



Arktisten ekosysteemien pitkäaikaisdynamiikan paljastaminen uusin ja poikkitieteellisin menetelmin

Arktinen alue on ilmastoltaan maailman nopeimmin lämpeneviä seutuja. Tiedämme edelleen vain vähän siitä, miten ympäristönmuutos näkyy lajien vuorovaikutuksissa – eli siinä, mitkä lajit yhteisössä ovat läsnä, ja miten ne toimivat yhdessä. Tätä kysymystä selvitämme hankkeessamme ainutlaatuisen arktisen aikasarjan avulla.

Yhteisöjen muutosten tutkimusta on tähän saakka vaikeuttanut se, että arktisen eliöstä tunnetaan huonoiten juuri ne joita on eniten. Arktista, kuten maapallomme muitakin osia, hallitsevat pieneliöt, eli niveljalkaiset kuten hyönteiset, hämähäkkieläimet ja niiden sukulaiset. Nämä eliöt ylläpitävät arktisen ekosysteemin monia toimintoja, kuten kasvien pölytystä – ja myös kasvien syöntiä. Samalla ne tarjoavat ruoan miljoonille pohjoiseen matkaaville muuttolinnuille.

Arktisen niveljalkaisissa tapahtuvien muutosten havaitsemisessa on haasteena, ettei niitä ole juuri missään seurattu pidempiä aikoja. Koillis-Grönlannin Zackenbergin tutkimusasemalta on kuitenkin kerätty niveljalkaisnäytteitä 18 vuoden ajan. Hankkeemme tavoitteena onkin jalostaa numeromuotoon ja mallintaa tätä maailman ehkä ainoata arktisten niveljalkaisten yhtenäistä aikasarjaa.

Näin suurta aineistoa on mahdotonta määrittää lajitasolle perinteisin menetelmin. Juuri lajitason tiedoissa piilee kuitenkin systeemin ymmärrys: käsitys siitä, miten yhteisön monimuotoisuus on ajassa muuttunut, ja miten samalla muuttuvat eri eliöiden runsaussuhteet ja vuodenaikaisrytmit. Päästäksemme lajitasolle kokoelman lajintunnistuksessa, käytämme uusimpia geneettisiä menetelmiä. Kokoamme tietokannan, johon on tallennettuna kaikkien alueella esiintyvien niveljalkaislajien mitokondriogenomin DNA-sekvenssi. Sekvensoimme aikasarjan kokoelman yksilöt massanäytteinä uuden sukupolven sekvensointimenetelmillä (NGS), ja vertaamme saatuja sekvenssejä tietokannan mitokondriogenomien sekvensseihin. Menetelmää kutsutaan mito-metagenomiikaksi.

Monitieteinen tutkijaryhmämme yhdistää genetiikan ja tilastollisen mallinnuksen tuoreita menetelmiä. Yhdessä muunnamme kokoelman lajitason tiedoiksi sekä numeroiksi arktisen yhteisön rakenteesta. Tavoitteemme on käyttää näin syntyvää uutta tutkimusresurssia selvittääksemme, mitkä ominaisuudet määräävät lajien ilmastovaatimukset, ja miten yhteisörakenne muuttuu ilmaston muuttuessa. Samalla etsimme merkkejä koko yhteisörakenteen perustavanlaatuisista muutoksista. Edistääksemme ainutlaatuisen aikasarjan jatkamista ja hyödyntämistä kehitämme myös uusia, entistä tehokkaampia menetelmiä aineiston keräämiseksi ja analysoimiseksi. Näin luomme mallisysteemin arktisen muutoksen elollisten seurausten ymmärtämiseen.

Hankkeen ensimmäisen vuoden aikana suoritimme pilottinäytteenoton niveljalkaiskokoelmasta, ja eristimme DNA:ta kolmen keräysvuoden näytteistä. Lisäksi kokosimme 12 mitokondriogenomin pilottitietokannan, jonka avulla pystyimme testaamaan mito-metagenomiikan soveltuvuutta tarpeisiimme käytännössä.

Ensimmäisen vuoden lupaavien tulosten ansiosta eristimme hankkeen toisen vuoden aikana DNA:ta kuuden keräysvuoden näytteistä (1997, 1998, 1999, 2011, 2012 ja 2013, yhteensä noin 12 000 yksilöä), jotka ovat parhaillaan sekvensoitavana. Lisäksi mitokondriogenomi-tietokannan kokoaminen alueen niveljalkaislajistosta on hyvässä vauhdissa, ja yhteensä 363 lajia on parhaillaan sekvensoitavana tai valmiina mitokondriogenomin sekvensointia varten.

Lisätietoja:

Hankkeen johtaja professori Tomas Roslin, tomas.roslin@helsinki.fi,

Tutkija filosofian tohtori Tea Huotari, tea.huotari@helsinki.fi

Hankkeen verkkosivu: <http://www.helsinki.fi/foodwebs/research/arcodyn.htm>