

במרחבי המיקרוביום של האוקיינוסים

האתגר הנוכחי של חקר המיקרוביום הימי, כלומר מכלול המיקרואורגניזמים החיים בים, הוא לאסוף נתונים בקנה מידה עולמי על מגוון המיקרואורגניזמים המרכיבים אותו, מבנה החברות שלהם והמערכות האקולוגיות שהם חלק מהן. כדי להתמודד עם האתגר, חוקרים שטים במשך חודשים בספינות מחקר ברחבי העולם, אוספים דגימות מֵי ים ואחר כך מפענחים את רצפי ה-DNA שבדגימות

מעובד על פי המאמר[1]:

Shinichi et al. 2015. "Structure and function of the global ocean microbiome". Science 22 (May 2015): Vol. 348 No. 6237 DOI: 10.1126/science.1261359.

עיבוד: גילת בריל

מיקרואורגניזמים נפוצים בכל סביבה ימית, ויש להם תפקיד מרכזי בתהליכים ביוגיאוכימיים, כמו מְחזור הפחמן ומחזור החנקן. ההערכה היא שבכל מיליליטר של מי ים יש בין 10^4 ל-10^8 תאים, ולכן הביומאסה של המיקרואורגניזמים באוקיינוסים היא אדירה. נתוני הביומאסה המשוערים, יחד עם סביבות החיים המורכבות בים, מצביעים על מגוון מינים עצום. מינים אלה והחברות שהם יוצרים מושפעים משינויים סביבתיים, כמו הבדלי טמפרטורה בשל שינויי אקלים (Doney et al., 2012), תהליכים כימיים הקשורים לפחמן, תכולת נוטריינטים וחמצן במים ושינויים בשכבות המים ובזרמים שבאוקיינוס.

השיפור המשמעותי שחל בשיטות של מטאג'נומיקס (ראו מסגרת בעמוד 22), שבהן מפענחים בבת אחת רצפי DNA של אורגניזמים רבים, והיכולת לארגן את המידע העצום המתקבל מהן בתוכנות מחשב מורכבות המותאמות לכך - מאפשרים כיום לנתח את ההרכב הטקסונומי והגנומי של המיקרוביום הימי (Fuhrman, 2009). לשם כך מתארגנות משלחות מחקר ימיות האוספות דגימות ממי האוקיינוסים ברחבי העולם ומביאות אותן למעבדות המתמחות בשיטת המטאג'נומיקס ומנתחות את רצפי ה-DNA של האורגניזמים שבדגימות הללו.

אחת ממשלחות המחקר הללו הייתה The Sorcerer II Global Ocean Sampling (GOS), שאספה דוגמאות מֵי ים מהשכבה העליונה של האוקיינוס (איור 1), מצפון מערב האוקיינוס האטלנטי עד למזרח האוקיינוס השקט הטרופי (Rusch et al., 2007). החוקרים שהשתתפו בסקר הימי של GOS יצרו מהדגימות מאגר מידע מטגנומי שהיה זמין לחוקרים בעולם, וכך סייעו למחקר המיקרואורגניזמים בשכבה העליונה של מי האוקיינוס. לדוגמה, כמה מחקרים מצאו במאגר הנתונים גנים המקודדים לחלבונים הקשורים לתפקוד מסוים, שהתבטאו בדגימות בתנאי סביבה ייחודיים. הגנים שנמצאו הפכו לסמנים המאפשרים, לדוגמה, להבדיל בין אוכלוסיות של מיקרואורגניזמים שנלקחו סמוך לחוף לבין אוכלוסיות שנלקחו במרחבי האוקיינוס (Barberán, 2012). עם זאת, המידע שהתקבל מ-GOS הראה שעדיין רוב המיקרוביום של הים נותר ללא פענוח, ושיש צורך בדגימות נוספות משכבות עומק אחרות, מסביבות חיים אחרות ומאזורים נרחבים יותר על פני כדור הארץ.

