

Laboratoriopalvelut, perinnöllisyystiede seurantojen apuna

Tiina Laamanen
Suomen ympäristökeskus
tiina.laamanen@ymparisto.fi
p. 0295 251 795



Sekvensointimenetelmien kehittyminen on avannut täysin uusia mahdollisuuksia muun muassa ympäristömikrobien tutkimiseen.

Uusien sekvensointimenetelmien avulla uutta tietoa voidaan tuottaa nopeasti, laadukkaasti ja kustannustehokkaasti

- Yhteistyö Oulun yliopiston molekyylibiologian laboratorion kanssa
- Sekvensointimenetelmiä voidaan jatkossa hyödyntää useiden eri eliöryhmien tutkimisessa
 - Bakteerit
 - Sienet
 - Piilevät
 - Pohjaeläimet

Tulevaisuudessa DNA:n sekvensointimenetelmien avulla tuotettua tietoa voidaan hyödyntää pintavesien ekologisen tilan arvioinnissa ja seurannassa.

Bakteerien DNA:n sekvensointi

- Näyte otetaan kivien pinnoilta sienellä harjaten (10 kiveä/ paikka)
- Pakastetut näytteet pakastekylmäkuivataan
- DNA eristetään näytteestä kaupallisella kitillä (esim. MoBion PowerSoil)
- DNA monistetaan PCR:ssä (polymerase chain reaction)
 - ➔ Lämpövaihteluita kestävän polymeerasientsyymien avulla DNA:sta monistetaan hetkessä suuri määrä kopioita
- Näyte puhdistetaan ja PCR:n onnistuminen tarkistetaan MultiNAlilla (Microchip Electrophoresis System for DNA/RNA) tai agarosigeelielektroforeesilla
- Näyte sekvensoidaan Ion Torrent:illa
 - Perustuu DNA:n polymerisaation aikana vapautuvien vetyionien havaitsemiseen
- Sekvenssiaineistoa analysoidaan QIIMEllä (Quantitative Insights Into Microbial Ecology)
- Sekvenssit klusteroidaan OTUiksi (operational taxonomic units) 97 % samankaltaisuusasteella
- Etsitään vastaavuus BLAST tietokannasta

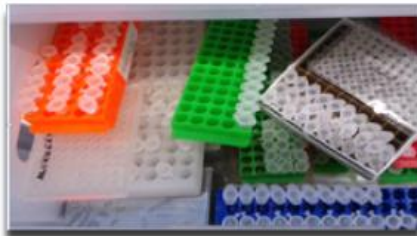


Figure 1. Ion Torrent chip. The grey spherical plates at the outer corners of the outer substrate are 1.4 million wells that sense and record the sequencing reaction.