

# DENİZLERDEKİ MİKROBİYAL DÖNGÜLERİN GENETİK YAKLAŞIMLAR KULLANILARAK ARAŞTIRILMASI

Selin KÜÇÜKAVŞAR, Şadi Sinan ARKIN, Arzu KARAHAN, Barış SALİHOĞLU,

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

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

## ÖZET

Günümüzde standart mikrobiyolojik yöntemlerin organizmaların çevreleri ile olan ilişkilerini ortaya koymada yetersiz kaldığı bilinen bir gerçektir. Doğada bulunan mikroorganizmaların %99'unun henüz kültürünün yapılmadığı/yapılamadığı gerçeği göz önünde bulundurulduğunda, standart yöntemler temel alınarak yapılan biyojeokimyasal döngü, biyoteknoloji yada temel araştırmaların bizlere çok kısıtlı bilgi verdiği aşikardır. Yeni Nesil Dizileme (YND) teknolojisi ve beraberinde getirdiği 'omik' (metagenomik, metatranskriptomik, metaproteomik) teknolojisi mikrobiyoloji çalışmalarında yeni bir sayfa açarak bilim insanlarının kültür tekniklerine bağlı kalmadan mikrobiyal genetik çeşitlik hakkında detaylı bilgi sahibi olmasına olanak sağlamaktadır.

Çevresel örneklerden (deniz suyu, toprak, tatlı su vb.) izole edilen genetik materyalin (DNA, RNA) doğrudan YND platformları kullanılarak dizilenmesine dayanan yaklaşım metagenomik (genomik DNA) ve metatranskriptomik (mRNA) olarak tanımlanmaktadır. Denizel biyojeokimyasal döngülerde önemli roller oynayan bakteri türleri, türlerin komünite yapıları, bollukları ve aktif metabolik proteinleri hakkında bilgi sağlayan omik yaklaşımlar, mevcut model çalışmalarında çok az yer bulan bakteri çalışmalarına oldukça önemli bir yaklaşım sunmaktadır. Klasik modelleme çalışmalarında jeokimya ya tek bir organizmanın metabolik yollarıyla açıklanmaya çalışılmakta, yada organizmalar sorumlu oldukları fonksiyonlara göre gruplandırılarak modele yerleştirilmektedirler. Ancak bu yaklaşımlar komüniteyi oluşturan organizmaların genetik yetilerini göz önünde bulundurmamakta ve çoğu zaman jeokimyasal veriler ile yakalanamayacak olan önemli reaksiyonların göz ardı edilmesine neden olmaktadır. Omik teknolojisinin mümkün kıldığı gen temelli model yaklaşımında organizmalar fonksiyonel genlerine göre gruplandırılmaktadırlar. Fonksiyonel gen bolluklarının değişken olarak kullanıldığı bu yaklaşım omik datası ile biyojeokimyasal modellerin birleştirilmesine olanak sağlamaktadır. Kuzeydoğu Akdeniz (Türkiye)'de 200m derinliğe sahip olan Erdemli Zaman Serisi istasyonunda aylık 6 farklı farklı derinlikten alınan su örnekleri ile metagenomik çalışma ve sezonluk olarak 4 farklı derinlikten su örneği alınarak yapılan metatranskriptomik çalışma halen devam etmektedir.

Orta Doğu Teknik Üniversitesi-Deniz Bilimleri Enstitüsü bünyesinde yapılan çalışmanın amacı Doğu Akdeniz'in biyojeokimyasal döngülerinde önemli roller oynayan bakterilerin türlerini, topluluk yapılarını, bolluklarını omik yaklaşımlarla belirlemektir. Ayrıca, gerçekleştirdikleri biyokimyasal reaksiyonların hızları ve zamansal dinamiklerini genetik analizler, yüksek sıklıkta yapılan biyokimyasal ölçümler ve sayısal modeller kullanarak açığa çıkarmaktır. Çalışma 115Y629 kod nolu TÜBİTAK 1001 projesi bünyesinde desteklenmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Akdeniz, denizel bakteriler, metagenom, metatranskriptom, sayısal deniz modelleri, biyojeokimya

# ***EXPLORING MARINE MICROBIAL CYCLES USING GENE CENTRIC APPROACHES***

***Selin KÜÇÜKAVŞAR, Şadi Sinan ARKIN, Arzu KARAHAN, Barış SALİHOĞLU***

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

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

## ***ABSTRACT***

*It is now accepted that the application of standard microbiological methods has had limited success in providing access to the true extent of interactions of the organisms with their environment. Taking into account that up to 99% of the microbes present in many environments are not readily culturable, biogeochemical cycle, biotechnology or basic research done by standard methods provide biased and limited information. Omic technology developed together with Next Generation Sequencing (NGS) tries to overcome this bottleneck by developing and using culture-independent approaches and thus providing data related to the microbial genetic diversity.*

*Metagenome (genomic DNA) and Metatranscriptome (mRNA) analyses are usually referred as the isolation of genetic material (DNA, RNA environmental) from environmental sample (marine environment, soil, fresh water etc.) then direct sequencing using NGS platforms. Omic approaches presents new tools to study biogeochemical models by providing information about the species composition, the community structure, the abundances and to active metabolism of the bacteria that are one of the least known components of the marine biogeochemical cycles. Geochemistry in the present modelling studies were tried to be explained either by coupling metabolic networks of specific organism or by modeling functional groups of organisms, whereby each group represented by a particular metabolism. Thus in most cases result in ignoring important reactions that lack obvious geochemical signatures when only chemical data considered. In the gene centric model approaches allowed, organisms are grouped according to their functional genes. Approach that uses functional gene abundance as a state variable allows for the integration of environmental genomics data and biogeochemical models. Study continues while sampling monthly 6 different depths to conduct metagenomics study and seasonal sampling for metatranscriptomics study.*

*The goal of the study, which is performed in the METU- Institute of Marine Sciences and 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. Determining the rates of the reactions that the bacteria perform using a combination of genetic analyses, biochemical measurements and numerical models in the Mediterranean is another aim of the ongoing project.*

***Keywords:*** Mediterranean, marine bacteria, metagenomics, metatranscriptomics, numerical models, biogeochemistry