

Valtamerien mikrobiyhteisöjen rakennetta ja toimintaa selvitetään geenisekvensoinnin avulla

Suomen Akatemian tutkijatohtori Guilhem Sommeria-Klein kehittää matemaattisia malleja mikrobiyhteisöistä. Hänen tavoitteenaan on rakentaa tilastollinen kehikko mikrobiyhteisöjen rakenteen kuvaamiseen. Näitä malleja voidaan sitten soveltaa eri ympäristöihin, kuten merien tai ihmisen suoliston mikrobiomeihin.



Tavoitteena on ymmärtää mikrobistojen rooli ekosysteemien toiminnassa tai ihmisten terveydessä. Turun yliopistossa tehtävän tutkimuksen tuloksena syntyy avoimen lähdekoodin laskentamenetelmiä, joita myös muut tutkijat voivat hyödyntää omassa työssään.

Mikro-organismien tutkimus on tehostunut huomattavasti suuren kapasiteetin DNA-sekvensoinnin ansiosta (high-throughput DNA sequencing). Menetelmä mahdollistaa minkä tahansa ympäristöstä otetun sekvenssinäytteen perusteella mikrobiyhteisön koostumuksen selvittämisen,

oli sitten kyse maaperästä, valtameristä tai suolistosta.

”Ensin katsomme, mitä näytteistä saadaan DNA-pätkistä eli sekvensseistä voidaan löytää tietokannoista. Jos samanlaisia sekvenssiä ei löydy tietokannoissa, on vaikeaa tietää mikä se on. Esimerkiksi valtameristä löytyy paljon organismeja, joita emme tunne. Olemme siis loppujen lopuksi riippuvaisia tietokannoista.”

Sommeria-Klein kuitenkin korostaa, että kaikkia plankton-lajeja ei voida mahdollisesti sisällyttää tietokantoihin.

”Kaikkia plankton-lajeja ei voida ikinä kuvailla ja sekvensoida. Valtava monimutaisuus yksinkertaisesti tekee siitä mahdottoman tehtävän.”

Ongelma voidaan kuitenkin ohittaa. Eri mikrobiyhteisöjä voidaan luokitella laskennallisten menetelmien avulla ns. operationaalisiin taksonomisiin yksiköihin (OTU). Luokittelu perustuu DNA-sekvenssien samankaltaisuuksiin ja sitä käytetään paljon mikrobien tutkimuksessa. Samankaltaisuutta määrittää yleensä tietty mikrobeissa esiintyvä geenisekvenssi. Tämä sekvenssi on valittu



Kuva: Tara Oceans

TARA Oceans Expedition (2009–2013) keräsi 35 000 näytettä merivedestä ja planktonista. Näytteet myöhemmin sekvensoitiin ja kuvannettiin. Tutkimusmatka keräsi näytteitä 210 erilaisesta avomeren kohteesta eri syvyyksistä. Kuunari on tämän jälkeen osallistunut säännöllisesti uusiin tutkimusmatkoihin dokumentoidakseen erilaisia meren ekosysteemia ympäri maailmaa.



Kuva: Tara Oceans

perustuen sen laaja-alaiseen esiintymiseen ja stabiilisuuteen kohdennetuissa mikro-organismeissa.

”Kiehtovaa, että samanlaista dataa tulee hyvin erilaisista ekosysteemeistä DNA-sekvenssien analyysin perusteella. Organismit, varsinkin bakteerit, eivät ole välttämättä erilaisia, elivätpä ne ihmisen suolistossa tai valtamerissä.”

Ympäristöstä noukittuja ja sekvensoituja mikrobiston geenejä analysoidaan yhdessä ryppäessä samalla tavoin kuin yksittäisen lajin geenejä. Tämä lähestymistapa, metagenomiikka, on yleinen konsepti mikrobien tutkimuksessa.

”Metagenomiikan avulla voimme vertailla eri paikkojen mikrobiyhteisöistä kerättyjä näytteitä ja tutkia niiden spatiaalisia variaatioita esimerkiksi. Voimme myös selvittää, mitä tietyt geenit mikrobiyhteisöissä tekevät ja miten niiden toiminta muuttuu eri paikoissa ja olosuhteissa.”

Muutokset ekosysteemissä ja plankton-yhteisöissä

Toisin kuin maalla, merissä mikrobit tuottavan suurimman osan biomassasta. Merissä on isoja mikrobiyhteisöjä eli mikrobiomeja. Kasviplanktonit ovat olennainen osa valtamerien mikrobiyhteisöjä. Nämä organismit voivat yhdistää vettä ja hiilidioksidia käyttämällä auringonvalosta saatua energiaa muodostaakseen orgaanisia molekyylejä, joista koostuvat kaikki elävät organismit. Ne tekevät samaa kuin kasvit maalla eli yhteyttävät.

