



## En nasjonal dugnad for å kartlegge genomene til alle artene i Norge – EBP-Nor

*Earth Biogenome Project har som formål å DNA-sekvensere absolutt alle eukaryote arter og på idealistisk vis åpent dele resultatene med verdenssamfunnet. Norge er med!*

---

**Thomas Marcussen og  
Kjetill S. Jakobsen**  
Institutt for biovitenskap,  
CEES, Universitetet i Oslo

---

Genetikken har de siste 20 årene beveget seg fra å studere enkeltgener til å studere hele genomer. Et *genom* (se Boks 1) er en organismes totale arvemasse (alt DNA som finnes i kromosomene og organeller), og i genomet ligger den ultimate koden for å forstå molekylærbiologiske, cellulære og fysiologiske prosesser og artenes tilpasninger og evolusjonære historie,

helt tilbake til en felles stamform.

Genomforskning har gjennomgått en enorm utvikling de siste 15 årene. Utviklingen skyldes at nye metoder gjør det mulig å sekvensere millioner av DNA-tråder samtidig og at det i de helt senere år har blitt tatt i bruk teknologier som sekvenserer enkeltmolekyler. En annen, og helt vesentlig faktor, er at metodene for å ana-





lysere sekvensdata er blitt mye mer effektive og nøyaktige. Tilsammen har dette ført til en demokratisering av genomforskningen: Mens man på 1990- og 2000-tallet var avhengig av gigantiske sentraliserte enheter slik som Sanger-instituttet i Storbritannia og Broad-instituttet i USA (hvor enorme midler var investert) og med tusenvis av ansatte, kan man i dag utføre et komplett genom med oppløsning på kromosomnivå bare med et par personer på lab og en eller to bioinformatikere, i løpet av uker.

Går vi tilbake i tid, så var 14. april 2003 en milepæl i vitenskapshistorien (The International Human Genome Sequencing Consortium 2003). Da ble The Human Genome Project (HGP) offisielt avsluttet, 13 år etter at et internasjonalt forskerteam, bestående av mer enn 4000 lab-arbeidere og over 1000 bioinformatikere, hadde gått sammen om å kartlegge (sekvensere) hele genomet til mennesket, og dermed

DNA-sekvensen til alle våre gener. Dette var altså før det vi kaller den moderne DNA-teknologien (*Next Generation Sequencing*; se Boks 1) var oppfunnet.

HGP-prosjektet var det største og mest kostbare innen biologi og medisin noensinne, med en opprinnelig investering på 2,7 milliarder dollar i 1991. Imidlertid har HGP gitt en samfunnsøkonomisk gevinst som er vurdert per 2011 til å være over 140 ganger mer (se Lewin et al. 2018). I perioden fram til 2023 har avkastningen vokst seg radikalt større. Resultatene har i tillegg bidratt til en revolusjon i forståelse av funksjonene til gener og utviklingen innen medisin og bioteknologi.

### Sekvensere all eukaryote arter på jorda – Earth BioGenome-Prosjektet (EBP)

I 2008 ble prosjektet *International Barcode of Life (iBOL)*; se Boks 1) startet som et initiativ for å kartleg-

↑ I prosjektet skal genomet til alle eukaryote arter undersøkes. Figuren viser øverst fra venstre: bergfrue, rødbelteslørsopp, marisko, teppekildemose, stålorm, rådyr og torsk. Nede fra venstre: laks, draugfjær, røssllyng, starrlibelle, haukugle, rødstjert og havnøye. De botanisk og mykologiske bildene er tatt av Klaus Høiland. Bilder av fugler, pattedyr og insekter er tatt av Bjørn Einar Sakseid. Fisk og nøye er tatt av Rudolf Svensen.

ge alle flercellede arter på jorda med såkalte DNA-barcodes, sekvensvariasjon i korte genregioner, for på den måten å enkelt identifisere arter – og oppdage nye.

