

ATV Jord og grundvand
9. marts 2021

Microflora Danica

Kortlægning af Danmarks
mikroorganismer – over og under
jordoverfladen



Vibeke Rudkjøbing Jørgensen

CENTER FOR MICROBIAL COMMUNITIES



AALBORG UNIVERSITY
DENMARK

MICRO
FLORA
DANICA



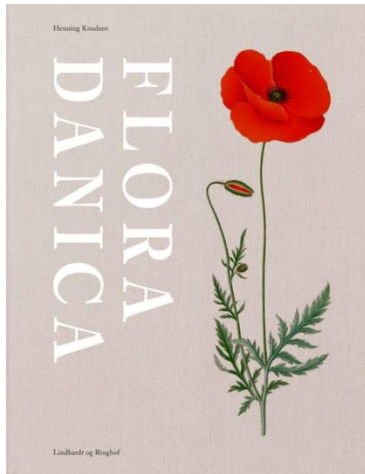
The Microbiome of Denmark

AALBORG UNIVERSITET

POUL DUE JENSEN / GRUNDFOS
FOUNDATION

Flora Danica: Porcelæn fra Royal Copenhagen

- og en omfattende bogserie over Danmarks flora



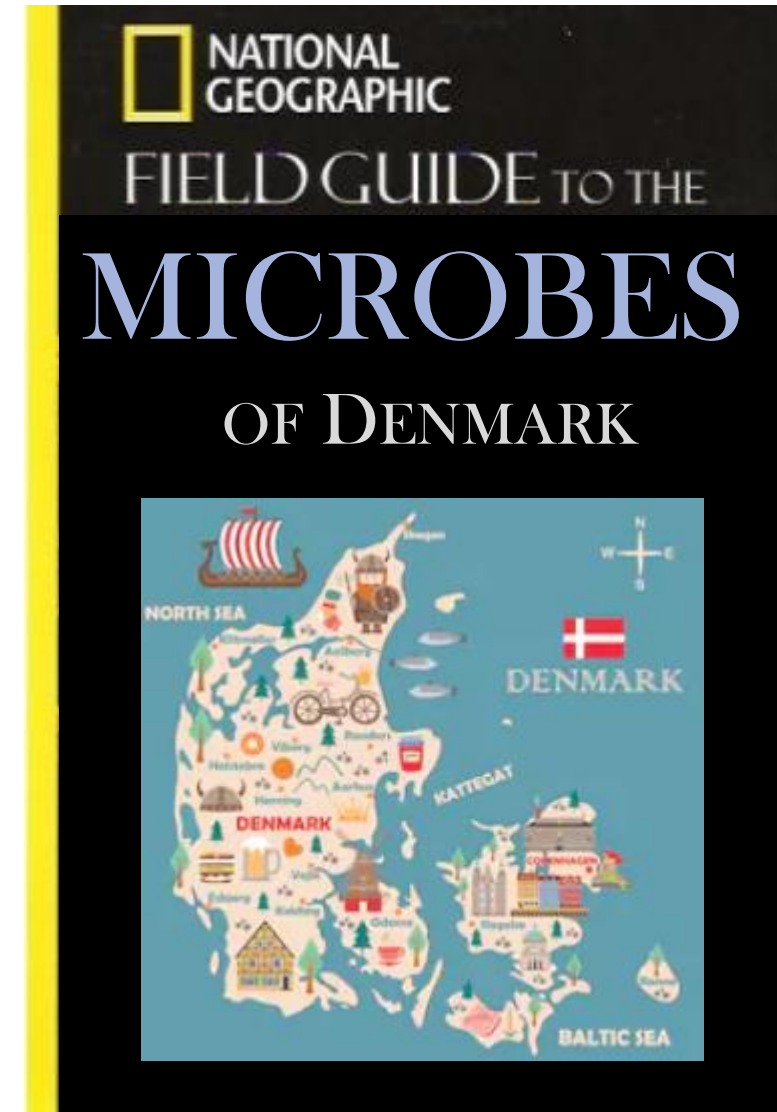
Produceret mellem 1761 og 1883

Microflora Danica

The Microbiome of Denmark

- PDJ Fonden ≈ 30 million DKK løber i perioden 2019-2023
- PI: Mads Albertsen & co-PI: Per Halkjær Nielsen
- Vi vil lave **referencedatabasen** over alle mikroorganismer i Danmark. **Det kan kun gøres én gang!**
- Alle områder i Danmark tilstræbes analyseret, ialt ≈ 10.000 prøver
- Sammensætning af arter (**biodiversitet**) i både naturlige og menneskabte habitater, geografisk fordeling
- En paraply over talrige interne og eksterne samarbejder
- Samarbejde med “Earth Microbiome Project”
- En fremragende platform for uddannelse af studerende

POUL DUE JENSEN GRUNDFOS
FOUNDATION





Identifikation af mikroorganismer og betydning af en god referencedatabase



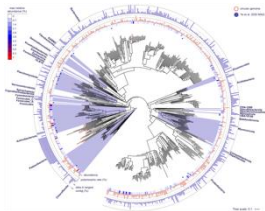
Microflora Danica:

Organisering af prøvetagning

Muligheder for at deltage i projektet

Data output

Foreløbige resultater, eksempler



Hvor mange bakterie arter findes der i verden?