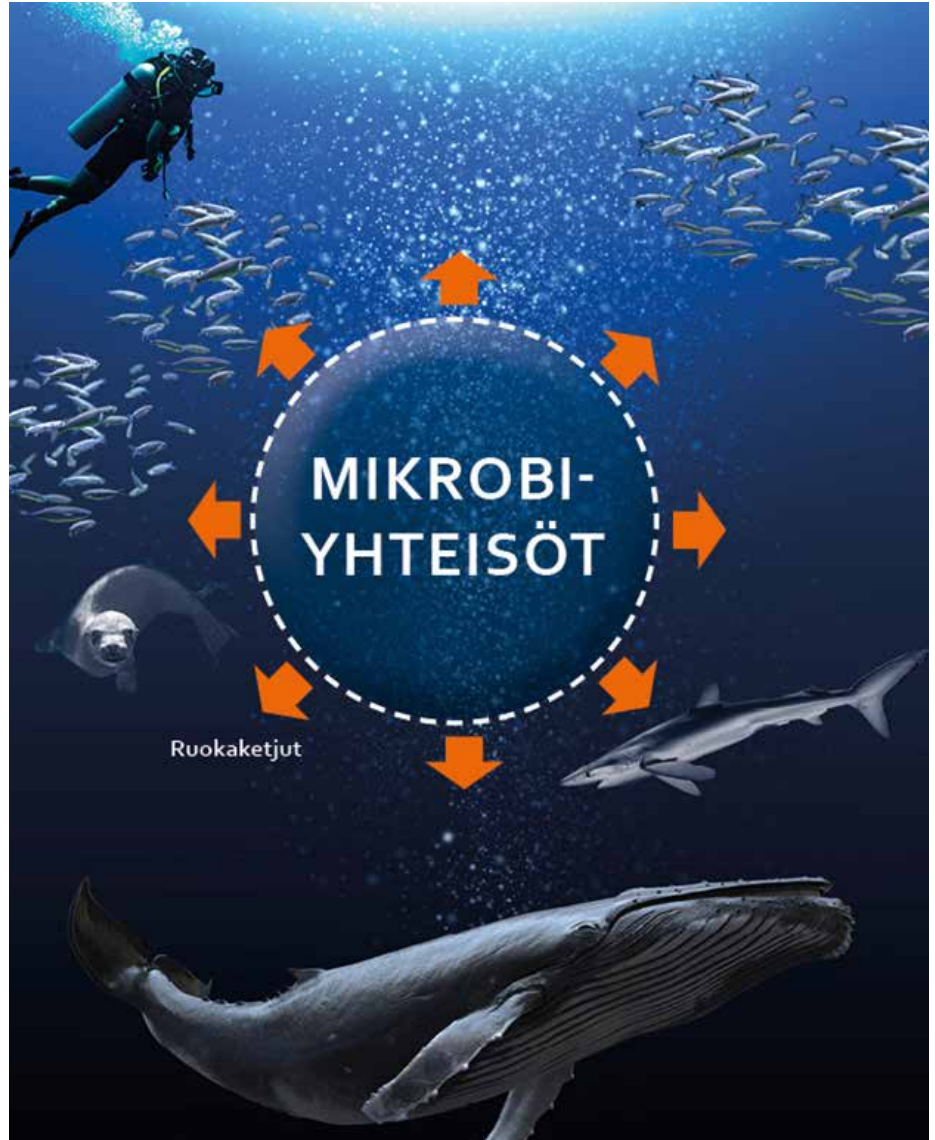
”Koska avomerellä ei ole kasveja, kasviplankton muodostaa perustan koko valtamerien ravintoketjulle”, sanoo Sommeria-Klein.

Prosessi myös vapauttaa happia: kasviplankton vastaa 50% ilmakehän hapestä. Sillä on merkittävä vaikutus meriveden happipitoisuuteen ja siten myös mahdollistaa eläinten elämisen meressä.

”Vaikka kasviplankton tarvitsee valoa, sitä on usein itse asiassa kaikkein eniten noin sadan metrin syvyydessä, jossa ravinteita kuljettava kylmempi vesi merten syvyyksistä kohtaa auringonvalon. Valtameri on kolmiulotteinen ympäristö: jos tutkii vain pintaa, menettää paljon. Biomassaa on paljon enemmän valtameren syvyyksissä, tuhansiin metriin saakka, kuin olemme aiemmin ajatelleet. Siellä on pimeää, joten yhteyttämistä ei tapahdu. Mutta koska paljon orgaanista ainetta vajoaa pohjaan, se myös ravitsee ekosysteemiä syvyyksissä.”

