

Itämeren sedimenteistä eristetyt DNA:t auttavat tutkimaan ilmastonmuutosta ja biodiversiteettiä

Geneetikko Petri Auvinen tutkimusryhmänsä kanssa selvittää DNA-näytteiden avulla, mitä Itämeren ekosysteemissä on tapahtunut 10 000 vuoden aikana.



Kairattujen näytteiden avulla voidaan tutkia vanhoja ja nykyisiä eliöitä ja niiden elinympäristöjä. Tästä on hyötyä biodiversiteetin ja ilmastonmuutoksen tutkimisessa. Näytteitä saadaan sedimenteistä, kerrostuvasta maa-aineksesta, jotka ovat siirtyneet paikalle veden, tuulen tai jäätikön vaikutuksesta. Jos sedimenttinäytteistä saadaan eristettyä DNA:ta, siitä voidaan tutkia, millaisia eliöitä alueella on elänyt.

”Tarkoitus on kerätä mahdollisimman syviä sedimenttinäytteitä Itämerestä, jolloin pystyttäisiin tutkimaan Itämeren altaan historiaa. Lisäksi otamme syviä suonäytteitä, jotka kertovat maaperän historiasta”, kertoo Auvinen.

Sedimenteistä ei kerry joka paikkaan, mutta niitä on löydettävissä Itämerestä ja soista.

”Näitä sedimenttejä ei ole tutkittu aikaisemmin näin laajalla paletilla, kuten me. Parhaimmillaan voimme päästä jääkauden aikaisiin näytteisiin, aikaan kun sedimenttejä alkoi mereen kertyä.”

Itämeren mikrobiomi

Petri Auvinen työskentelee Biotekniikan instituutin tutkimusjohtajana Helsingin yliopistossa. Hänen tutkimuksensa keskittyy genomiikkaan ja metagenomiikkaan. Kun genomiikassa tutkitaan eliön koko perimää, metagenomiikassa voidaan tutkia ja sekvensoida puolestaan samanaikaisesti lukuisia eliöitä, kuten mikrobeja, samasta näytteestä. Mikro-organismien tutkimus onkin tehostunut huomattavasti. Minkä tahansa ympäristöstä, maaperästä tai suolistosta otetun sekvenssinäytteen perusteella voi-

daan selvittää mikrobiyhteisön koostumus. Puhutaan mikrobiomista, joka viittaa tietyn elinympäristön mikrobistoon ja sen geenistön eli metagenomiin.

”Me pystymme sedimentistä sanomaan, milloin se on syntynyt. Tutkimme sedimenteistä mitä mikrobeja, muita eliöitä ja kasveja on tietyn ajanjaksona ollut.”

Auvisen tutkimusryhmässä on tutkittu jo pitkään ympäristönäytteitä, joita on kerätty maaperästä ja komposteista. Esimerkiksi komposteista on pystytty DNA-näytteiden eristämisen kautta tunnistamaan tuhansia eri bakteerilajeja.

Auvinen on tutkinut paljon mikrobien geneettistä alkuperää.

”Vuonna 2010 julkaisimme ensimmäisen Itämeren liittyvän mikrobiomi-tutkimuksen. Käytimme jo silloin rinnakkaissekvensointi-

menelemiä. Näillä menetelmillä voidaan jopa miljardeja DNA-sekvenssejä määrittää yhdestä näytteestä yhtä aikaa.”

Koska Itämeri on matala, pääsääntöisesti murtovetä sisältävä allas, se kärsii rehevöitymisestä, myrkyllisistä sinileväkukinnoista ja happivajeesta, mitkä kaikki vaikuttavat eliöyhteisöihin. Tutkimusryhmä määritteli pohjoisen Itämeren bakteeriyhteisöjen rakenteita perusteellisella sekvensoinnilla.

Aiemmin tutkittiin yhtä molekyyliä kerrallaan, mutta nyt puhutaan miljoona kertaa suuremmista sekvenssimääristä. Rinnakkaissekvensoinnilla voidaan selvittää sedimentinäytteessä olevat mikrobit.

Luonnon tarjoamat ekologiset palvelut vaarassa

Mikrobit voivat tarjota yllättävän paljon uutta tietoa ilmastonmuutoksesta ja biodiversiteetistä.