Dyrkede og karakteriserede: ≈ 10.000 arter



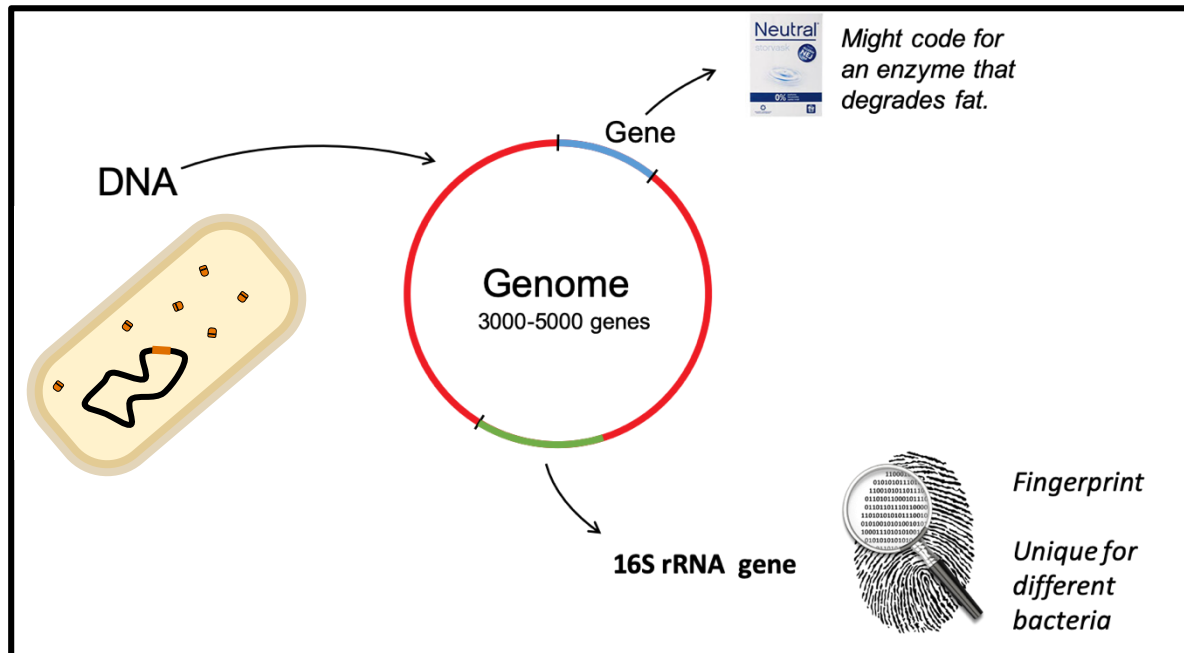
Langt de fleste arter kan ikke dyrkes og isoleres med kendte metoder

Kendt via deres DNA: ≈ 250.000 arter

Estimer: tusinde til milliarder

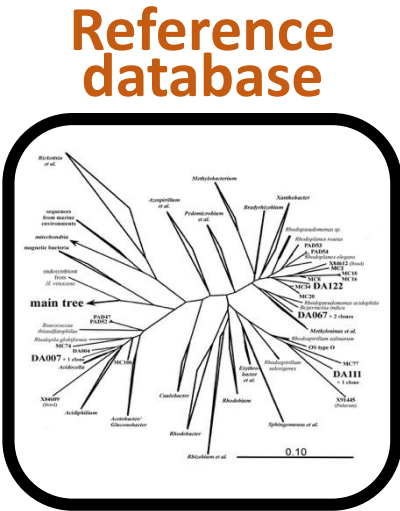
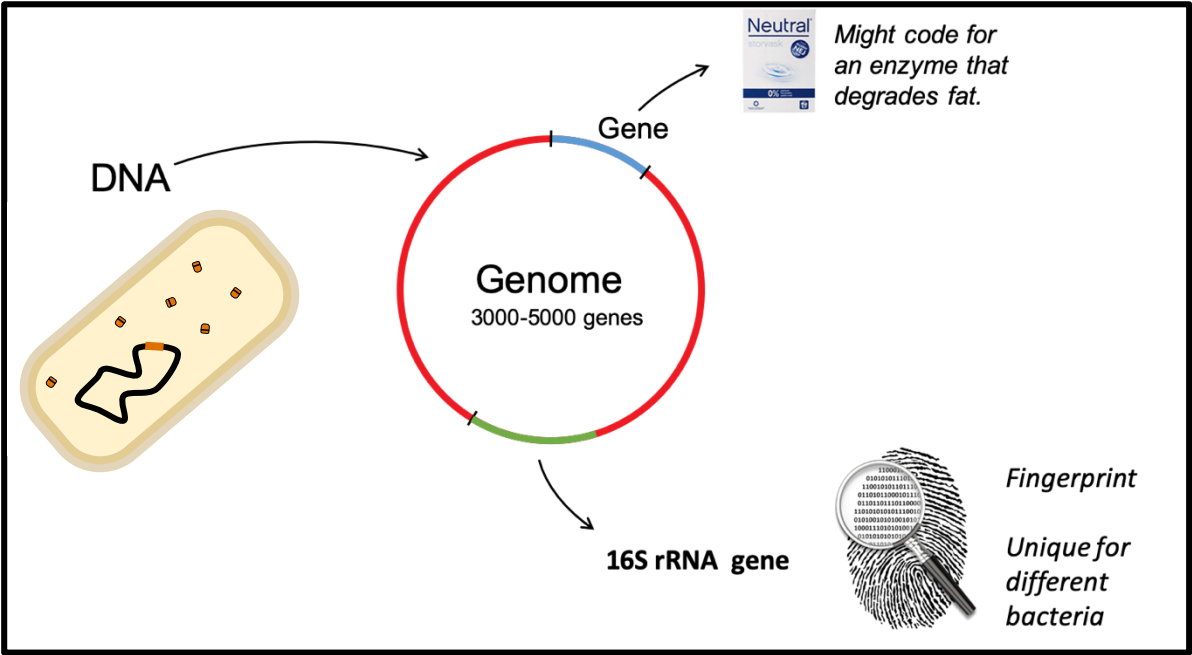
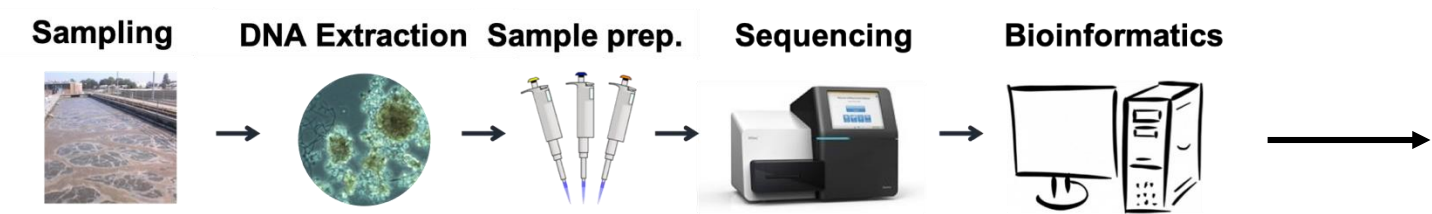
Bedste bud i dag: nogle/mange millioner