Hva om vi så økte innsatsen og tok mål av oss til å sekvensere genomene til alle arter på jorda? Teknologien og analysemetodene er kommet så langt at dette er mulig både praktisk og økonomisk. Prisen for sekvensering av alle jordas 1,5 millioner eukaryote arter (antallet er garantert et underestimat) er anslått til 4,7 milliarder dollar (se Lewin et al. 2018). Altså noe høyere, men ikke så langt unna kostnadene for HGP-prosjektet hvis vi tar prisstigningen fra 2003 til i dag i betraktning. Anslagene på avkastningen på sekvensering av alle eukaryote arter vil sannsynligvis overstige den 140 gangers avkastningen man fikk for HGP – i flere artikler er det argumentert for en avkastning på over 1000 ganger den økonomiske innsatsen (Lewin et al. 2018, Lewin et al. 2022).

Selv om genomstudier har skutt enorm fart de siste 10–15 årene, har vi til nå kun kartlagt genomene til 0,02 prosent av eukaryote organismer. Harris Lewin, professor ved University of California, Davis, lanserte i 2018 derfor ideen om det verdensomspennende *Earth Biogenome Project* (EBP; se Boks 1) med formål å DNA-sekvensere absolutt alle eukaryote arter og på idealistisk vis åpent dele resultatene med verdenssamfunnet. Ideene og motivasjonen for EBP ble presentert i en vitenskapelig artikkel i 2018 (Lewin et al. 2018). En oppdatering og oppsummering av EBP ble nylig publisert i et spesialnummer av *Proceedings of National Academy of Sciences* (PNAS) (se Lewin et al. 2022, og andre artikler i dette nummeret).

Så hvordan argumenterer EBP for viktigheten og nytteverdien av et slikt gigantisk, altruistisk prosjekt? Først og fremst er argumentasjonen at vi ikke har råd til å la være – nøkelen ligger i å lage et nytt biologisk

fundament for å fremme framtidig forskning og løsninger på tre hovedfelter, nemlig (1) samfunnsnytte og velferd, (2) vern av biologisk mangfold og (3) forståelsen av økosystemer og samspillet mellom dem.

Et grunnleggende mål for EBP er at genomene skal være såkalt høykvalitet; d.v.s. at hvert kromosom i sin helhet er satt sammen til en sammenhengende sekvens (*assembly*; se Boks 1). Dette oppnår man ved å bruke *long-read sekvenseringsmetoder* og i tillegg metoden *Hi-C* (se Boks 1). Ved å bioinformatisk kombinere disse to datatypene er det mulig å lage høykvalitets-genomer på kromosom-nivå, med en slik oppløsning at man kan skille på de to kromosomene i et *kromosompar* (se Boks 1).

EBP og *EBP-Nor* (se Boks 1 og nedenfor) skal generere høykvalitets *referansegenomer* (se Boks 1). Disse genomene vil bli gjort tilgjengelig for alle så snart de er kvalitetssikret, og vil da kunne brukes av forskersamfunnet til populasjonsgenetiske, komparative, evolusjonære, molekylærbiologiske, og bioteknologiske studier, og dessuten mer anvendte studier som f.eks. genomisk informert avl. Denne typen analyser er derfor ikke hovedhensikten innenfor EBP, men det skal understrekes at det er naturlig at slike nedstrøms analyser i noen grad vil bli gjort – der det er naturlig og der deltakere i prosjektet har interesse og kompetanse.

For at EBP skal nå målet om å sekvensere genomene til alle verdens arter, kreves samspill og ekspertise fra mange ulike fagfelt. Derfor er EBP-initiativet et tverrfaglig samarbeid mellom taksonomer, økologer, evolusjonsbiologer, genomforskere, molekylærbiologer, informatikere, statistikere og matematisk orienterte forskere. Ideen er at EBP skal fungere som en dynamisk, global paraplyorganisasjon for ulike taksonomisk eller geografisk mer fokuserte initiativ som mer eller mindre uavhengig av hverandre får fors-

kningsstøtte fra regionale, nasjonale og internasjonale kilder (f.eks. EU). Sett i lys av at genomikk er et fagfelt i rivende utvikling, er en viktig rolle for EBP å være leverandør av høye faglige standarder og å fungere som et nav for utveksling av informasjon og erfaringer mellom de ulike, mer fokuserte initiativene.