”En yllättyisi, jos sedimenteistä huomataisiin, että ympäristön muuttuessa myös mikrobit ovat muuttuneet. Kannattaa pitää mielessä, että melkein kaikki muiden organismien käyttämät aineet mikrobit ovat liuottuneet sedimenteistä. Eli jos mikrobisto muuttuu ympäristössä kovasti niin voi olla, että myös jotkut ekologiset palvelut muuttuvat erilaisiksi.”

Auvinen tarkoittaa tällä luonnon tarjoamia ”palveluita”, kuten pölyttämistä, ravinteiden muuttamisesta ihmisille sopiviksi sekä puhdasta vettä.

”Jos ympäristö muuttuu niin esimerkiksi metsät saattavat hävitä tai vahingoittua pitkäksikin aikaa jolloin näitä palveluita ei enää voi saada. Ihminen voi johonkin asti selvittää teknologian avulla mutta jossain vaiheessa eläminen voi tulla hankalaksi tai mahdottomaksi. Toisaalta voidaan ajatella, että ekologisten palveluiden muuttuessa tai vähentyessä ympäristö ei enää pysty ylläpitämään yhtä suurta ihmisten määrää.”

Auvisen ryhmässä on tutkijoita monelta eri alalta. Eri alojen asiantuntijoita tarvitaan, jotta saadaan tarkka analyysi menneisyyden ympäristöistä.

”Tässä on nimenomaan tarkoitus tutkia rekonstruktioita eli miten DNA ja RNA-tietoa voidaan yhdistää näytteiden ajoitukseen, jolloin täsmälleen tiedettäisiin milloin tapahtunut.”



Koska Itämeri on matala, pääsääntöisesti murtovetä sisältävä allas, se kärsii rehevöitymisestä, myrkyllisistä sinileväkukinnoista ja happivajeesta, mitkä kaikki vaikuttavat eliöyhteisöihin.

Auvinen mainitsee stabiilit isotoopit, joita voidaan käyttää ympäristön olosuhteiden ajalliseen rekonstruktioon. Sitten kasvitieteilijät voivat analysoida esimerkiksi siitepölyn DNA:ta, joka voidaan yhdistää isotooppi-ajotukseen, jolloin pystytään näkemään millainen ympäristö on ollut tuhansia vuosia sitten. Koska sedimenteissä on vanhaa ja uutta DNA:ta eikä vanhaa DNA:ta pystytä erottamaan uudesta, ajoitus on tärkeää.

”Jotta me tiedämme mihin ympäristö on menossa, meidän pitäisi tietää millainen se on ollut aikaisemmin. Pystymme kertomaan 10 000 vuoden ajalta, mitä ympäristössä on tapahtunut. Tätä voidaan käyttää vertailuaineistona mitä tulevaisuudessa tapahtuu.”

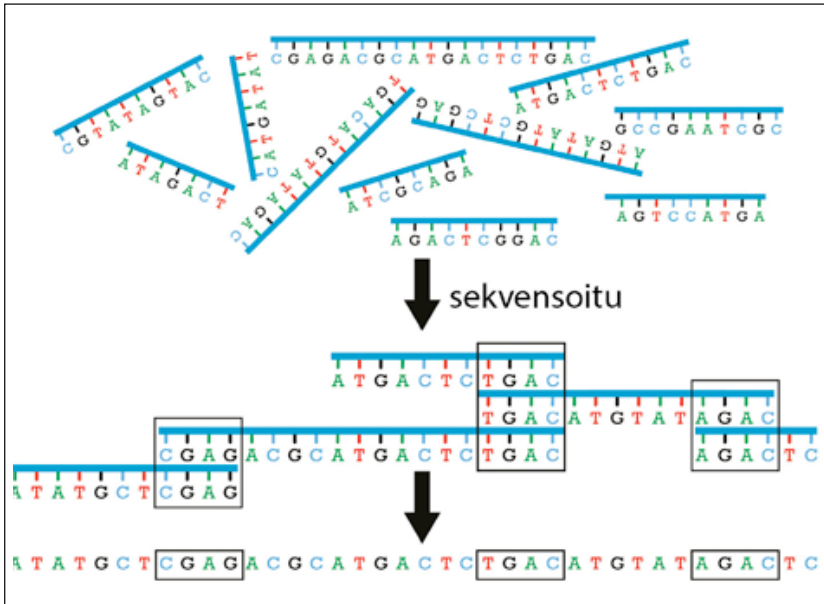
Tärkeitä tutkimisen aiheita ovat biodiversiteetin vähenemisen lisäksi kemikalisoitu-

minen. Ne eivät vaikuta pelkästään meihin vaan tuleviin sukupolviin.