Identifikation af mikroorganismer



Identifikation af mikroorganismer

16S rRNA gene amplicon sequencing



Reference database

silva
high quality ribosomal RNA databases

rdp

GG GREENGENES
The 16S rRNA Gene Database and Tools

Relative abundance [%]	
Microthrix	11.8
C10_SB1A	9.1
Tetrasphaera	7.5
Dechloromonas	3.1
B45	2.8
Trichococcus	2.5
Rhodoferax	1.4
P2CN44	1.3
Fodinibacter	1.1
Propionimonas	0.8
Hyphomicrobium	0.8
Simplicispira	0.6
Gordonia	0.3
Sphingopyxis	0.3
Ferruginibacter	0.1
+ 1000 more...	

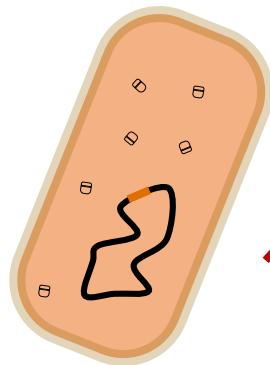
A yellow, rounded rectangular pill with a black outline of a person inside. There are five small orange dots scattered around the outline.



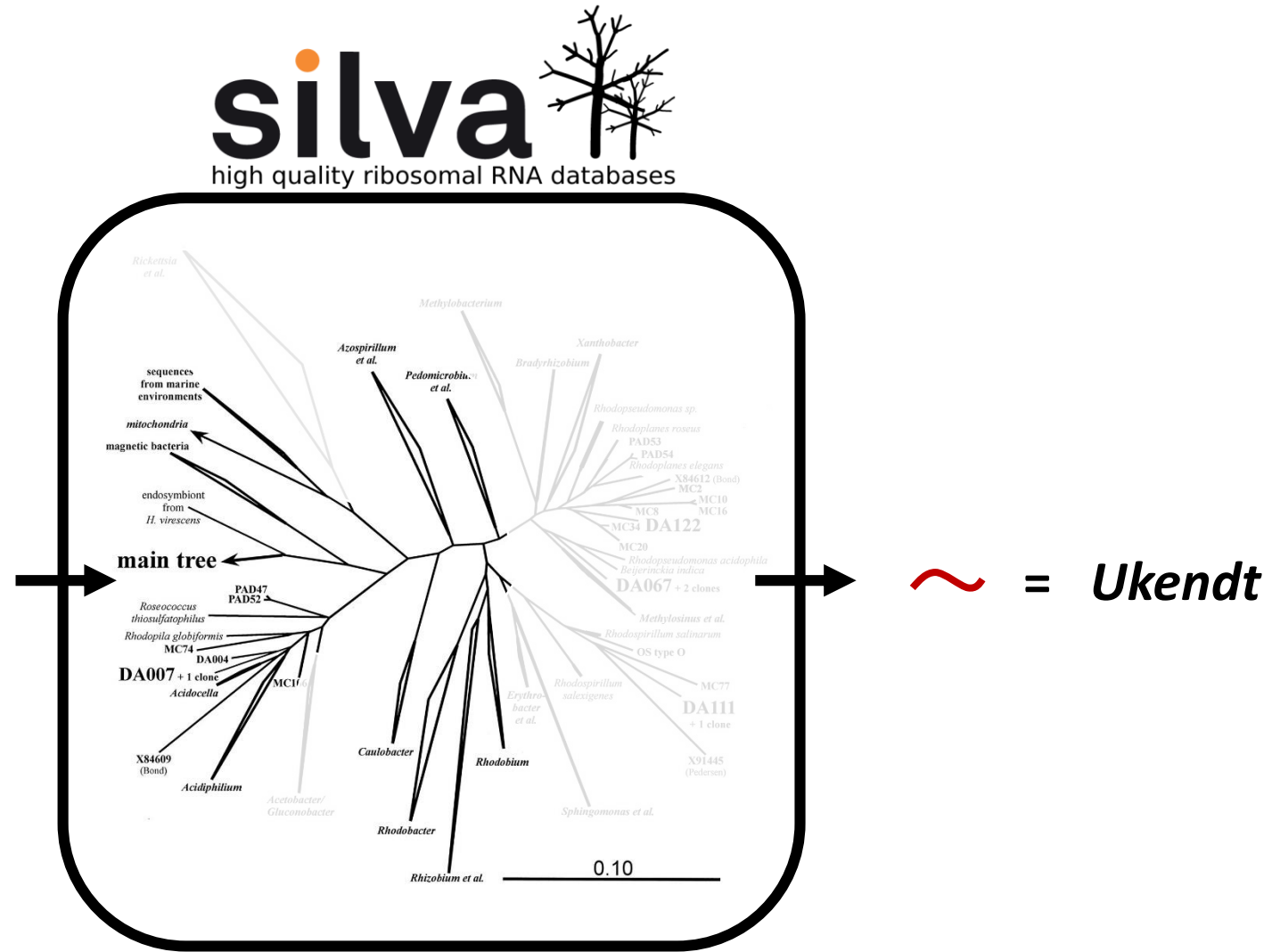
= *E. coli*

Men databaserne er ikke komplette.....