### EBP-Nor – en nasjonal dugnad

I 2019 etablerte vi EBP-Nor som en norsk node for det globale EBP, med et langsiktig mål om å sekvensere den norske eukaryote biodiversiteten (<https://www.ebpnor.org>). Dette var et forsker-drevet initiativ som ble formalisert gjennom en intensjonsavtale mellom de sju norske universitetene – UiO, NMBU, UiB, NTNU, Uni Nord og UiT – signert av sine respektive rektorer. I løpet av 2020 forfattet vi et white paper vedrørende et norsk Earth Biogenome initiativ (Jakobsen et al. 2020), og som ble distribuert til relevante aktører, inkludert Forskningsrådet. I den innledende prosessen for å sikre finansiering rekrutterte vi et forskningsinstitutt (SINTEF) og ikke-akademiske partnere (RevOcean og ArcticZymes) til prosjektet. I 2021 svarte EBP-Nor på en utlysning fra Norges Forskningsråd, og lyktes med å få en bevilgning på 30 millioner kroner over tre år for å påbegynne arbeidet med å sekvensere den norske eukaryote biodiversiteten.

I denne første fasen av EBP-Nor («Launch»), som nå er inne i sitt andre av totalt tre år, vil vi generere høykvalitetsgenomer for ca 150 arter. I neste fase, som er under planlegging («Ascent»), vil vi skalere opp og sekvensere 1000 – 1500 arter, og i den tredje og siste fasen («Orbit») gjør vi fullskala sekvensering av 10 000 genomer eller mer. Oppskaleringen i de neste fasene av prosjektet innebærer en tilsvarende økning i budsjett der store deler investeres av, og tjenester kjøpes fra, næringslivet. Vi estimerer at hele EBP-Nor-prosjektet ta ca ti år.



## Boks 1 – Begreper og forkortelser

**Assembly** – et engelsk ord som er innarbeidet for hva vi på norsk kan kalle en genomsammenstilling. En genomsammenstilling innebærer at man ved å lese (sekvensere) en stor mengde relativt korte DNA sekvenser – og deretter ved hjelp av bioinformatikk setter puslespillet sammen igjen – og lager en modell av genomet. På fagspråket er dette et genom-assembly.

**DToL** – Darwin Tree of Life: initiativ fra Storbritannia og Irland for å sekvensere de ca 70 000 arter på de britiske øyer. Sanger-instituttet, Univ. i Oxford, Univ. i Cambridge, Kew Royal Botanic Garden og Royal Botanic Garden Edinburgh er sentrale aktører. DToL er finansiert av det private The Wellcome Trust og offentlige midler fra Britiske forskningsråd, og ledes av professor Mark Blaxter (Sanger Inst.).

**EBP** – Earth BioGenome Project (<https://www.earthbiogenome.org/>): det globale initiativ for å sekvensere alle eukaryote arter på jorda. EBP ble initiert i 2018 av amerikanske fagmiljø og fungerer som en paraply («network of networks») for alle regionale og nasjonale initiativ og prosjekt. Det vil med andre ord si at DToL, EBP-Nor og ERGA alle opererer under EBP-paraplyen. Slogordet til EBP er: «Sequencing Life for the Future of Life». EBP ledes av professor Harris Lewin (Univ of California, Davis).

**EBP-Nor** – Det norske EBP initiativet: tar sikte på å sekvensere alle arter i Norge gjennom tre faser. Det ble startet som en «bottom-up» prosess i 2019 hvor forskere ved de største universitetene i Norge gikk sammen for å danne et norsk EBP-initiativ. Med initieell småskalafinansiering fra UiO, Forskningsrådet og Digitalt Liv Norge fikk EBP-Nor en større bevilgning for den første fasen fra Forskningsrådet fra august 2021. EBP-Nor samarbeider med ERGA («ERGA-associated European project»), våre nordiske land, DToL og har EU finansiering fra BioGenome Europe. EBP-Nor ledes av professor Kjetill S. Jakobsen (Univ. i Oslo).

**ERGA** – European Reference Genome Atlas: et pan-europeisk initiativ for å koordinere og sekvensere alle europeiske eukaryote arter. Dette er et åpent og «bottom-up» initiativ under EBP paraplyen. ERGA tok initiativet sammen med BIOSCAN Europe (Europeisk DNA strekkoding initiativ) til det europeiske prosjektet BioGenome Europe som ble finansiert av Horizon Europe i 2022.

**Genom** – en betegnelse på den samlede arvemassen i en celle fra gitt en organisme. Et genom består gener som hos eukaryoter utgjør bare noen få prosent, regulatoriske sekvenser og andre ikke-kodende sekvenser (som utgjør ofte over 90%). Genomet er organisert i kromosomer. I tillegg til kjerne-genomet har eukaryoter et mitokondrie-genom og planter/andre fotosyntetiserende organismer et kloroplast-/plastid-genom.