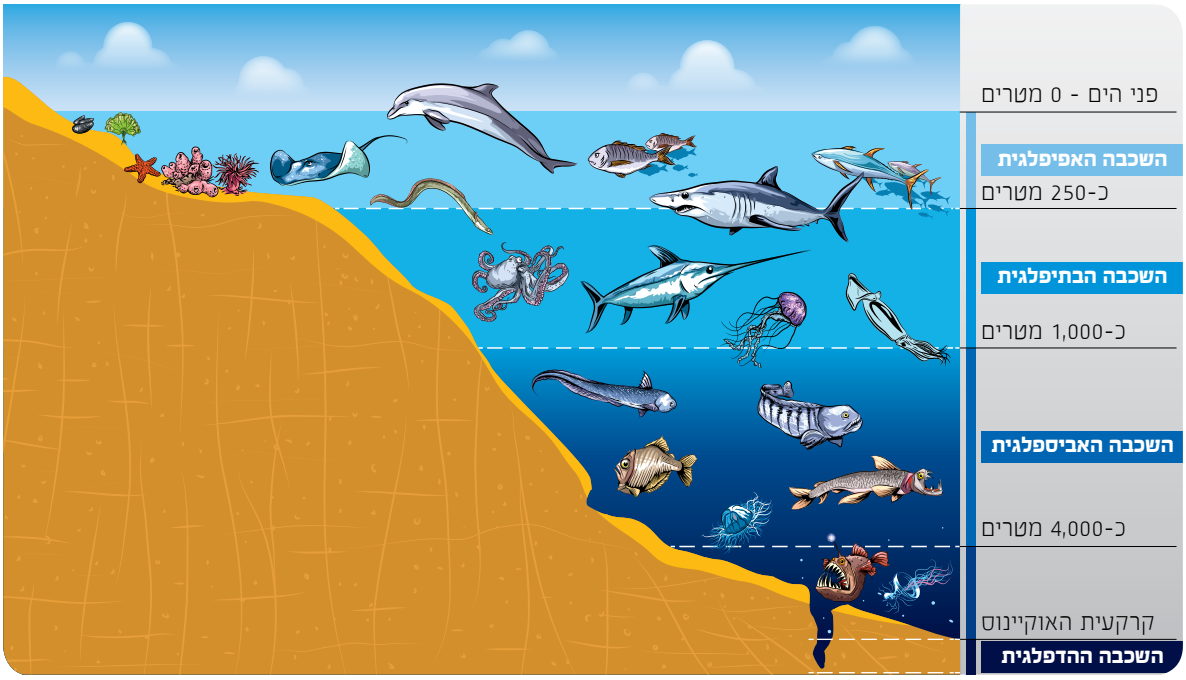
לשם כך הוקמה משלחת מחקר נוספת, בשם Tara Oceans, שאספה כ-35,000 דגימות משכבות עומק שונות של האוקיינוס ברחבי כדור הארץ. מאמר זה מציג את הניתוח הראשוני בשיטת מטאג'נומיקס שבוצע לנתונים מ-243 דגימות מהאוקיינוס שנאספו ב-68 אתרים המייצגים את כל האזורים העיקריים של האוקיינוסים (איור 2), למעט האזור הארקטי.

לצורך ניתוח ראשוני של הדגימות התרכזו החוקרים ב-139 דגימות שהיו עשירות במיוחד בפרוקריוטים. מדובר ב-63 דגימות מהשכבות העליונות של האוקיינוס (כחמישה מטרים), 46 דגימות משכבות תת-עליונות (כשבעים מטרים, עד העומק שבו עדיין אפשר למצוא אורגניזמים בעלי כלורופיל), ו-30 דגימות משכבות עומק (כשש מאות מטרים).

השוואה למאגרי מידע קיימים

תחילה, בעזרת תוכנת מחשב מתאימה, רוכזו רצפים דומים מבין רצפי ה-DNA שהתקבלו מהדגימות. כמו כן, על פי רצפי DNA

[1] הגרסה המובאת כאן היא סקירה של תוכני המאמר המקורי, שנועדה להנגיש את המידע לציבור המורים לביולוגיה ולמדעי הסביבה. העיבוד כלל הוספת הסברים ואיורים לתכנים מורכבים, סינון מידע שאינו נקשר לרעיון המרכזי של הגרסה המעובדת, הגדרת מונחים מקצועיים, ובמידת האפשר קישור הדברים לתהליכי למידה והוראה. המעוניינים לקרוא את המאמר המקורי מוזמנים לפנות למקור המובא בתחילת הגרסה המעובדת.



איור 1: שכבות באוקיינוס: מקובל לחלק את האוקיינוסים לשכבות עומק בעלות מאפיינים פיזיים וביולוגיים ייחודיים. רוב המחקרים דוגמים מהשכבה העליונה המוארת (השכבה האפיפלגית), המגיעה עד לעומק של 200 מטרים, ומהשכבה המזופלגית (המכונה במאמר זה שכבת העומק), המגיעה עד לעומק של 1000 מטרים.

מוכרים (סמנים) של גנים ושל קבוצות פילוגנטיות, אותרו רצפים העשויים להיות גנים (Sunagawa et al., 2013). בדרך זו הועלו 111.5 מיליון רצפים העשויים להיות גנים המקודדים לחלבונים.

לאחר מכן הושוו הרצפים הללו למאגרי מידע גנומיים קיימים, ובהם, בין היתר, מאגר המידע שנאסף בפרויקט ה-GOS, מאגרי מידע קיימים של גנומים מפרוקריוטים ומאגרי מידע של גנומים של וירוסים. בדרך זו נוצר קטלוג גנים חדש המכיל למעלה מ-40 מיליון גנים ימיים.