Identifikation:
Sammenligning af ukendt
DNA-sekvens med
reference database

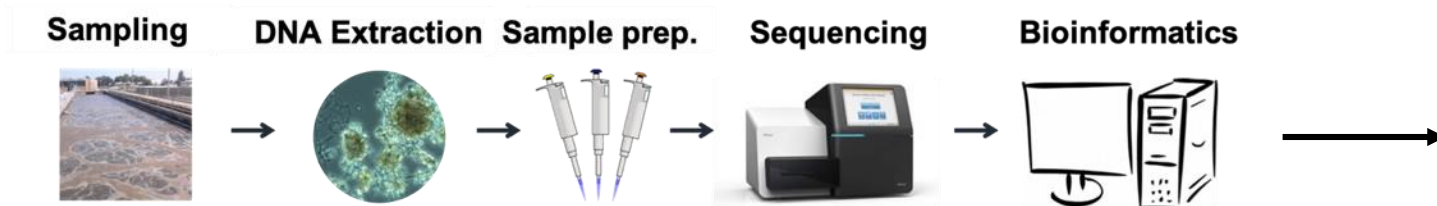


Kort **ukendt** 16S
rRNA sekvens



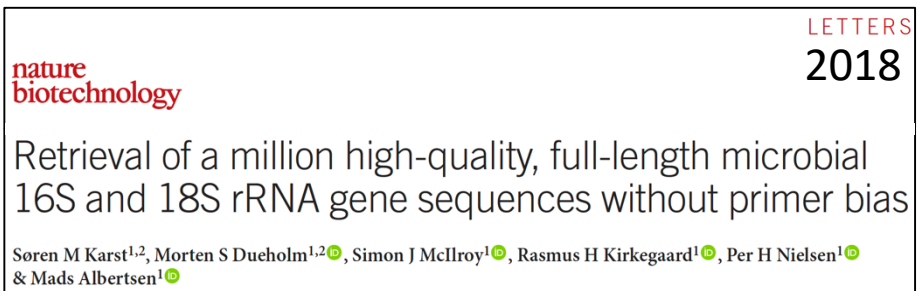
Identifikation af mikroorganismer

16S rRNA gene amplicon sequencing



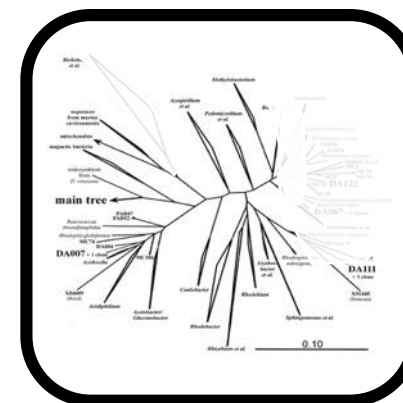
Databaser kan gøres komplette!

- 1) Etablere et komplet sæt 16S rRNA gen sekvenser



- 2) Etablere et kunstigt klassifikationssystem med placeholder navne indtil der kan opnås rigtig klassifikation

Ikke-komplet!



silva
high quality ribosomal RNA databases



GG GREENGENES
The 16S rRNA Gene Database and Tools

Relative abundance [%]	
Microthrix	11.8
Unknown species	9.1
Tetrasphaera	7.5
Dechloromonas	3.1
Unknown species	2.8
Trichococcus	2.5
Unknown species	1.4
Unknown species	1.3
Fodinibacter	1.1
Unknown species	0.8
Unknown species	0.8
Unknown species	0.6
Unknown species	0.3
Sphingopyxis	0.3
Unknown species	0.1
+ 1000 more...	

Mange ukendte
Ingen taxonomi
for de ukendte

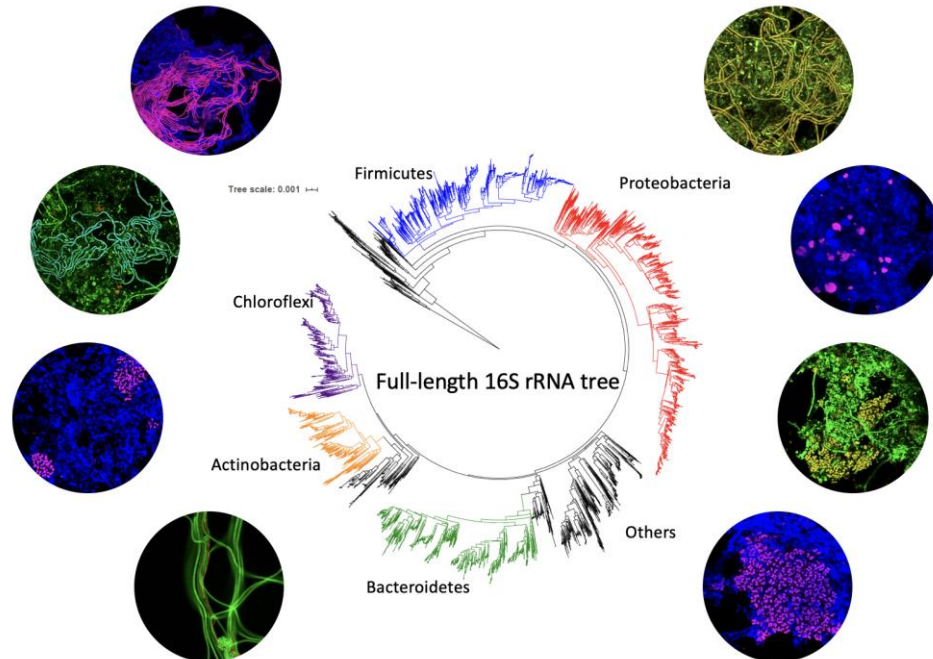
MiDAS reference database for spildevand og rådnetanke

www.midasfieldguide.org/guide

≈ 1 million full-længde 16S rRNA gene sekvenser

≈ 4,000 arter – næsten alle er ukendte!