**GoaT** – Genomes on a Tree (<https://goat.genomehubs.org>) er en database for genomrelevante data og metadata (assembly-attributter, genomstørrelse, C-verdier, kromosomtall) for alle eukaryote taksa. GoaT fungerer som et oppdatert «tracking-system» for sekvenseringsstatus innenfor EBP-nettverket.

**Hi-C** – er en genomanalyse-teknikk som gjør det mulig å detektere kromatin-interaksjoner innad og mellom kromosomer ved hjelp av kjemisk «cross-linking» i intakt vev. Hi-C teknikker har flere anvendelser, men i denne sammenheng brukes den til å lage et langdistansekart innen hvert av kromosomene. Ved å kople Hi-C merkede lange fragmenter til hverandre ved hjelp av dagens sekvenseringsmetoder er det mulig å lage et sammenhengende kart (assembly) av kromosomet. Se *kromatin*, under.

**iBOL – International Barcode of Life** – ble i 2008 startet som et initiativ for å kartlegge hele verdens flercellede arter med såkalte DNA-strekkoding, DNA-sekvensvariasjon i korte genregioner, for enkelt å identifisere arter – og oppdage nye arter. I Norge er **Norwegian Barcode of Life (NorBol)** et nettverk og infrastruktur av forskningsinstitusjoner og forskere som arbeider med DNA strekkoding (barcoding) av biodiversitet. Infrastrukturen ledes av Vitenskapsmuseet ved NTNU.

**Kromosompar** – hos diploide eukaryoter (med kjønnnet formering) vil enhver celle ha et dobbelt sett med kromosomer – ett fra mor og ett fra far. Ved hjelp av long-read sekvensering klarer vi å løse opp slik at det lages ett genom-assembly for far-kromosomene og ett for mor-kromosomene.

**Kromatin** – DNA-et i cellene er pakket inn i proteiner. Proteinene gjør at de lange trådene av DNA pakkes forsvarlig og beskyttes i cellekjernen. Det er proteinene sammen med DNA som utgjør kromatinet. Kromatinstrukturen er avgjørende for uttrykk av gener i enhver organisme. Under celledelingen pakkes DNA-et

enda tettere og blir da synlig i lysmikroskopet som kromosomer (selv om hvert kromosom eksisterer som en fysisk enhet under hele cellesyklus)

**Long-read sekvensering** – nye metoder som gjør at man kan sekvensere mye lengre fragmenter enn før. Mens den klassiske NGS teknologien kunne sekvensere opp til 400 bp lange fragmenter så kan long-read teknologiene gi 20 000 basepar eller mer – og noen teknologier kan produsere (noen få) lesinger som er helt oppe i en million basepar. Long-read teknologiene baserer seg på å lese enkeltmolekyler av DNA, i motsetning til de tidlige NGS metodene som baserte seg på amplifisering av DNA molekylene. I EBP og EBP-Nor benytter vi oss i hovedsak av såkalt PacBio HiFi metode som gir den høyeste nøyaktighet som det er mulig å oppdrive per i dag. Long-read sekvensering stiller store krav til DNA kvalitet.

**Meta-genom** – en samling genomer eller genomsekvens fra mange organismer i en prøve fra et bestemt miljø.

**Next Generation Sequencing (NGS)** – en betegnelse på alle de nye metodene for DNA sekvensering som kom i praksis fra 2007-8. Felles for disse metodene var at de kunne generere 100.000-vis (og mer) av relativt korte (50-400 basepar) sekvenser på en gang (masiv parallell sekvensering) og i løpet av kort tid (f.eks. noen dager). NGS-teknologien har utviklet seg raskt og i dag er det milliarder av sekvenser som lages i en enkelt kjøring.

**Referansegеноm** – er betegnelse på et høykvalitetsgenom som tilfredsstiller kravene i EBP (og EBP-Nor); noe som betyr at genomsammenstillingen (assembly) er på kromosom-nivå og at det er få eller ingen hull i assembly. Referansegеноmet kan blant annet brukes i populasjonsstudier hvor et større antall individer som da er sekvensert med enklere metoder kan sammenliknes med referansen og man kan analysere hvor ulike de er. Referansegеноmer brukes også i sammenliknende studier mellom arter, og til «gene mining» etc. (i molekylærbiologiske og biotek-sammenhenger) og til genom-informert avl.

