

DENİZLERDEKİ MİKROBİYAL REAKSİYONLARIN YENİ YAKLAŞIMLAR KULLANILARAK ARAŞTIRILMASI: GENETİK, BİYOJEOKİMYA VE MODELLEME

Selin Küçükavşar, Şadi Sinan Arkın, Barış Salihoğlu, Arzu Karahan, Valeria Ibello

Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Deniz Bilimleri Enstitüsü, Erdemli-Mersin

(selin@ims.metu.edu.tr, selin.kavsar@gmail.com)

ÖZET

Deniz yüzey tabakalarından çökmeye başlayan organik maddenin bir kısmı heterotrofik bakteriler tarafından parçalanmakta ve tekrar üreticilerin kullanabileceği inorganik maddelere dönüşmektedirler. Denizlerde oynadıkları birçok önemli role rağmen denizel biyojeokimyasal döngülerde yer alan ögeler arasında en az bilinenleridirler. Bunun en başlıca sebebi çoğu denizel bakteri türünün kültür edilip laboratuvar ortamında çalışılmamasıdır. Son yıllarda geliştirilen metagenomik ve metatranskriptomik yöntemler denizel bakterilerin kültür edilmeden çalışılmalarını mümkün kılmıştır.

Yeni başlayacak olan ve 115Y629 numaralı TÜBİTAK 1001 projesi ile desteklenen çalışmanın amacı Doğu Akdeniz'in biyojeokimyasal döngülerinde önemli roller oynayan bakterilerin türlerini, topluluk yapılarını, bolluklarını, gerçekleştirdikleri biyokimyasal reaksiyonların hızlarını ve zamansal dinamikleri genetik analizler, yüksek sıklıkta yapılan biyokimyasal ölçümler ve sayısal modeller kullanarak açıklığa kavuşturacaktır.

Bu kapsamda Erdemli açıklarında bir yıl boyunca yüksek sıklıkta toplanacak deniz suyu örneklerinde metagenomik ve metatranskriptomik analizler yapılarak azot ve fosfor döngülerinde önemli roller oynayan bakteri türleri tayin edilecek, topluluk yapıları ve bolluklarını belirlenecektir ve bakteriler tarafından gerçekleştirilen reaksiyonların aktif ve inaktif oldukları dönemler saptanacaktır. Ayrıca, biyokimyasal döngüleri sayısal olarak temsil eden ve tahminleri direkt olarak genetik analizlerle karşılaştırılabilecek bir model geliştirilecektir. Geliştirilen modelde, bakteriler tarafından gerçekleştirilen reaksiyonların hızlarını kontrol eden sabit parametreler Erdemli açıklarındaki gözlem istasyonunda ölçülen fiziksel, kimyasal, biyolojik ve genetik ölçümler kullanarak belirlenecektir. Modelleme sistemi ve yerinde ölçümler birleştirilerek tahmin edilen bakteriyel reaksiyon hızları izotop izi yöntemi kullanılarak ölçülen değerlerle karşılaştırılıp önceki yeni yaklaşımın etkinliği sınanacaktır.

Anahtar Kelimeler: Akdeniz, denizel bakteriler, sürekli gözlem istasyonu, metagenomik, metatranskriptomik, sayısal deniz modelleri, biyojeokimya

INVESTIGATING MARINE MICROBIAL REACTIONS USING NOVEL APPROACHES: GENETICS, BIOGEOCHEMISTRY AND MODELING

Selin Küçükavşar, Şadi Sinan Arkin, Barış Salihoğlu, Arzu Karahan, Valeria Ibello

Middle East Technical University, Institute of Marine Sciences, Erdemli-Mersin

(selin@ims.metu.edu.tr, selin.kavsar@gmail.com)

ABSTRACT

Part of the organic matter sinking from the surface water decomposed by heterotrophic bacteria, and produced inorganic nutrients by decomposition is re-used by primary producers. Despite the many important roles they play, bacteria are one of the least known components of the marine biogeochemical cycles. The main reason for this is the fact that most marine bacteria cannot be cultured successfully in the laboratory. Recently developed methods of metagenomics and metatranscriptomics allow a detailed study of bacterial communities without the need to culture them.

The goal of the study, which is newly started and is supported by the TÜBİTAK 1001 project numbered as 115Y629, is to determine the temporal dynamics of the species composition, the community structure, the abundances and to elucidate active/inactive metabolism of the bacteria that play significant roles in the cycling nitrogen and phosphorus in the Mediterranean as well as determining the rates of the reactions that the bacteria perform using a combination of genetic analyses, high-frequency biochemical measurements and numerical models in the Mediterranean.

Metagenomics and metatranscriptomics analysis will be performed on samples taken from a regular monitoring station near Erdemli to determine the species composition, the community structure and the abundances of the bacteria and to elucidate the periods in which the bacterial metabolisms are active. Furthermore, a model whose output can directly be compared to the results of the genetic analysis will be developed and the rates of the reactions performed by the bacteria will be obtained from the model by estimating the fixed parameters in the model that control these reaction rates using the physical, chemical, biological and genetic measurements performed at the station. Finally, the bacterial reaction rates determined by a combination of the numerical modeling system and the measurements at the station will be validated using isotope tracer experiments.

Keywords: Mediterranean, marine bacteria, regular monitoring station, metagenomics, metatranscriptomics, numerical ocean models, biogeochemistry