Guilhelm Sommeria-Klein hyödyntää valtavaa datamassaa, joka kattaa kaikki valtamerialueet eri syvyyksistä. Tara-tutkimusalue keräsi vuosina 2009–2013 DNA-aineistoa maailman meristä. 35 000 näytettä kerättiin 210 eri paikasta ympäri maailmaa. DNA-analysissä havaittiin yli 40 miljoonaa geeniä, joista enemmistö oli tieteelle uusia. DNA-näytteistä voitiin erottaa noin 250 000 erilaista molekulaarista ”planktonlajia”. Analyysi perustui metaviivakoodi-menetelmään, jolla tarkoitetaan DNA-sekvenssien analysointia tietyltä genomien alueelta, jotta saataisiin tunnistettua eri lajeja tai yksilöitä.

”Valtameri antaa itse asiassa kasviplanktonin lisäksi suojapaikan hyvin suurelle valikoimalle mikrobeja. Tämä näkemys oli hyvin aliarvostettu ennen Taran tutkimusmatkaa.



Meren mikrobiomi koostuu prokaryooteista eli tumattomista bakteereista ja arkkeliöistä sekä eukaryoottisista eli tumallisista mikrobeista. Kasviplanktoniin kuuluvat mm. sinilevät eli syanobakteerit, viherlevät, piilevät, panssarilevät, nielulevät. Plankton tuottaa 50 prosenttia hengittämästämme hapestä.

Mikrobiset eukaryootit erityisesti ovat hyvin monimuotoisia mutta kuitenkin huomattavasti tunnettuja. Tämän lisäksi planktonin maantieteellinen levinneisyys ei ole hyvin tiedossa, koska niiden elinympäristön tutkiminen on vaikeaa. Viimeaikaisessa tutkimuksessamme analysoimme eukaryoottisten plankton-ryhmien maantieteellistä levinneisyyttä eri puolilla maailmaa ja tarkastelimme tätä niiden ratkaisevien erityispiirteiden valossa.”

Sommeria-Klein on kiinnostunut, mitkä nämä mikrobiyhteisöt tekevät ja miten niiden toiminta vaihtelee eri puolilla maailman meriä.

”Planktonit liikkuvat alituisesti valtameren virtausten mukana. Virtaukset muodostavat uudelleen yhteisöjä ja vievät mukanaan organismeja erilaisiin ympäristöoloihin. Minua kiehtoo se, miten nämä yhteisöt voivat edelleen vuorovaikuttaa ja erikoistua ja kehittyä haastavissa olosuhteissa.”

Bakteerit, arkkeliöt ja aiotumaiset eli eukaryootit ovat polveutuneet samasta kantamuodosta. Nämä ryhmät ovat kuitenkin eronneet toisistaan erittäin varhaisessa vaiheessa. Bakteerit edustavat kaikkein vanhinna mikrobien muotoa, josta arkit ja eukaryootit erkanivat. Arkit ja eukaryootit erosivat toisistaan myöhemmin, ja tämä on nykyään kiinnostava tutkimuksen kohde.