”Ihmisten tuottamat kemikaalit, jotka eivät ole luonnosta peräisin, jäävät kiertämään ympäristöön. Meillä on lääkaineita ja pesuaineita, jotka eivät välttämättä häviä luonnosta enää koskaan. Me emme tiedä, miten nämä kemikaalit pitkällä aikavälillä vaikuttavat ympäristöön. Myös mikro muovin leviämisen luontoon on tätä kemikalisoitumista.”

Datan käsittely ja tallentaminen suuri tekninen haaste

Osa tutkimuksen sedimentti- ja datanäytteistä analysoidaan ja osa laitetaan säilytykseen, jotta niistä voidaan tutkia muita piirteitä myöhemmin. Mikrobiomien tutkimuksen ohella Biotekniikan instituutissa tehdään



Koko genomin kattava DNA-sekvenssi on solussa erillisinä palasina, jotka pitää liittää yhteen oikeassa järjestyksessä eli assembloida. Kuvassa alhaalla assembloitu sekvenssi.

paljon tutkimusta ihmisten sekvenssinäytteillä. Kaikki tämä vaatii valtavasti tietoteknistä kapasiteettia.

”Pelkästään meidän instituuttimme tuottaa sekvenssidataa yhdellä laitteella 8 teratavua viikossa. Se on paljon enemmän mitä se oli 10 vuotta sitten. Kun kaikki tekevät tutkimusta tällä tavoin, näen datankäsittelyssä ison haasteen.”

Esimerkiksi koko genomin kattava DNA-sekvenssi on solussa erillisinä palasina, jotka pitää liittää yhteen oikeassa järjestyksessä eli assembloida. Sitten on tehtävä annotointi, jossa etsitään sekvenssistä geenit ja niiden tehtävä.

”Kun assembloidaan genomidataa, pitää olla paljon RAM-muistia, koska kaikki sekvenssit pitää analysoida yhdessä muis-

tilissa. Tarvitsemme myös lisää levytilaa datan tallentamiseen. Meillä on paljon korkeasti koulutettuja ihmisiä jotka käyttävät päivittäin suurimman osan ajastaan datan kopioimiseen paikasta toiseen.”

Suurin pullonkaula on sensitiivisen datan säilyttäminen.

”Se säilytystila, jota käytämme on liian pieni.”

Toinen haaste on laskentaan käytettävät ohjelmistot. Osa datasta analysoidaan CSC:n ePouta-laitteistolla, mutta osa täytyy tehdä omilla laitteilla.

”Ohjelmistot voivat olla niin hankalia, että niitä ei voida CSC:n isoon systeemiin tehdä. Meillä on virtuaalikoneita, joita me käytetään, mutta niissäkin on omat rajoituksensa. Meillä on myös sellaisia ajoja, jotka voivat kestää taukoamatta kuukausia. CSC:ssä on tuhansia käyttäjiä ja CSC:n ympäristössä on ymmärrettävästi huoltokatkoja.”

Kun esimerkiksi saimaannorpan genomia tehtiin tutkimusryhmässä niin ensimmäiset isot assembloinnit kestivät tuhat tuntia.

”Nyt jo pystymme tekemään isoja genomeja sata kertaa paremmin kuin muutama vuosi sitten. Mutta dataa tulee koko ajan enemmän ja se pitää pystyä tallentamaan tehokkaasti ja siten, että data on vertailukelpoista muun datan kanssa. Datatallentamisessa, siirtämisessä ja laskemisessa jatkamme CSC:n kanssa yhteistyötä.”

Ari Turunen

LISÄTIETOJA:

Biotekniikan instituutti, Helsingin yliopisto
<https://researchportal.helsinki.fi/fi/organisations/institute-of-biotechnology>

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](mailto: 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