פילוח טקסונומי של קטלוג הגנים החדש הראה שרוב הגנים משתייכים לחיידקים (איור 3). כ-3% מהגנים היו גנים אאוקריוטים שנדגמו באתרים השונים של המשלחת בשל פרוטיסטה או תוצרי פירוק של אורגניזמים אאוקריוטים רב-תאיים שהועלו אף הם בדגימות מן הים. קרוב ל-28% מהגנים אי אפשר היה לשייך לקבוצות טקסונומיות מסוימות.

רוב הגנים שנמצאו בדגימות של Tara Oceans (81%) לא היו מוכרים קודם לכן, דבר שהעיד על המידע העצום הטמון במיקרוביום של האוקיינוסים וטרם נחקר. גנים חדשים רבים התקבלו בדגימות מהאוקיינוס הדרומי (צפונית לאנטארקטיקה) ומשכבות עומק, שבהן עוצמת האור נמוכה במיוחד.

כמות הגנים החדשים שנמצאה הלכה ועלתה במעבר מדגימות משכבות עליונות לדגימות משכבות תת-עליונות. לעומת זאת, כמות הגנים החדשים נשארה קבועה (כ-50% גנים חדשים) בדגימות מאזורים שונים באוקיינוס. יוצאות מן הכלל היו הדגימות מהאוקיינוס הדרומי (מצפון לאנטארקטיקה), שבהן 80% מהגנים היו חדשים, והדגימות משכבות העומק, שבהן 90% מהגנים היו חדשים. סביר להניח שהגנים שנמצאו בדגימות אלה היו חדשים משום שאזורים אלה לא נחקרו בעבר, ושלפחות חלקם הם גנים של יצורים נדירים שנאספו בדגימות העומק.