Kan også bruges til visualisering af mikroorganismer



MIDAS
Field Guide

Home Search Field Guide Browse taxonomy BLAST Definitions Downloads Protocols Publications About
Contact us

MiDAS: Field Guide to the Microbes of Activated Sludge and Anaerobic Digesters

Visit our other sites

MIDAS
Global

MIDAS
Denmark

News

Digest this latest preprint featuring extensive analysis of Danish AD [#microbiome](#) with focus on growing species using the new MiDAS3 [#taxonomy](#) <https://www.biorxiv.org/content/https://www.biorxiv.org/content> Posted 3 hours ago

The new version of ecosystem-specific MiDAS [#taxonomy](#) is now available Check how [@PHNLab](#) applied it to analyze species-level microbiome of Danish [#WWTPs](#) <https://www.sciencedirect.com/> Posted 4 hours ago

[Follow us on twitter](#)

The MiDAS (Microbial Database for Activated Sludge) field guide aims to summarize all the knowledge about the physiology and ecology of the important microorganisms present in engineered ecosystems of activated sludge plants, anaerobic digesters, and related wastewater treatment systems, ultimately creating a universal guide to the field.

Based on many years of collaboration with Danish wastewater treatment plants we developed the ecosystem-specific MiDAS taxonomy. It is a comprehensive, automated and curated taxonomy providing species-level resolution (Dueholm et al. 2020). In the near future, the taxonomy will be extended even further based on our recent [global campaign](#) in order to expose near-complete microbial diversity present in these ecosystems across the world.

Vision: MiDAS provides an ecosystem-specific taxonomy that together with the field guide links identity to function for the microbes in wastewater treatment and bioenergy systems.

The MiDAS taxonomy can be used to classify and provide placeholder names for unknown sequences at the species-level, and the online MiDAS field guide links the identity to a referenced summary of their in situ metabolism, morphotypes, and abundance in influent wastewater, activated sludge, and anaerobic digesters. Moreover, the BLAST function allows you to classify your sequences directly online.

MIDAS
Field Guide

- Identity
- Genus & species function
- Abundance
- Data visualisation
- Protocols

Rød: ingen
klassifikation til slægt





Identifikation af mikroorganismer og betydning af en god referencedatabase



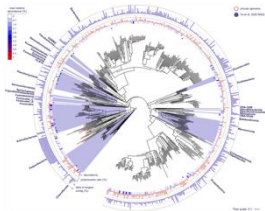
Microflora Danica:

Organisering af prøvetagning

Muligheder for at deltage i projektet

Data output

Foreløbige resultater, eksempler



Mange samarbejdspartnere (nationalt og internationalt)



Vibeke R.
Jørgensen

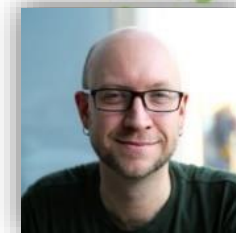


Erik Aude
HabitatVision



EUKREF

earth microbiome project



Daniel McDonald
UCSD, USA



Rob Knight
UCSD, USA



Fabien Burki
(SciFiLab, Sweden)



Javier del Campo
(Miami, USA)

Review The New Tree of Eukaryotes

Fabien Burki,^{1,2,*} Andrew J. Roger,^{3,4} Matthew W. Brown,^{5,6} and Alastair G.B. Simpson^{7,1*}

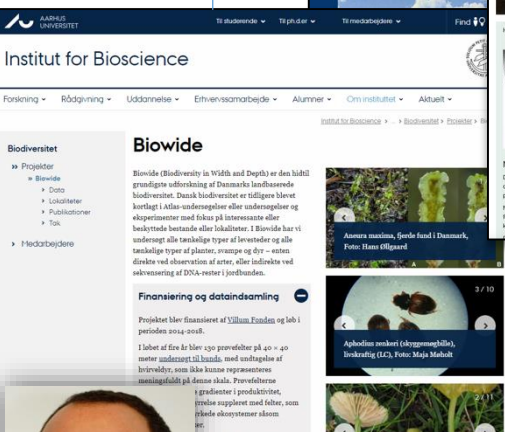
For 15 years, the eukaryote Tree of Life (eToL) has been divided into five to eight major groupings, known as 'supergroups'. However, the tree has been profoundly rearranged during this time. The new eToL results from the widespread application of phylogenomics and numerous discoveries of major lineages of eukaryotes, mostly free-living heterotrophic protists. The evidence that supports the tree has transitioned from a synthesis of molecular phylogenetics and biological characters to purely molecular phylogenetics. Most current supergroups lack defining morphological or cell-biological characteristics, making the supergroup label even more arbitrary than before. Going forward, the combination of traditional culturing with maturing culture-free approaches and phylogenomics should accelerate the process of completing and resolving the eToL at its deepest levels.

The Eukaryote Tree of Life

Resolving the evolutionary tree for all eukaryotes has been a long-standing goal in biology. Inferring an eToL that is both accurate and comprehensive is a worthwhile objective in itself, but the eToL is also the framework on which we understand the origins and history of eukaryotic biology and the evolutionary processes underpinning it. It is therefore a fun...

Highlights
The eukaryote Tree of Life (eToL) represents the phylogeny of all eukaryotic lineages, with the vast bulk of this diversity comprising microbial 'protists'. Since the early 2000s, the eToL has been summarized in a few (five to eight) 'supergroups'. Recently, this tree has been deeply remodelled due mainly to the maturation of phylogenomics and the addition of numerous new 'kingdom-level' lineages of heterotrophic protists. The current eToL is derived almost...

contrast to earlier syntheses of molecular biological data, the eToL has also become a vital resource for understanding the evolutionary processes underpinning it. It is therefore a fun...