For å nå målet vårt med å sekvensere i Norge har vi etablert et landsdekkende nettverk av samarbeidende noder, fra universiteter til forskningsinstitutter. Ytterligere nye partnere er i ferd med å rekrutteres. Dette er en inkluderende prosess med eneste krav at hver enkelt lab følger standardene satt av for EBP-Nor for prøvetaking, sekvensering og assembly. Internasjonalt samarbeider vi aktivt med andre EBP-partnere, først og fremst nabolandene i Norden og Europa, spesielt i koordineringen av hvilke arter vi sekvenserer og i metodeutvikling i alle ledd fra sampling, DNA-isolasjon og til assembly. Vi legger også stor vekt på å kunne samle arktiske og antarktiske arter i samarbeid med nasjonale og internasjonale aktører i nord og sør.

### Samfunnsnytte og merverdi av EBP-Nor-initiativet

Samfunnsnyttene og merverdien av EBP-Nor-initiativet kan oppsummeres i noen brede punkter som reflekterer de tre viktigste visjonene til EBP.

#### Fordeler for samfunn og velferd.

Det ligger et utnyttet og stort potensial i avanserte analyser av høykvalitets-genomer, ved bruk av nye metoder innen bioinformatikk, statistikk, modellering og maskinlæring. Dette vil gjøre det mulig å utnytte genetiske ressurser og ta i bruk genominformasjon innen syntetisk biologi (bruke biologiske funksjoner, prosesser og enzymer som en mal for biologisk-baserte nye prosesser og produkter), og for genomisk informert forvaltning av naturressurser innen akvakultur, fiskeri, landbruk og generell naturforvaltning og bevaringsbiologi. EBP-Nor vil fasilitere utvikling av nye medikamenter, behandlingsmetoder, diagnostikk innen helsesektoren, inkludert pandemi-kontroll og vaksineutvikling; identifisering av viktig genetisk variasjon hos arter, nye (kryptiske) arter, og

bidra til forbedring av jordbruk og havbruk (bærekraftig drift, produksjon og sykdomsresistens). Høykvalitets referansegenomer, populasjonsgenomikk og forståelse av de biokjemiske og cellulære prosessene vil være nødvendig for å identifisere nye arter for fiskeri og havbruk (inkludert genom-informert avl). EBP-Nor vil føre til nye biomaterialer, nye energikilder og biokjemiske funksjoner og anvendelser og mer bærekraftig utnyttelse av naturlige ressurser og metoder for forbedring av miljøkvalitet. Aktører innen bioteknologi, medisin, farmasi, genomikk, fiskeri, akvakultur og landbruk vil være aktuelle som samarbeidspartnere, som finansieringskilder eller begge deler. I omstillingen fra oljebasert, ikke-fornybar til blågrønn økonomi er det nå et ideelt tidsvindu og anledning for selskaper innen energi, matproduksjon, råstoffer og transportsektoren til å delta i bærekraftige prosjekter.

#### Vern av biologisk mangfold.

EBP-Nor vil gjøre det mulig å utvikle bedre, vitenskapelig baserte planer for bevaring, vern og gjenenskapelse av biologisk mangfold. En økt forståelse av hvilken rolle klimaendringene spiller for biologisk mangfold, hvordan menneskelige aktiviteter og invasive arter påvirker det norske biologiske mangfoldet, vil være essensielt. EBP-Nor vil bidra til å utvikle evidensbaserte bevaringsplaner for sjeldne og truede arter og etablere genomiske ressurser for gjenoppretting av ødelagte eller utarmede økosystemer. Samarbeid med eksisterende naturvern, bevaringsbiologiske og taksonomiske initiativer, og ikke minst instituttsektoren, vil være avgjørende. Vi tror også at et initiativ som EBP-Nor vil etablere og forsterke samarbeid mellom molekylærbiologer, økologer, taksonomer og museumsmiljøene i Norge.