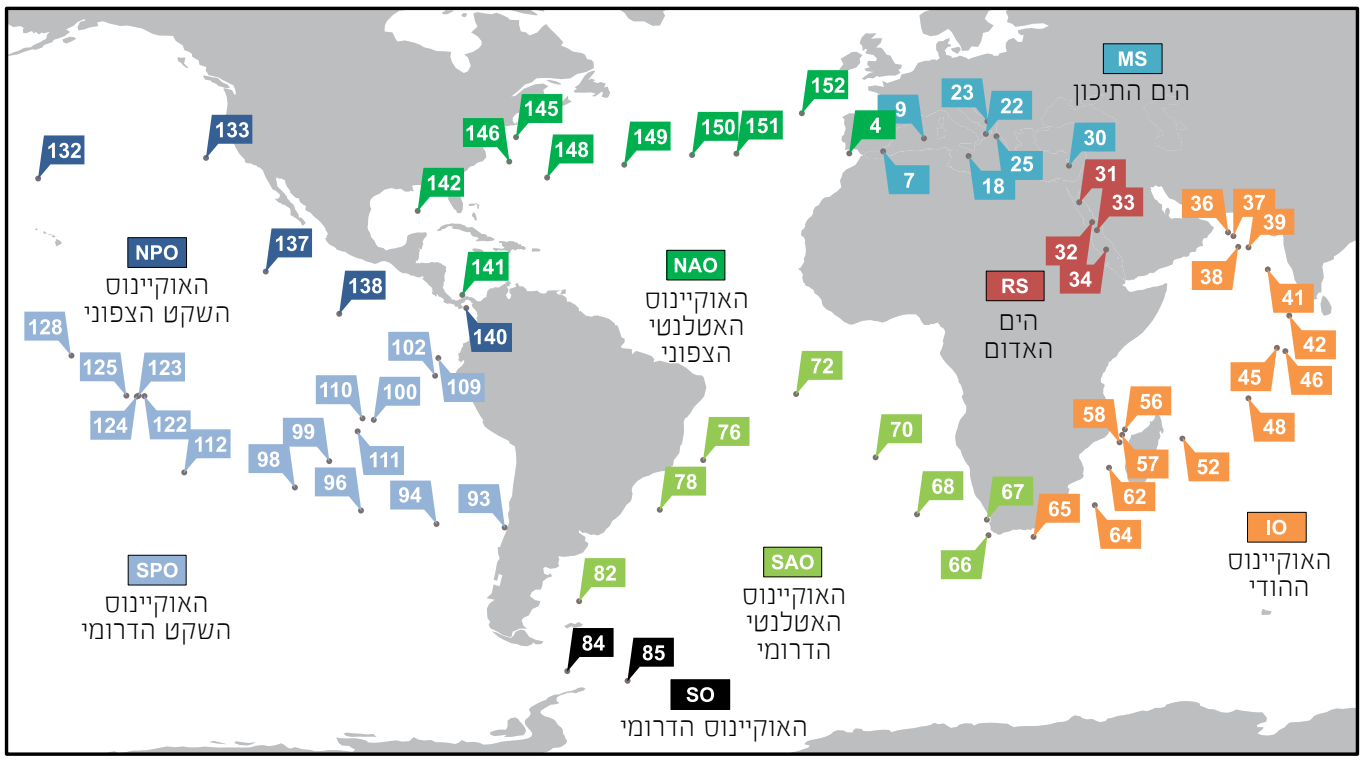
מגוון גנטי ושכבות האוקיינוס

סמנים שונים, ובהם רצפי 16S, שימשו לקביעת מגוון האורגניזמים, מגוון הקבוצות הטקסונומיות והקרבה הפילוגנטית של הרצפים שהתקבלו מהדגימות. לאחר מכן נבדקה הקורלציה בין רצפים של קבוצות טקסונומיות שונות ואורגניזמים שונים לדגימות משכבות האוקיינוס השונות. התוצאות הראו שככל שמתקדמים לעומק האוקיינוס, קיים עושר טקסונומי ועושר תפקודי (קידוד לחלבונים ייחודיים המשמשים למבנים ולתהליכים ביוכימיים ייחודיים) גדול יותר. לעומת זאת, מספר התאים ליחידת נפח וקצב גידול האוכלוסייה הולכים ויורדים עם העומק.

העלייה שנמצאה בעושר המינים ובתפקודים שונים בשכבות עמוקות יותר עשויה להיות תוצאה של התאמה לנישות ייחודיות הנמצאות בעומקים, כמו סביבות זעירות שנמצאים בהן חלקיקים של חומרים אורגניים שהתפרקו או הופרשו מאורגניזמים בשכבות העליונות יותר (Stocker, 2012). כמו כן, קצב גידול אטי הוא כנראה תוצאה של מקורות פחמן מוגבלים יותר בשכבות העמוקות (Pernthaler, 2005).

גורמים סביבתיים המשפיעים על הרכב החברות

אחת השאלות המרכזיות באקולוגיה ימית היא כיצד תהליכים מנוגדים - כמו תפוצה מוגבלת לעומת תפוצה עולמית, וסלקציה על ידי גורמים סביבתיים לעומת אקראיות - משפיעים על הביוגיאוגרפיה של מיקרואורגניזמים כפי שהיא היום. דוגמה שעדיין אין עליה תשובה חד-משמעית היא הקשר בין



איור 2: אתרי איסוף הדגימות של משלחת Tara Oceans ברחבי העולם

מגוון ביולוגי לבין המיקום על פי קווי הרוחב של כדור הארץ (Sul, 2012). התוצאות של Tara Oceans מראות (איור 4) שככל שמתרחקים מהקטבים לאזורים המצויים בקווי רוחב אמצעיים (בין קו המשווה לקטבים), עולה מגוון המינים, והמגוון הולך ויורד ככל שמתקרבים לקו המשווה, ללא תלות בעונות השנה. תוצאות דומות דווחו בעבר לגבי אאוקריוטים ימיים (Tittensor et al., 2010).

מגוון המינים מול הטמפרטורות שנמדדו באתרי הדגימות מראה עלייה התחלתית עד 150°C ולאחריה ירידה לכיוון מים חמימים יותר. המגוון עשיר ביותר דווקא בקווי רוחב אמצעיים (בין קו המשווה לקטבים), וככל שמתקרבים לקו המשווה דווקא חלה ירידה. סרגל הצבעים מראה את הקשר לקווי הרוחב העולמיים. דגימה בצורת עיגול נלקחה בחצי הכדור הצפוני; דגימה בצורת ריבוע נלקחה בחצי הכדור הדרומי.

כדי להוסיף ולבחון את המנגנונים הקשורים לקביעת מגוון המינים באזורים שונים באוקיינוס נבדק אם דגימות מהשכבה העליונה של האוקיינוס דומות זו לזו בתוך אזור מסוים באוקיינוס יותר מאשר דגימות משכבה זו מאזורים שונים. אם תפוצה ביוגיאוגרפית מושפעת יותר מגורמים סביבתיים היוצרים סלקציה על המיקרואורגניזמים, ופחות ממגבלות תפוצה, יש לצפות לקורלציה בין נתונים סביבתיים לדמיון בין הדגימות. במקרה זה יימצא דמיון מסוים בין דגימות מאזורי תפוצה שונים שתנאי הסביבה בהם דומים.