Rasmus Ejrnæs
Biowide, AU

SEGES

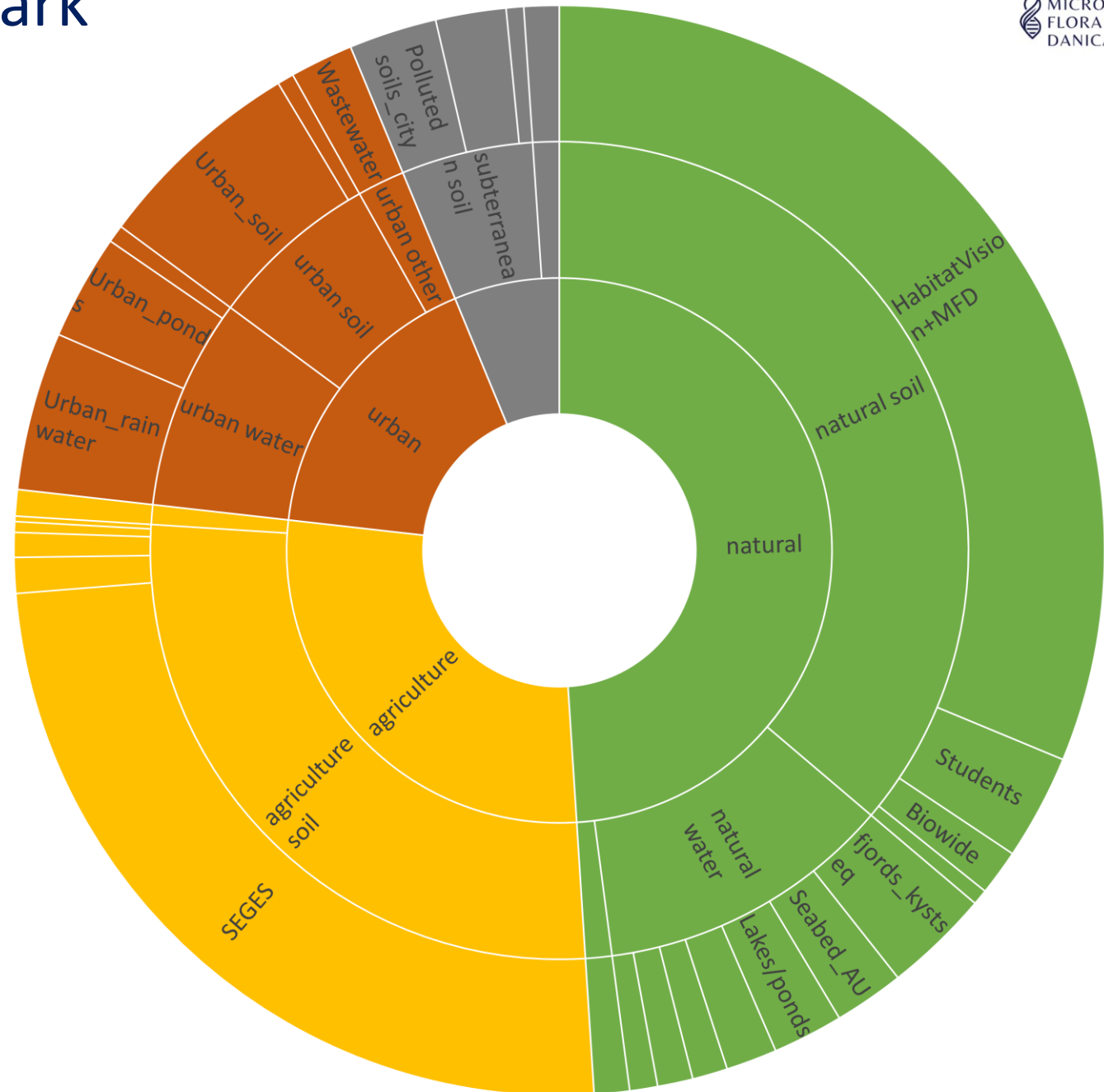
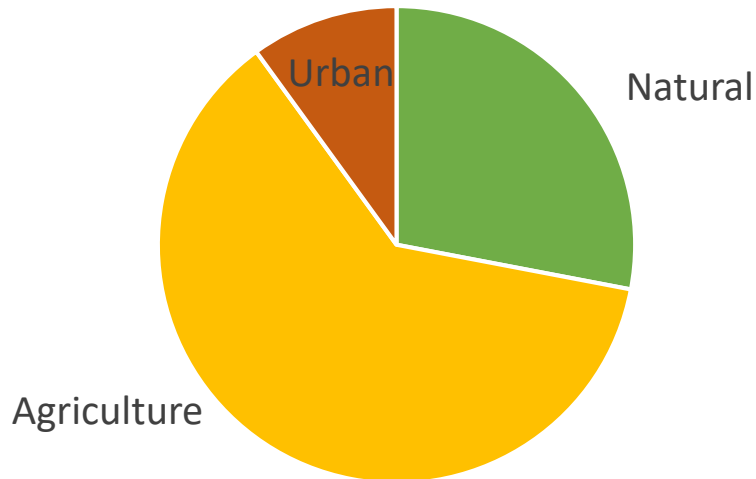


10,000 prøver på tværs af Danmark

30 prøvesamlings projekter

- Geografisk dækning
- Hensyn til arealanvendelse
- Fokus på lokationer med forventet høj diversitet

Land use in Denmark



Naturlige habitater: vand og jord



Erik Aude
HabitatVision



Natur-vand

Søer, moser

Kyster

Vandløb

Natur-jord

Kystområder

Tørre jorde

Våde jorde

Skove



Landbrug

Askov

Sæsonprøver fra forsøgsstation

Studenter projekter

Konventionelt og økologisk landbrug

Kvadratnet

Græs

Kartofler

Majs

Sukkerroer

Raps

Forskellige kornarter

To come:

