

## Mikrobit ja ilmastonmuutos



*Geenitutkimus on paljastanut, että mikrobeja on huomattavan paljon enemmän ja niiden yhteisöt ovat monimuotoisempia kuin tiedämme. Mikrobiyhteisöjen genetiikan tutkiminen synnytti uuden biotieteen alan, metagenomiikan. Jenni Hultman tutkii, mikä merkitys arktisten alueiden mikrobistolla on ilmastonmuutoksessa.*

Mikrobit tai mikro-organismit ovat yksisoluisien tai muutamasta solusta muodostuneiden eliöiden yleisnimitys. Niitä ovat bakteerit, alkueläimet, virukset ja yksisoluiset levät. Vaikka mikrobeja esiintyy kaikkialla elinympäristössämme ja myös ääriolosuhteissa, niiden geneettistä alkuperää ja toimintaa tunnetaan edelleenkin huonosti. Suurinta osaa mikrobeista ei tunneta.

Termillä metagenomi tarkoitetaan sitä, että joukko ympäristöstä noukittuja ja sekvensoituja geenejä voidaan analysoida samalla tavoin kuin yksittäisen lajin genomia eli perimää. Metagenomiikan avulla voidaan selvittää mikrobiston muutoksia eri

sairauksien aikana ja hoidon jälkeen, löytää uusia taudinaiheuttajia ja saada tietoa niiden toiminnasta esimerkiksi lääkityksen aikana. Metagenomiikan avulla voidaan tutkia myös, miten mikrobit vaikuttavat elinympäristöömme.

### Arktinen mikrobiologia

Metagenomiikassa DNA eristetään mikrobiyhteisöstä.

Tämä on ollut suhteellisen helppoa, kun mikrobeja on tutkittu esimerkiksi suolistossa ja vesistöissä. Maaperän tutkiminen on huomattavasti haasteellisempaa

johtuen mikrobien suuresta määrästä yksittäisessä näytteessä. Yhdessä näytteessä voi olla jopa 10 000 eri lajia.

Koska eri mikrobien DNA:ta voidaan uusien tekniikoiden avulla eristää maaperästä, mikrobien tutkimus elää jatkuvaa murrosta. Koko ajan saadaan uutta tietoa eliöistä ja myös itse elämän synnystä Maapallolla. Mikrobiyhteisöt ovat kuitenkin haasteellisia tutkittavia. Mikrobien monimuotoisuus on valtava ja ne myös vaikuttavat toisiinsa tavalla, joita ei kunnolla vielä tunneta.

”Perinteisesti mikrobeja on kasvatetty petrimaljoissa. Mutta nyt kyseessä on

*“Koska DNA:n sekvensoiminen halpenee koko ajan, metagenomiikka mahdollistaa mikrobeiden tutkimuksen paljon suuremmalla skaalalla ja yksityiskohtaisemmin kuin aiemmin.”*



ELIXIR osallistuu Tara Ocean-projektiin, jossa tutkitaan valtamerien mikrobeja. Vedestä voi filteröidä helposti mikrobeja ja saada kattavan näytteen. Mutta kun kerää maaperästä näytteitä, pitää tehdä rinnakkaisia eristyksiä maaperän heterogeenisuuden vuoksi, jotta saadaan riittävä määrä kunnollisia näytteitä.

valtava määrä tutkittavaa, koska kohteena ovat mikrobiyhteisöt, joissa eri mikrobit ovat riippuvaisia muista mikrobeista tai ravinteista. Tällaisia yhteisöjä ei voida kasvattaa maljoilla. Nyt tarkoitus on sekvensoida valtaosa maaperänäytteessä olevat geenit. Vaikka saataisiin selville, mikä laji on kyseessä, tärkeää on myös tietää, mitä sen geenit tekevät. Koska mikrobiyhteisöstä sekvensoidaan jopa miljoonia genejä, tähän tarvitaan laskentatehoa”, sanoo akatemiaturkija Jenni Hultman.