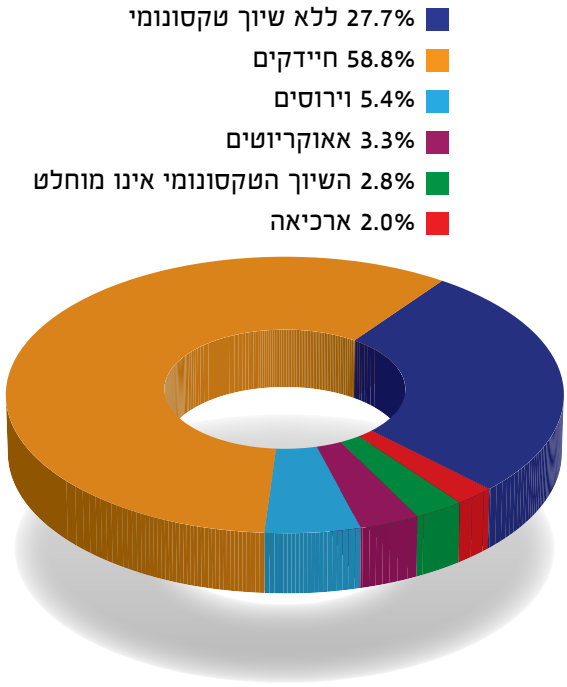
בדיקת הקורלציה בין ההרכב הטקסונומי בדגימות מהשכבה העליונה לאזורים שונים באוקיינוס לא הראתה הבדל ברור בין האזורים השונים, אם כי בין דגימות מאותו אזור באוקיינוס התקבל בממוצע דמיון רב יותר. לעומת זאת, נמצאה קורלציה גבוהה במיוחד בין טמפרטורה למגוון המינים בדגימות (איור 5).

התוצאות מצביעות על כך שלמרחק גיאוגרפי יש תפקיד משני בחשיבותו, ואילו טמפרטורה היא גורם סביבתי מרכזי המשפיע על הרכב טקסונומי ותפקודי בחברת המיקרואורגניזמים בשכבות העליונות המוארות של האוקיינוסים. מכאן שפוטנציאל התפוצה בעולם ובעקבותיו סלקציה בשל תנאי הסביבה יכולים להסביר את המנגנון האחראי לדגם הביוגיאוגרפי, לפחות לגבי קבוצות טקסונומיות נפוצות. בד בבד, התאמה ייחודית באמצעות ברירה טבעית גורמת להבדלים בין אוכלוסיות רחוקות של אורגניזמים בעלי קִרבה פילוגנטית. לכן בעתיד יהיה מעניין לבדוק וריאציות גנטיות באוכלוסיות של אותו מין או של מינים קרובים מאוד, הנמצאות באזורים מרוחקים זה מזה.

משלחות מחקר ימיות אוספות דגימות ממי האוקיינוסים ברחבי העולם ומביאות אותן למעבדות המתמחות בשיטת המטג'נומיקס

אנליזה של תפקודי ליבה וגנים ייחודיים במערכות אקולוגיות שונות

כאמור, התרכזו החוקרים ב-139 דגימות שהיו עשירות במיוחד בפרוקריוטים. כדי לאפיין את המשותף לכל חברות המיקרואורגניזמים הימיים ניסו החוקרים למצוא קבוצות של גנים הנמצאות בכל 139 הדגימות. ההנחה הייתה שקבוצות גנים המשותפות לכולם קשורות לתפקודי ליבה בכל חברות המיקרואורגניזמים בים, ולכן מאפיינות אותם. באמצעות אנליזה



איור 3: פילוח טקסונומי של הרצפים

ממוחשבת של רצפי הגנים שהתקבלו מהדגימות נמצאו 5755 קבוצות גנים המשותפות לכל הדגימות, שכנראה מקודדים לתפקודי ליבה.

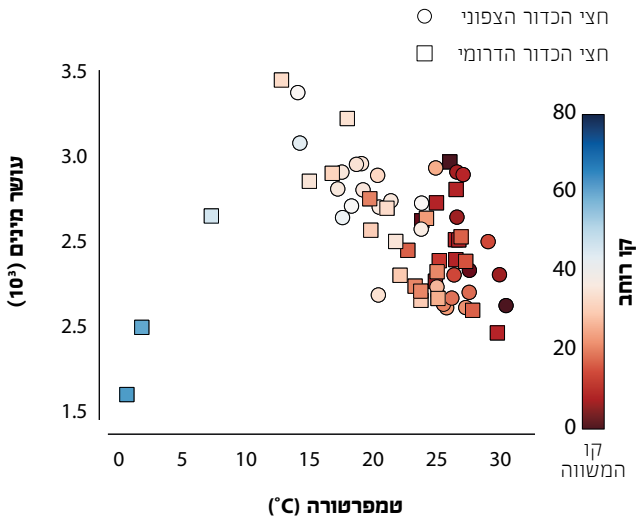
על מנת לבדוק אילו גנים של תפקודי ליבה משותפים למערכות אקולוגיות של מיקרואורגניזמים ימיים ולמערכות אקולוגיות אחרות של מיקרואורגניזמים - הושוו הנתונים מדגימות מי הים לנתונים ממאגר מידע שנעשה במחקר על חיידקי המעי באדם. המערכת האקולוגית של המעי שונה מאוד מהמערכת הימית: היא תלויה במאחסן, נשלטת על ידי הטרוטרופים ודלה בחמצן. קבוצות הליבה בשתי המערכות האקולוגיות, הים והמעי, הושוו כדי למצוא חפיפה בין קבוצות של גנים וכדי לנסות לקבוע את חשיבותן של הקבוצות החופפות בכל מערכת.