2000 prøver fra SEGES
landbrug



Urbane områder

Byer-jord

Byparker

Byer - andet

Byer-vand

Byer-søer

Regnvand

Byers regnvandsbassiner

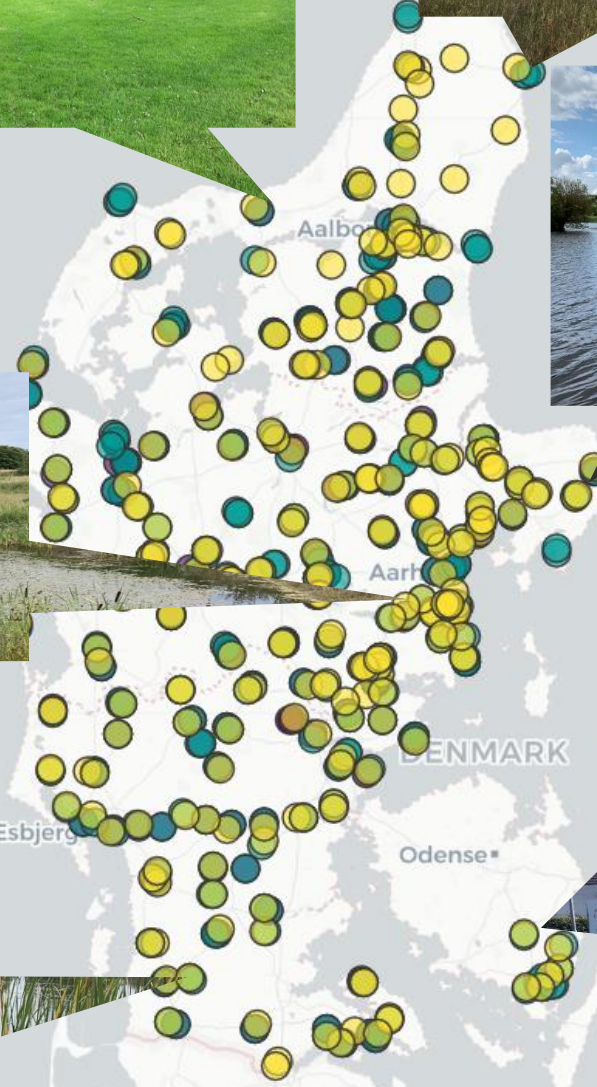
Vejes regnvandsbassiner

To come:

Grundvand

Drikkevand

Forurennet jord



city_ponds

city_soil

rainwater

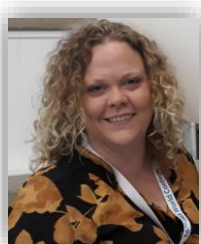
rainwater

city_soil

city_ponds

2021: prøvetagning af Danmark under jordoverfladen

Vi søger samarbejdspartnere til at dække flere områder



Vibeke R. Jørgensen
vrj@bio.aau.dk
Tel: 9940 7243
Mobil: 2617 9672



Forureningsundersøgelser
Mål: 250 prøver fra alle 5 regioner



Drikkevandsprøver
Mål: 50 vandprøver fra vandværker



Grundvandsmagasiner

Vandprøver

Mål: 100 primære grundvandsmagasiner spredt over Danmark

Jordprøver

Mål: +100 prøver fra anlæggelse af nye borer



Olieforureet jord
Mål: 50 områder





Identifikation af mikroorganismer og betydning af en god referencedatabase



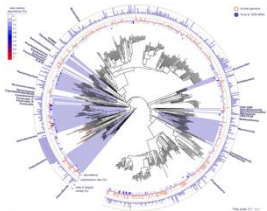
Microflora Danica:

Organisering af prøvetagning

Muligheder for at deltage i projektet

Data output

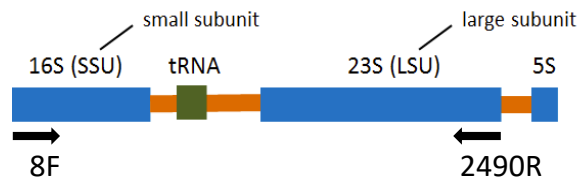
Foreløbige resultater, eksempler



Data output fra Microflora Danica

1000 prøver

rRNA amplicon
[Nanopore/PacBio]



Liste (**Database**) af høj-kvalitets
reference **16S/18S rRNA**
sekvenser til tree-of-life
(stamtræ).

10.000 prøver

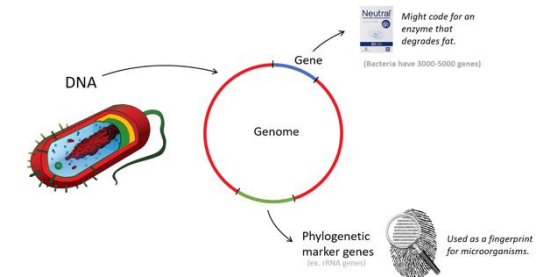
Shallow Metagenomics
[Illumina 5 gbp; 17 mill. Reads]



Sammenligning af korte DNA
sekvenser (reads) til databaser.
Hyppighed af 16S/18S rRNA gener i
alle prøver.