**Vitenskapelig verdi.** EBP-Nor bidrar til å gi innsikt i biologi generelt – både fra en evolusjonær, fysiolo-



Et eksempel på hvordan genominformasjon kan brukes er undersøkelse vi har gjort av ville populasjoner av vårskrinneblom opp mot referansegenomet for å se hvordan mutasjoner i mikrosatellitter som gir lengdevariasjon kan knyttes til økologisk tilpasning (Reinar et al. 2023. Foto: Klaus Høiland.

gisk, cellebiologisk og molekylær vinkel. Et nylig eksempel er hvordan vi benyttet referansegenom fra både skrei og kysttorsk kombinert med helgenom populasjons-genomikk data for å løse problemstillingen med kromosomale inversjoner som har gitt opphav til skrei (Matschiner et al. 2022). Et annet eksempel er hvordan vi har undersøkt ville populasjoner av vårskrinneblom (*Arabidopsis thaliana*) opp mot et referansegenom for å undersøke hvordan lengdevariasjon i mikrosatellitter som sitter inne i gener påvirker økologisk tilpasning (Reinar et al. 2023). Fra et økologisk ståsted er det en målsetting å generere kunnskap om norsk biologisk mangfold, tilpasninger og økosystemenes sammensetning og funksjoner. Norge består nesten utelukkende av arter som har innvandret siden siste istid; d.v.s. de siste 10 000 årene. Vi er i en unik posisjon til å forstå (ved komparativ-genomiske og populasjons-genomiske tilnærmin-

ger) artsdannelser som prosesser og hvordan arter reagerer på klimatiske og andre miljøendringer – spesielt i lys av de raske klimaendringene i nord. Slik kunnskap har direkte relevans for dynamikken i spredning og kontroll av fremmede arter, inkludert skadedyr, sykdommer og pandemier. Det vil være helt essensielt å ta i bruk nye metoder ettersom en rekke av forskningsfeltene er i stadig utvikling (blant annet genomikk, bioinformatikk, maskinlæring, systembiologi). EBP-Nor vil gjøre alle resultater offentlig tilgjengelige, søkbare og uten restriksjoner i databaser (sekvenser, biobank, metadata). Dette vil gi næring til framtidig forskning, innovasjon og arbeidsplasser.

### Innsamling av prøver

I Norge kjenner vi i dag til om lag 47 000 eukaryote arter, men vi antar at det finnes ytterligere 25 000 uoppdagede arter (Elven & Sølve 2021). EBP-Nor regner med å sekvensere «bare» rundt 10 000 av disse – det skyldes at de aller fleste norske artene forekommer også i andre land og vil fanges opp av andre lands EBP-initiativ. Det siste rører ved en av de aller viktigste rollene til EBP som internasjonal paraplyorganisasjon, nemlig å koordinere hvilke arter som sekvenseres av de ulike initiativene, slik at vi ikke havner i en situasjon der samme art ble sekvensert ti ganger, mens ti andre arter ikke ble sekvensert i det hele tatt. Denne

koordinasjonen skjer ved at alle deltakerne i det internasjonale EBP-prosjektet, europeiske prosjekt (slik som *European Reference Genome Atlas, ERGA*; se Boks 1; Formenti et al. 2022, Theissinger et al. 2023), nasjonale prosjekt (slik som EBP-Nor og *Darwin Tree of Life, DTOL*, i Storbritannia; se Boks 1) laster opp artene de planlegger å sekvensere i en dedikert database som oppdateres kontinuerlig – også med hensyn til hvor et genomassembly er i prosessen fra innsamling til ferdig kuratert sammenstilling (*Genomes on a Tree, GoAT*; se Boks 1).

Som nevnt stiller EBP strenge krav til kvaliteten på genomsekvensene som genereres. For eksempel er DNA isolert fra museumssamlinger generelt for fragmentert og degradert til å gi ønsket kvalitet på long-read genomsekvensering. I praksis må alt materialet vi sekvenserer samles inn på nytt, enten av oss eller av partnere som kjenner til hvordan prøvetaking skal gjøres og d.v.s. på en måte som er så skånsom som mulig for DNA-et, slik at det fragmenteres så lite som overhodet mulig. I praksis betyr dette å «flash»-fryse ned vev med flytende nitrogen eller tørris, eller i noen tilfeller 96% etanol, og så oppbevare prøvene i fryser på -80 °C fram til DNA-isolasjon.