מתוך 5755 קבוצות הליבה שנמצאו, 40% מקודדות לתפקודים בלתי ידועים עד כה, לעומת רק 9% קבוצות ליבה המקודדות לתפקודים לא ידועים בחיידקי המעי. מספר קבוצות הליבה באוקיינוס היה גדול פי שניים ממספר קבוצות הליבה במעי, כנראה משום שקיימת מורכבות גדולה יותר של נישות בים לעומת הסביבה דלת החמצן ואחידת הטמפרטורה של המעי, ומשום שנלקחה כמות רבה יותר של דגימות במחקר בים לעומת המחקר על המעי. 73% מהגנים הפרוקריוטים באוקיינוס ו-63% מהגנים הפרוקריוטים במעי היו קשורים לפעילות ליבה דומה (איור 6). כלומר, נמצא דמיון רב בקבוצות הגנים של הליבה, למרות ההבדלים המשמעותיים בין התכונות של שתי המערכות האקולוגיות.

יחד עם הדמיון בשכיחות של קבוצות ליבה מסוימות, נמצאו הבדלים משמעותיים בשכיחות של קבוצות ליבה אחרות האופייניות לכל מערכת: קבוצות של גנים הקשורים למנגנוני הגנה, להעברת אותות (signal transduction) , להעברת פחמימות ולמטבוליזם היו שכיחות יותר במעי; לעומת זאת קבוצות של גנים הקשורים למנגנוני העברה אחרים (קו-אנזימים, ליפידים, נוקליאוטידים, חומצות אמיניות, מטבוליטים משניים) ולייצור אנרגיה (כולל פוטוסינתזה) היו שכיחות יותר בים.

במחקר על המיקרוביום של המעי דווח כי השכיחות של גנים המקודדים למסלולים מטבוליים (אחת מקבוצות הגנים של תפקודי ליבה במעי) מפוזרת באופן שווה בכל הדגימות. זאת אף על פי שהמגוון הטקסונומי היה שונה מאוד בין דגימות מאנשים שונים (Human Microbiome Project; Consortium, 2012). לכן ביקשו חוקרי המיקרוביום הימי לבדוק מגוון טקסונומי מול מגוון תפקודי גם בדגימות מהאוקיינוס. אכן, בדומה לממצאים במעי, נמצא שבקבוצות טקסונומיות שונות קיימת שכיחות דומה של גנים המקודדים לקטגוריות מסוימות של תפקודים. מציאת שכיחות דומה של גנים תפקודיים בין קבוצות טקסונומיות שונות בשתי מערכות אקולוגיות שונות מאוד (ים ומעי) עשויה להצביע על תכונות המאפיינות חברות של מיקרואורגניזמים שאינן תלויות במערכת האקולוגית.

בשלב הבא בדקו החוקרים את קבוצות הגנים שאינן חלק מהליבה. קבוצות גנים אלו הראו שכיחות מגוונת מאוד בין דגימות, ובקורלציה חיובית למגוון הטקסונומי. כלומר, ככל שהמגוון הטקסונומי בדגימה היה רב יותר, כך גם שכיחותם של גנים ייחודיים הייתה גבוהה יותר. נתון זה מעיד, כנראה, על קשר בין גנים אלה ובין התאמות ייחודיות לסביבה. דוגמה אחת שנמצאה להתאמה כזאת היא עלייה במטבוליזם של ליפידים באזורים דלים בחמצן באוקיינוס השקט המזרחי ובצפון הים ההודי.



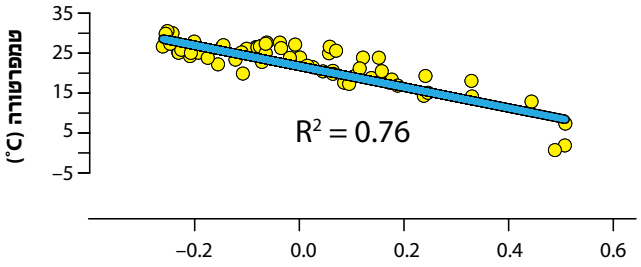
איור 4: מגוון המינים של חברות מיקרואורגניזמים מול טמפרטורת המים בעת הדגימה