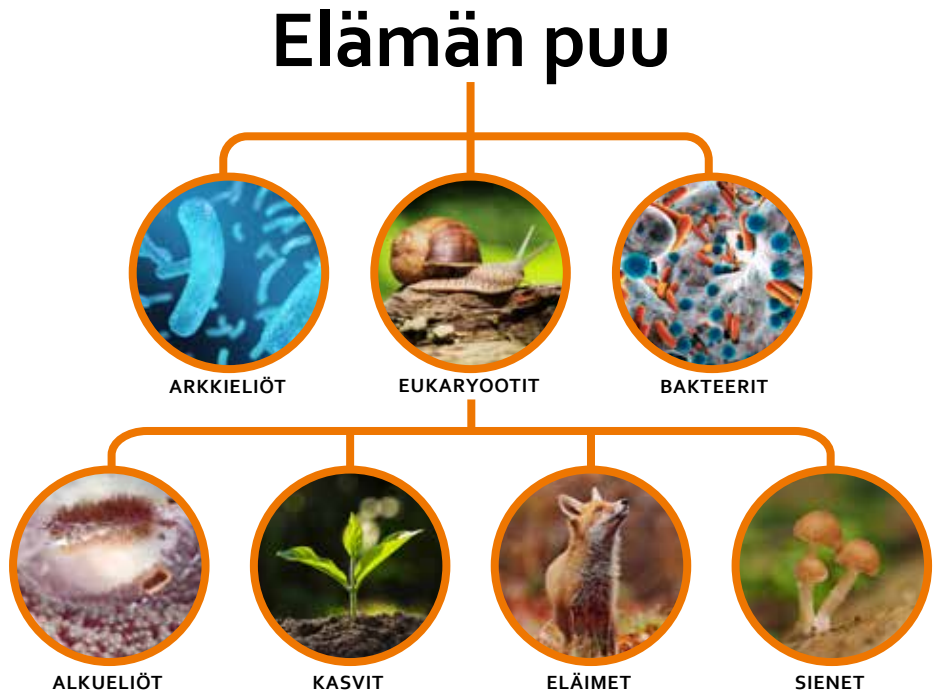
Valtamereä ovat tärkeä hiilinielu

Valtamereä ovat myös tärkeässä roolissa hiilinieluna. Plankton-yhteisöt vaikuttavat tähän suuresti sitomalla ilmakehän hiilidioksidia yhteyttämisen avulla. Hiili sitten kiertetään valtameren ravintoketjussa ja lopulta eristetään merenpohjaan kun kuolleet organismit vajoavat pohjalle.

”Ilmaston lämpeneminen muuttaa veden lämpötilaa, mutta myös merivirtoja. Nämä muutokset yhdessä voivat aiheuttaa perusteellisia seuraamuksia ekosysteemissä, kuten vaikutukset kalakannoissa ja kuinka paljon meret voivat toimia hiilinieluna.”

Guilhelm Sommeria-Klein haluaa kehittää datan analysoimiseen ja tulkintaan entistä tehokkaampia menetelmiä. Tutkimuksessaan hän ei erikoistu puhtaasti matemaatiikkaan eikä biologiaan vaan yrittää kuroa umpeen katkoksia eri tutkimusalojen välillä.

”Tämä on tieteelliseen laskentaan keskittyneen tutkimusryhmämme ydinalaa, jota Sommeria-Kleinin työ erinomaisesti tukee”, sanoo Turun yliopiston apulaisprofessori **Leo Lahti**, jonka ryhmässä kehit-



tään koneoppimismalleja mikrobiryhmien seulomiseen.

”Mikrobiologiassa on erityisen vahva tarve tällaiselle laskennalliselle perustutkimukselle. Näiden mallien avulla monimuotoinen mikrobien ekosysteemi voidaan palauttaa muutamiin yksinkertaisiin perusrakenteisiin. Merten mikrobiomin tutkimus on kiinnostavaa myös esimerkiksi Itämeren tilassa tapahtuvien muutosten seuraamiseksi. Tilastolliseen päättelyyn pohjautuvilla malleilla voidaan ottaa huomioon jo tunnettuja ennakkotietoja ja kuvata päättelyn

varmuutta tuloksissa. Tässä tarvitaan CSC:n suurteholaskentaa, koska näiden mallien sovitusta sisältää vaativaa laskentaa.”

Sommeria-Klein haluaa tutkia myös tulevaisuudessa erilaisia ekosysteemejä, jotka poikkeavat toisistaan.

”Haluamme tuoda yhdenmukaisen perspektiivin mikrobiologiaan ekosysteemistä toiseen, koska sillä on merkittäviä seurauksia niinkin erilaisiin yhteiskunnallisiin asioihin, kuten ihmisen terveys, valtamerien ruokaketju ja globaali hiilen kierto.”

Ari Turunen

LISÄTIETOJA:

Turun yliopisto
www.utu.fi

CSC – Tieteen tietotekniikan keskus Oy

on valtion omistama, opetus- ja kulttuuriministeriön hallinnoima, voittoa tavoittelematon osakeyhtiö. CSC ylläpitää ja kehittää valtion omistamaa keskitettyä tietotekniikkainfrastruktuuria.

<http://www.csc.fi>
<https://research.csc.fi/cloud-computing>

ELIXIR

rakentaa infrastruktuurin bioalan tutkimuksen tueksi. Se yhdistää 21 Euroopan maan ja Euroopan molekyylibiologian laboratorion EMBL:n johtavat organisaatiot yhteiseksi biologisen informaation infrastruktuuriksi. Sen Suomen keskus on CSC Tieteen tietotekniikan keskus Oy.

<http://www.elixir-finland.org>
<http://www.elixir-europe.org>

SUOMEN ELIXIR

Puh. +358 9 457 2821 e-mail: servicedesk@csc.fi
www.elixir-europe.org/about-us/who-we-are/nodes/finland

www.elixir-finland.org

ELIXIR PÄÄMAJA

EMBL-European Bioinformatics Institute
www.elixir-europe.org