For den første fasen av EBP-Nor satte vi opp ei tentativ liste av arter vi ønsker å sekvensere, med en noenlunde god taksonomisk spredning, og med tanke på hva som ville være mu-

lig å sample i løpet av et par feltse-songer for oss og partnerne våre. Vi har tatt inn flere *ikoniske arter*, som den norske nasjonalfuglen fossekall og nasjonalplantene røsslyng og bergfrue. Et arbeid som er påbegynt, og som må oppskaleres for de neste fasene av EBP-Nor, er å etablere taksonomiske kompetansegrupper som har takson-spesifikk ekspertise, fordi det er avgjørende for prosjektet at samplene som sekvenseres er riktig artsbestemt. En ting er sikkert, for de neste fasene vil vi trenge betydelig hjelp fra forskningsinstitusjoner på tvers av Norge og som representerer ulike taksonomisk kompetanse, og vi vil trenge hjelp til sampling fra ildsjeler og uavhengige eksperter med interesse for spesielle grupper av organismer – og som vi oppfordrer spesielt til å bidra (se Boks 2).

### DNA-et til hele økosystemer

Klimaendringene fører til tap og endring av økosystemer, og dermed trues arter som ikke har evne til å tilpasse seg, for eksempel polartorsk og arktiske arter som er avhengige av pol-isen. Vi vil derfor inkludere utrydningstruede arter, men også invaderende arter som følge av klima eller menneskelig aktivitet f.eks. akvakultur og globalisert transport.

Et neste trinn vil være å kartlegge DNA-et til hele økosystemer. Det vil være naturlig å legge inn sekvensering av utvalgte økosystemer inn i den neste fasen («Ascend»). Det kan være marine økosystem (slik som det truede økosystemet i Oslofjorden), arktisk-alpine økosystem som trues av klimaendringer (Svalbard og Barentshavet er eksempler) og landbrukspåvirkede økosystem. Her vil man da se på alt fra eukaryote mikroorganismer til planter og dyr. I tillegg vil det også gi *meta-genomer* (se Boks 1) hvor prokaryoter er representert i stor grad.

På tvers av politiske skillelinjer i Norge har det vært et klart uttalt mål at vi må utvikle en ny økonomi basert på fornybare ressurser. På

### Boks 2 – Vil du bidra til innsamling av prøver til EBP-Nor?

Vi i EBP-Nor trenger frivillige med taksonomisk kunnskap om bestemte grupper. Hvis du er interessert i å bidra til innsamling, ta kontakt med [ebpnor-sampling@ibv.uio.no](mailto:ebpnor-sampling@ibv.uio.no), Thomas Marcussen ([thomarc@ibv.uio.no](mailto:thomarc@ibv.uio.no)), Kjetill S. Jakobsen ([k.s.jakobsen@ibv.uio.no](mailto:k.s.jakobsen@ibv.uio.no)), José Cerca ([jose.cerca@gmail.com](mailto:jose.cerca@gmail.com)) eller [ebpnor-post@ibv.uio.no](mailto:ebpnor-post@ibv.uio.no).

oppdrag fra Solberg-regjeringen har vi skissert en strategi for hvordan benytte de genetiske ressursene i havet (Stenseth, Baalsrud, Jakobsen et al. 2021), og hvor EBP-Nor initiativet er sentralt. Kanskje enda viktigere, resultatene dette prosjektet vil kunne samspille med prosjekter som allerede er langt framskredne – f.eks «Arven etter Nansen»-prosjektet, som fremmer økt forståelse av økosystemer i Barentshavet og Polhavet, det nasjonale bioteknologiprojektet Digital Liv (hvor EBP-Nor er et partnerprosjekt; se video: <https://www.ebpnor.org/nyheter/ebp-nor-video.html>) – og «UNESCO Biosfære»-prosjektet i Nordhordland. Et prosjekt som er under oppseiling, og hvor UiO bidrar tungt, er det tverrvitenskapelige initiativet for Skagerrak, Kattegat, Oslofjorden (SKO) hvor vi ser for oss at EBP-Nor i de neste to fasene kan bidra betydelig.