Hultman on kiinnostunut erityisesti arktisten alueiden mikrobistosta. Koska mikrobit toimivat hajottajina luonnossa, niillä voi olla merkittävä rooli kasvihuonekaasujen, kuten hiilidioksidin ja metaanin muodostumisessa. Metaanin vaikutus kasvihuoneilmiöön on lyhyellä aikavälillä monikymmenkertainen hiilidioksidin verrattuna.

“Arktisten ympäristön mikrobeja ei tunneta hyvin. Ne voivat vaikuttaa siihen miten ilmasto ja olosuhteet muuttuvat. Kysymyksiä on paljon. Miten luonto sopeutuu ilmastonmuutokseen? Mitä lajit tekevät kun ilmasto muuttuu?”

Kun ikiroudan alla olevat turvesuot alkavat sulaa, syntyy erityisesti metaa-

nipäästöjä. Mutta minkälainen merkitys mikrobeilla on tässä prosessissa? Tämän Hultman haluaa selvittää.

Helsingin yliopiston Elintarvike- ja ympäristötieteiden laitoksella työskentelevä Hultman kerää tutkimusaineistoa mikrobeista eri puolilla pohjoista pallonpuoliskoa. Tutkimuksessaan Hultman analysoi maaperänäytteitä Kilpisjärvellä, Alaskassa ja Grönlannissa. Nyt hän etsii mittauspaikkaa Siperiasta, jolloin hänen keräämänsä näytteet edustaisivat hyvin koko pohjoista pallonpuoliskoa.

“20% Maapallon maapinta-alasta on ikiroudan peitossa. Ikiroudan sisällä ovat valtavat hiilivarastot. Ikiroudan sulaessa voi ilmakehään voi vapautua suurimmat hiidioksidimäärät, mitä on ikinä mitattu. Tämä prosessi on riippuvainen mikrobisesta vasteesta, mutta tällä hetkellä tiedämme vähän mikrobien aktiivisuudesta ikiroudan alla.”

### Ilmastomalleihin dataa

Hultman on kiinnostunut mikrobiyhteisöjen aktiivisuudesta ja erityisesti siitä, mitä mikrobiyhteisöjen geenit tekevät (meta-

genomiikka) ja kuinka aktiivisia yhteisöjen geenit tietyllä hetkellä ovat (metatranskriptomiikka).

Hultman eristää Kilpisjärven kenttälän maaperänäytteistä kokonais-DNA:n ja RNA:n, pilkkoo ne pienemmiksi paloiksi ja sekvensoi ne. Hän eristää DNA:n ja RNA:n 0,5 gramman näytteistä. Näytepisteiden määrä on yli sata. Alueella on mikroilmasto, jolloin Hultman voi ottaa huomioon eri tekijöitä, kuten kosteuden, pH-arvon ja lämpötilan. Näin voidaan tutkia mikrobiyhteisöjen aktiivisuuden merkitystä ilmastonmuutoksessa “mini-ilmastonmuutos”-skaalalla.

“Rinnakkaisia puolen gramman näytteitä tarvitaan paljon koska maaperän mikrobisto on monimuotoista ja koska maaperä itsessään vaihtelee paljon. Mikrobit voivat esiintyä kivessä, kuolleessa madossa, kasvin juuressa tai vain kosteammassa paikassa kuin joku toinen. Eli paljon on kaitettavaa ja eristettävää.”

Oleennaista on tietää, mitä mikrobien geenit aktiivisesti tekevät ja miten ne vaikuttavat ilmastonmuutokseen.

“Tutkin mitä maanäytteessä tapahtuu tällä hetkellä. Mitkä ovat aktiivisia geenejä?

Kiihdyttääkö osa mikrobeista ilmastonmuutosta ja osa jarruttaa? Tuottavatko mikrobit pelkästään metaania vai hyödynnävätkö ne sitä?”

Hultmanin tutkimuksen yhtenä tärkeänä tavoitteena on tuottaa metagenomiikasta saatua dataa myös ilmastomalleihin. Näin voidaan mahdollisesti parantaa ilmastomallien luotettavuutta.