קבוצות גנים המשותפות לכל הדגימות קשורות לתפקודי ליבה בכל חברות המיקרואורגניזמים בים, ולכן מאפיינות אותם

מגוון תפקודים בעומקים ואזורים שונים באוקיינוס

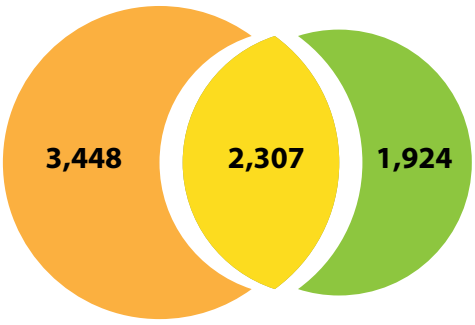
כדי להבין את הבסיס האקולוגי להבדלים בין חברות מיקרואורגניזמים בשכבות העליונות של האוקיינוס ובין חברות מיקרואורגניזמים בשכבות העמוקות יותר של האוקיינוס - ניסו החוקרים למצוא קבוצות ליבה של גנים מדגימות עומק ולהשוותן לקבוצות ליבה משכבות עליונות יותר. באופן מפתיע נמצא שקבוצות הליבה של שכבות העומק הכילו כמעט לחלוטין את קבוצות הליבה של השכבות העליונות.

כאשר הושוו הגנים הייחודיים, שאינם ליבה, נמצאה העשרה בקבוצות גנים הקשורים לנשימה אירובית דווקא בשכבות העומק. ממצא זה מתאים למחקרים אחרים שמצאו עלייה בשיעור הנשימה בשכבות העמוקות יותר באוקיינוס, ושבשכבות אלה חל מְחזור מינרלים משמעותי (Arístegui, 2009). הדגימות משכבות העומק היו מועשרות גם בקבוצות גנים נוספות, כמו גנים הקשורים לכמוטקסיס ולשוטונים, כלומר גנים הקשורים לתנועה של מיקרואורגניזמים. ייתכן שמעבר לבריחה מטורפים (Matz, 2005), יכולת תנועה חשובה בשכבות ללא אור כדי להגיע לחלקיקים ולתלכידים (אגרגטים) שוקעים ולאכלסם. נתוני



איור 5: קורלציה בין מידת השונות לבין טמפרטורה באתר הדגימות

האנליזה הטקסונומית של הדגימות, ומציאת גנים הקשורים לפוטוסינתזה בשכבות העומק, מובילים למסקנה שחלה שקיעה של מיקרואורגניזמים מהשכבות העליונות המוארות לשכבות העומק באוקיינוס. המעבר בין תלכידים כדי לנצל מצבורי נוטריינטים ולאכלס נישות חדשות יכול לעודד הופעה של מגוון התאמות ייחודיות בקרב אוכלוסיות מיקרואורגניזמים בשכבות העומק. בעתיד, השימוש בנתוני הדגימות של פרויקט Tara Oceans לגבי תעתיקי RNA יכול להבדיל בין מיקרואורגניזמים מתים ששקעו משכבות עליונות לבין מיקרואורגניזמים החיים בשכבות העומק.



איור 6: קבוצות ליבה של גנים באוקיינוס בהשוואה לקבוצות ליבה של גנים במעי

סיכום

הנתונים מפרויקט Tara Oceans יצרו מקור לספקטרום בקנה מידה עולמי של מיקרואורגניזמים החיים בים. נוסף על כך, המידע הגנטי מהדגימות שנאספו שימש להכנת מאגר רצפים גנטיים המסודר באופן המאפשר אנליזה ממוחשבת למטרות ייחודיות: במאמר זה נערכה אנליזה לדגימות עשירות בפרוקריוטים, ומחקרים אחרים ביצעו אנליזות במטרה לחקור אקולוגיה של וירוסים (Brum, 2015), אינטראקציות בין מינים מממלכות שונות (Lima, 2015), וקשרים בין אוכלוסיות של פלנקטון לאורך זרמים באוקיינוס (Villar, 2015). אמנם למאגר המידע יש מגבלות מסוימות, כמו טווח האורגניזמים לדגימה, אולם הגישה שנקטו החוקרים ביחס לארגון המידע יצרה מאגר נתונים בעל טווח רחב של מערכות אקולוגיות, שיוכל לשמש ליצירת מודלים לניבוי מצבים שונים של המערכות האקולוגיות באוקיינוס. הממצא שטמפרטורה היא גורם עיקרי המשפיע על היווצרות מגוון חברות המיקרואורגניזמים בים, והגילוי שיש קבוצות גנים רבות מאוד המשותפות למיקרואורגניזמים מקבוצות טקסונומיות שונות מאוד בקנה מידה עולמי, משליכים על ההשפעות הטמונות בשינויי אקלים. נתוני Tara Oceans מאפשרים הבנה כוללת של האוקיינוס כמערכת אקולוגית, אך גם הבנה של חברות מיקרואורגניזמים באופן כללי, באמצעות השוואה בין מערכות אקולוגיות שונות. אחת הדרכים לדלות מידע מתערובת כזאת של רצפי DNA מבוססת על אזור המקודד לתת-היחידה 16S של ה-RNA הריבוזומלי. הרצף המקודד ליחידה זו שונה מעט בין מיקרואורגניזמים ממינים שונים ולכן מהווה מעין תעודת זהות גנטית למין או לסוג. על פי רצפי 16S השונים שהתקבלו מהדגימה אפשר לדעת כמה סוגים או מינים של מיקרואורגניזמים יש בה אף בלי לדעת את זהותם הטקסונומית.

