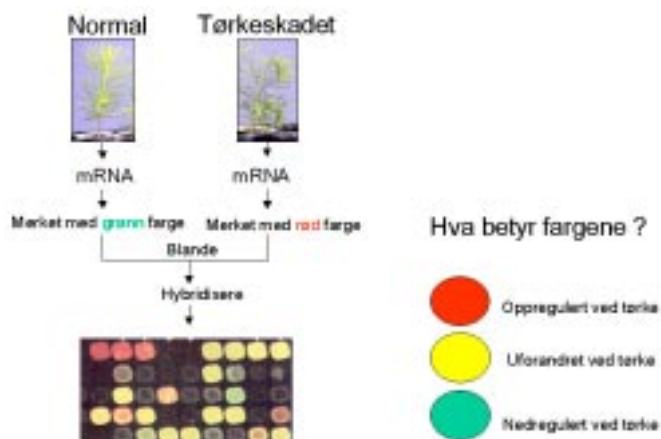
For å kunne studere trærnes forsvars-responser, er Skogforsk i ferd med å bygge opp en database av gran-gener (granDNA) og lage den første mikromatrisen for gran. Mikromatriseteknologien viser genaktivitet, og gjør det mulig å studere flere tusen gener på en gang. Denne teknologien gir oss muligheten til å studere aktiviteten til alle genene i én organisme samtidig, og den har gitt opphavet til det som kalles *funksjonell genomforskning*.

Det uanselige ugresset vårskrinneblom er verdens viktigste plante når det gjelder genetisk forskning. Den er valgt ut til å representere de mer enn 250.000 artene av blomstrende planter som finnes på jorden. Genomet til vårskrinneblom inneholder cirka 27.000 gener – nesten like mange som mennesket!



Foto: Elin Thingnæs, IPF, NLH

Med billedeanalyse, roboter og laser-scanning er det mulig å beskrive hvordan samtlige gener i en plante oppfører seg i forbindelse med forskjellige typer stress, slik som ved angrep av sopp eller barkbiller, og ved lav temperatur eller tørke.



Mikromatriseteknologien: mRNA isoleres og merkes med et fluoriserende stoff som avgir farge ved belysning (RNA er en arbeidstegning av DNA-biten som koder for et gen). Prøvene blandes og vaskes over en glassplate med flere tusen genbiter festet på. Der genbitene ligner på hverandre bindes de og det aktuelle genet vil lyse opp. Avhengig av hvordan genet responderer på tørke får vi en grønn, gul eller rød prikk i matrisen. For eksempel får vi en rød prikk i matrisen dersom genet aktiveres som respons på tørke.

Returadresse:  
Norsk institutt for  
skogforskning  
Høgskoleveien 12  
N-1432 Ås

B



Skogforsk: tlf: 64 94 90 00, [www.skogforsk.no](http://www.skogforsk.no); Institutt for skogfag: tlf: 64 94 88 80, [www.nlh.no/isf](http://www.nlh.no/isf); redaktør: Bjørn R. Langerud

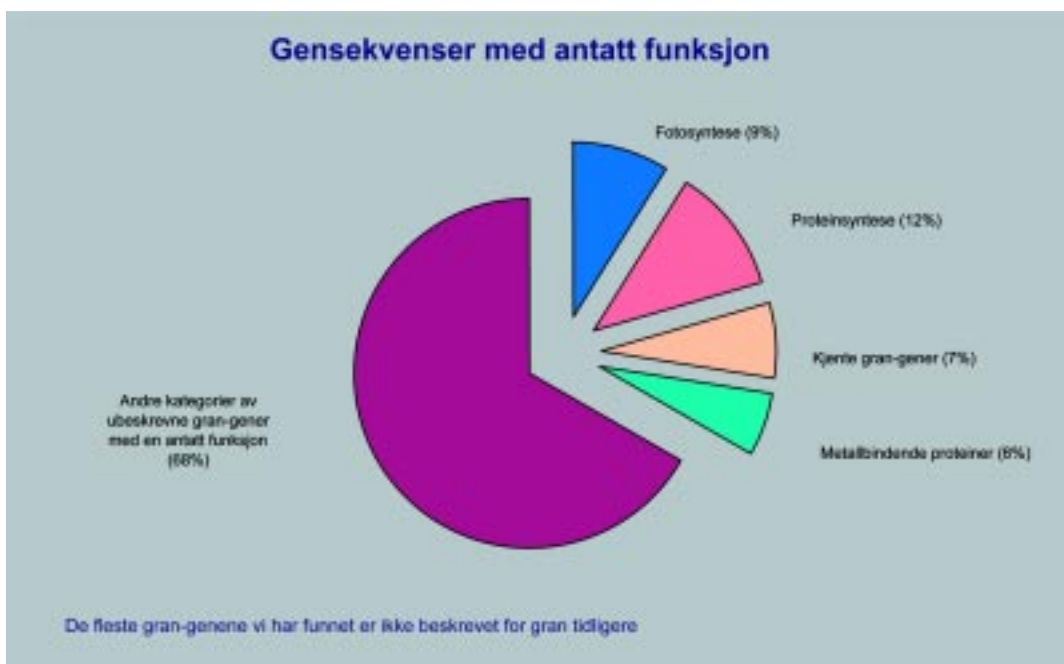
Genomet er organismens totale arvemasse. Blant plantene er det kun genomet til vårskrinneblom og ris som er kartlagt. Vi kjenner dermed alle genene i disse plantene, men vi vet ikke hva de gjør eller hvordan de er regulert. Funksjonell genomforskning er vitenskapen der man blant annet ved hjelp av mikromatriseteknologi forsøker å forstå hvordan genene fungerer.

Ved hjelp av mikromatriseteknologien får vi et mønster av genuttrykket. Dette mønsteret kan vi bruke til å forstå bedre de prosesser som ligger bak trærnes vekst og utvikling, og hvordan trærne reagerer på ulike former for stress. For eksempel vil insektforskere kunne se hvilke gener som er involvert i de ulike fasene av et insektangrep og hvordan trærne forsvarer seg. Innen treteknologi vil vi kunne studere hvilke molekyllære prosesser som er involvert i forbindelse med veddannelse.

Funksjonell genomforskning og etableringen av en database med gran-gener vil også kunne ha praktisk betydning for norsk og europeisk skogbruk i årene fremover. Basert på studier av hvordan genene uttrykkes, tenkes mikromatriseteknologien for eksempel brukt i foredlingsarbeid ved valg av frøpartier og plantemateriale for utplanting. Informasjonen i databasen med gran-gener kan også brukes i forbindelse med identifisering av plantemateriale. I Sverige og USA har man allerede satt i gang store forskningsprosjekter på osp og furu, der mikromatriseteknologien brukes til å studere veddannelse og prosessene som styrer trærnes vekstrytme.

Mer informasjon finnes på vår hjemmeside: [www.skogforsk.no](http://www.skogforsk.no)

Kontakter: [Carl.Fossdal@skogforsk.no](mailto:Carl.Fossdal@skogforsk.no) eller [Lars.Dalen@skogforsk.no](mailto:Lars.Dalen@skogforsk.no)



*Grana har antagelig mer en 30.000 gener. Vi har sekvensert mer en 1100 genkopier og bare 7% av disse tilsvarer tidligere beskrevne gensekvenser fra gran. Det vil si at de fleste av disse kan tilsvare hittil ubeskrevne gran-gener.*