



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 Arktiksen eliöistä 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.

Arktiksen 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 on 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 (375 lajia). 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. Tavoittemme 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 suoritetun pilottinäytteenoton lupaavien tulosten ansiosta eristimme hankkeen toisen ja kolmannen vuoden aikana DNA:ta kuudentoista keräysvuoden näytteistä (1997-2008 ja 2010-2013, yhteensä noin 23,000 yksilöä). Kahdentoista vuoden osalta näytteet on jo sekvensoitu ja neljän vuoden osalta näytteet ovat parhaillaan sekvensoitavana. Tämän jälkeen meillä on koko sekvenssiaineisto valmiina aikasarjan laajempia analyyseja varten. Mitokondriogenomi-tietokantaa varten meillä on sekvensoituna mitokondriogenomi 153 lajilta, 173 lajia on parhaillaan sekvensoitavana ja 49 lajia valmiina DNA-eristykseen.

Hankkeen kolmannen vuoden aikana olemme lisäksi tehneet alustavia analyysseja ja verranneet aikasarjan alku- ja loppupään lajistosta saatua sekvenssiaineistoa. Alustavien analyysien mukaan aineistossa on nähtävissä selkeä ekologinen trendi, jonka mukaan useiden lajien esiintyvyys alueella on siirtynyt aiempaa aikaisempaan ajankohtaan. Toisin sanoen, ilmastonmuutoksen vaikutuksesta lajien vuodenaikaisrytmi muuttuu aiempaa aikaisemmaksi.

Lisätietoja:

Professori Tomas Roslin (tomas.roslin@helsinki.fi)

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