### Hvor står EBP-Nor i dag?

I den første fasen – med støtte fra Forskningsrådet og de samarbeidende institusjonene – har vi etablert et nasjonalt konsortium som omfatter FoU-institusjoner over hele landet samt private aktører. Vi har lagt et grunnlag for samarbeid på tvers av institusjoner, gjennom felles møter, møteplasser og workshops. Den nasjonale konferansen «Norwegian Biodiversity and Genomics Conference 2023» arrangert 8-10 februar 2023 var et foreløpig høydepunkt (<https://www.ebpnor.org/konferanse/>). Så langt har vi over 50 arter som enten er sekvensert ferdig eller er underveis (d.v.s. hvor prøver er samlet inn og DNA ekstrahert). Dette inkluderer ikoniske dyrearter som reinsdyr, ærfugl, fossekall, blåstrupe, torsk, laks og niøye og plantearter som hegg, villeple, molte, røsslyng og bergfrue. I tillegg har vi en rekke kjente insekter (humler, gulløye, maur), marine invertebrater, flere torvmoser samt et betydelig antall sopp. I løpet av sommeren og høsten er planen å ha rundet 100 arter.

Vi planlegger for neste fase. I denne

«Ascent»-fasen trenger vi betydelig større finansiering. Det vil måtte komme fra både offentlige og private kilder. Et viktig element er å få flere institusjoner som konsortiedeltakere (for fase 2). Vi vil også etablere en bred referansegruppe av interessenter fra offentlige, ideelle private organisasjoner og industri. For den neste fasen vil vi også etablere et nordisk nettverk av institusjoner – samt styrke vårt internasjonale samarbeid utover Norden.

Vi ser fram til et kraftig voksende prosjekt i de kommende år med entusiasme og spenning.

### Referanser:

- Elven H, Søli G. (red.) 2021. Kunnskapsstatus for arts mangfoldet i Norge 2020. Utredning for Artsdatabanken 1/2021. Artsdatabanken, Norge.
- Formenti G, Theissinger K, Fernandes C, ..., Oomen RA, ..., European Reference Genome Atlas (ERGA) Consortium (inkl. Jakobsen KS). 2022. The era of reference genomes in conservation genomics. *Trends in Ecology & Evolution*. 37(3):197-202.
- Jakobsen KS, Johnsen A, Gørbitz CH, Sandve SR et al. 2020. Etablering av et nasjonalt Earth BioGenome initiativ (EBP-Nor). [https://www.ebpnor.org/om/ebp\\_nor\\_white\\_paper\\_norsk\\_final.pdf](https://www.ebpnor.org/om/ebp_nor_white_paper_norsk_final.pdf)
- Lewin HA, Robinson GE, et al. 2018. Earth BioGenome Project: Sequencing life for the future of life. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 115 (17): 4325-4333.
- Lewin HA, Richards S, Aiden EL, ..., Jakobsen KS, ..., Guojie Zhang. 2022. The Earth BioGenome Project 2020: Starting the clock. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 119 (4): e2115635118.
- Matschiner M, Barth JMI, Tørresen OK, Star B, Baalsrud HT, Briec MSO, Pampoulie C, Bradbury I, Jakobsen KS, Jentoft S. 2022. Origin and fate of supergenes in Atlantic cod. *Nature Ecology & Evolution* 6: 469-481.
- Reinar WB, Greulich A, Stø IM, Knutsen JB, Reitan T, Tørresen OK, Jentoft S, Butenko MA, Jakobsen KS. 2023. Adaptive evolution through length variation in short tandem repeats in *Arabidopsis*. *Science Advances* 9,eadd6960

Stenseth NC, Baalsrud HT, Jakobsen KS, Brautaset T, Goksøyr A, Hensen N, Jørgensen TØ, Raa, J, Sandve SR. 2021. Blått kompass: Havgenomet – bevaring og bærekraftig bruk av marine genetiske ressurser i Norge. Solberg-regjeringen. (<https://www.havarktis.no/rapporter/rapporter/blatt-kompass/havgenomet-bevaring-og-baerekraftig-bruk-av-marine-genetiske-ressurser-i-norge>).

Theissinger K, Fernandes C, Formenti G, Bista I, Berg PR.... Jentoft S,.. Oomen RA .. Jakobsen KS... Mazzoni CJ, Høglund J (2023) How genomics can help biodiversity conservation. *Trends in Genet* <https://doi.org/10.1016/j.tig.2023.01.005>

The International Human Genome Sequencing Consortium 2003. Presse melding: <https://www.genome.gov/11006929/2003-release-international-consortium-completes-hgp>