ככל שמתרחקים מהקטבים לאזורים המצויים בקווי רוחב אמצעיים עולה מגוון המינים, והמגוון הולך ויורד ככל שמתקרבים לקו המשווה



מקורות

Arístegui, J. Gasol, J. M. Duarte, C. M. Herndl, G. J. (2009). “Microbial oceanography of the dark ocean’s pelagic realm”. Limnol. Oceanogr. 54, 1501–1529.

Barberán, A. Fernández-Guerra, A. B. Bohannan, J. M. Casamayor, E. O. (2012). “Exploration of community traits as ecological markers in microbial metagenomes”. Mol. Ecol. 21, 1909–1917.

Brum, J. R. et al. (2015). “Patterns and ecological drivers of ocean viral communities”. Science 348, 1261498.

Doney, S. C. et al. (2012). “Climate Change Impacts on Marine Ecosystems”. Annu. Rev. Mar. Sci. 4, 11–37.

Fuhrman, J. A. (2009). “Microbial community structure and its functional implications”. Nature 459, 193–199.

Human Microbiome Project Consortium. (2012). Nature 486, 207–214.

Lima-Mendez, G. et al. (2015). “Determinants of community structure in the global plankton interactome”. Science 348, 1262073.

Matz, C. & Jürgens, K. (2005). “High motility reduces grazing mortality of planktonic bacteria”. Appl. Environ. Microbiol. 71, 921–929.

Pernthaler, J. (2005). “Predation on prokaryotes in the water column and its ecological implications”. Nat. Rev. Microbiol. 3, 537–546.

Rusch, D. B. et al. (2007). “The Sorcerer II Global Ocean Sampling expedition: Northwest Atlantic through eastern tropical Pacific”. PLOS Biol. 5, e77.

Stocker, R. (2012). “Marine microbes see a sea of gradients”. Science 338, 628–633.

Sul, W. J. Oliver, T. A. Ducklow, H. W. Amaral-Zettler, L. A. Sogin, M. L. (2013). “Marine bacteria exhibit a bipolar distribution”. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 110, 2342–2347.

Sunagawa, S. et al. (2013). “Metagenomic species profiling using universal phylogenetic marker genes”. Nat. Methods 10, 1196–1199.

Tittensor, D. P. et al. (2010). “Global patterns and predictors of marine biodiversity across taxa”. Nature 466, 1098–1101.

Villar, E. et al. (2015). “Environmental characteristics of Agulhas rings affect interocean plankton transport”. Science 348, 1261447.

מטג’נומיקס

קיים קושי גדול לגדל במעבדה מיקרואורגניזמים שנאספו מסביבתם הטבעית. לכל אורגניזם יש תנאים אופטימליים אחרים לגידול, והחיפוש אחר תנאים אלה מצריך זמן, ולעתים מבוסס רק על ניסוי וטעייה. היתרון הגדול של מטג’נומיקס הוא שאין תלות בגידול המיקרואורגניזמים במעבדה.

בשלב הראשון נלקחת דגימה של מֵי ים ובה תערובת של מיקרואורגניזמים. מהתערובת כולה מופק בבת אחת DNA. בשלב הבא מפענחים את רצף הנוקליאוטידים של כל ה-DNA שהתקבל מהתערובת. בסיום הפיענוח מתקבלים נתונים של אלפים ואף מיליונים של רצפי נוקליאוטידים שמקורם בכל האורגניזמים שהיו בדגימה.

האתגר הגדול בשיטה זו הוא ליצור סדר בכל אותם רצפים, בדומה להרכבת חלקי תצרף מקופסאות שונות המעורבבים זה עם זה. לשם כך רצפי הנוקליאוטידים הרבים שהתקבלו מוזנים למחשב, ובעזרת מדענים מתחום מדעי המחשב מנסים למצוא דרכים לארגן את הרצפים ולהשוותם לרצפים שהתקבלו מדגימות בתנאים שונים, במקומות שונים וכדומה (תחום זה מכונה ביואינפורמטיקה).