### Vain prosentti saadaan kasvamaan laboratoriossa

Yhdessä grammassa maaperää voi olla jopa kymmenen miljardia erilaista mikrobia. Kun mikrobiologian tutkimus kunnolla alkoi 1970-luvun lopulla ja ympäristöstä otettuja mikrobiinäytteitä verrattiin viljeltyihin mikrobiinäytteisiin, havaittiin, että ympäristöstä saaduissa näytteissä oli jopa 99% enemmän uusia ja tuntemattomia mikrobeja kuin viljelynäytteessä.

Perinteisesti geenien sekvensointi alkaa kasvattamalla soluja petrimaljassa. Kun DNA-sekvensseriin laitetaan soluita saatua DNA:ta, sekvensseri selvittää DNA-emäsparien eli adeniinin, guaniinin, sytosiinin ja tyymiinin järjestyksen. Varhaiset metagenomiset tutkimukset paljastivat kuitenkin, että on isoja mikro-organismien ryhmiä, joita ei voi kasvatella laboratorioissa ja niitä ei voida siten sekvensoida.

Varhaiset tutkimukset keskittyivät 16S rRNA-geenin tuottamiin sekvensseihin. Kaikissa elollisissa olennoissa tavatun 16S rRNA:n tehtävänä on tuottaa ribosomeja, jossa proteiinisynteesi tapahtuu. Vuonna 1977 mikrobiologi **Carl Woese** aloitti tämän geenin sekvensoinnin tutkiessaan mikrobeja. Koska geeni on aina hieman erilainen eri mikrobeilla, Woese huomasi, että sitä voi käyttää näytteiden mikrobiston kehityshistorian tutkimisessa. Woese ja hänen kollegansa **George E. Fox** kuitenkin yllättyivät, kun monet eristetyt 16S rRNA-sekvensseistä eivät kuuluneet mihinkään tunnettuun eliölajiin. 16S rRNA-geenin avulla tehdyt löydöt mullistivat mikrobien tutkimuksen.

Woese ja Fox havaitsivat että näytteistä löytyi myös yksisoluisia, mutta tumattomia mikro-organismeja, jotka muistuttivat ulkoisesti bakteereja, mutta eivät olleet niitä. He kutsuivat tätä ryhmää arkeoneiksi. Arkeonit osallistuvat aineenvai-



Jenni Hultman pitää kädessään näytettä, joka sisältää kymmeniä tuhansia eri mikrobeja.

duntaan ja vaikuttavat entsyymien toimintaan. Aluksi arkeoneja havaittiin vain äärimmäisissä olosuhteissa, kuten kuumissa lähteissä ja suolajärvissä, mutta sittemmin niitä on löydetty esimerkiksi myös eri maalajeista, marskimailta, valtameristä ja jopa ihmisen suolistosta.

Näin eliöt voitiin jakaa kolmeen luokkaan. Eukaryootit eli monisoluiset kasvit, sienet ja eläimet kuuluvat aitotumaisiin. Bakteerit ja arkeonit taas ovat tumattomia mikrobeja, joista suurin osa maailman biodiversiteetistä koostuu.

”Koska DNA:n sekvenssoiminen halpenee koko ajan, metagenomiikka mahdollistaa mikrobeiden tutkimuksen paljon

suuremmalla skaalalla ja yksityiskohtaisemmin kuin aiemmin”, Jenni Hultman toteaa.

Salaperäisillä arkeoneilla voi olla suurempi rooli metaanin muodostumisessa kuin aiemmin on tiedetty. Osa arkeoneista hajottaa orgaanisen hiilen metaaniksi. Mutta kuinka paljon tällaisia arkeoneja on ja kuinka tehokkaita hajottajia ne ovat?

Jenni Hultmanin ja muiden tutkijoiden keräämä data mikrobiomin salaisuuksista tallennetaan julkisiin tietoresursseihin, joita ylläpitää ELIXIR, Euroopan bioinformatiikan infrastruktuuri.

**Ari Turunen**

#### LISÄTIETOJA:

##### CSC – Tieteen tietotekniikan keskus Oy

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

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>

##### Elintarvike- ja ympäristötieteiden laitos, Helsingin yliopisto

<http://www.helsinki.fi/elintarvike-ja-ymparisto/>