100 prøver

Deep Metagenomics
[Illumina + Nanopore]



Genskabe **genomer** fra
ukendte bakterier fra
udvalgte prøver

Microflora Danmark: Renseanlæg og spildevand i Danmark

Ca. 80 renseanlæg + spildevand i Danmark
(alle prøver er indsamlet, ca. halvdelen
sekventeret)



Admir
Murguz

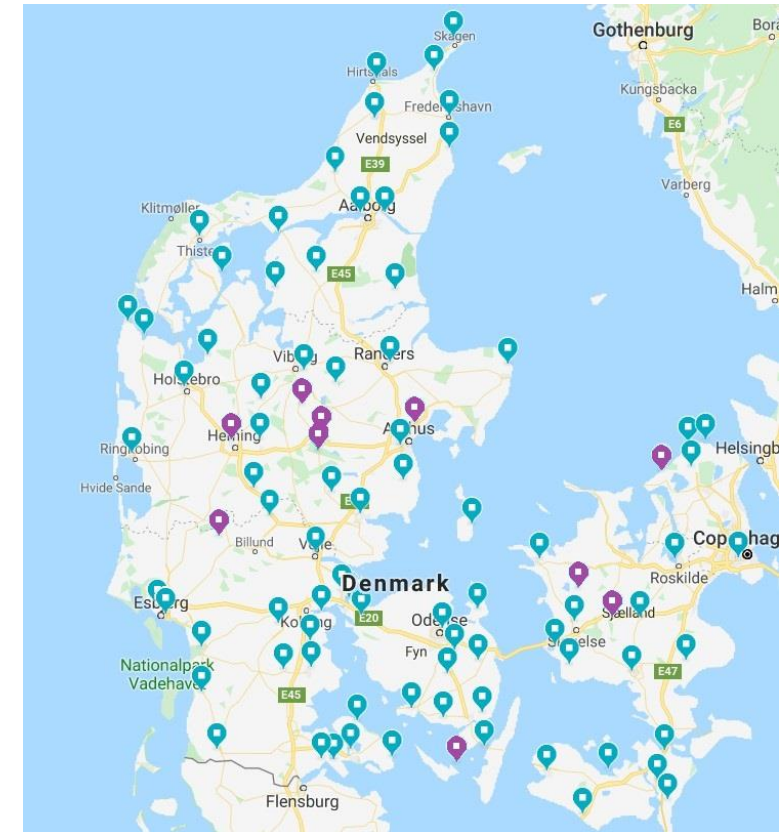


Giulia
Dottorini



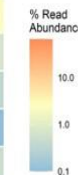
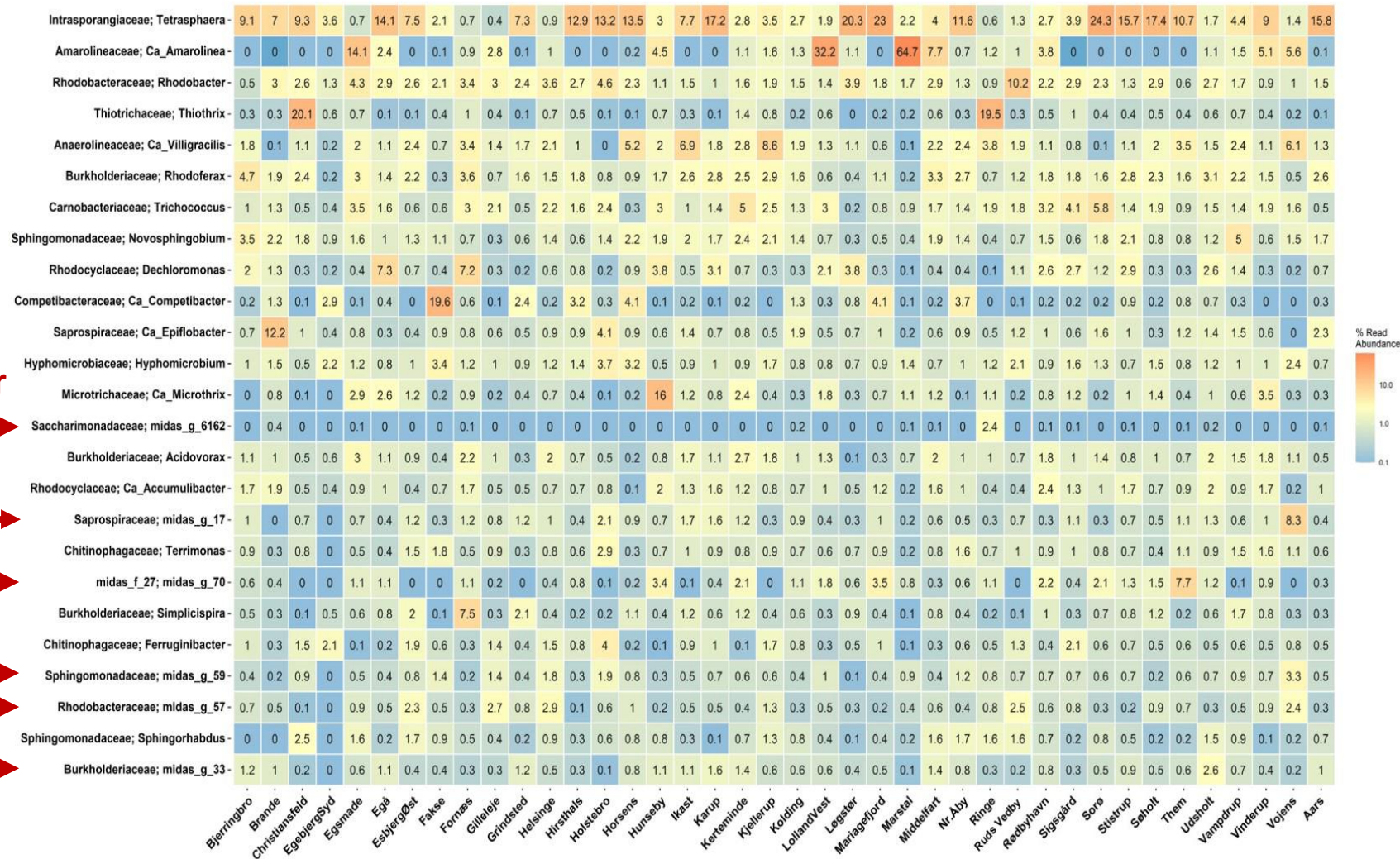
Marta
Nierychlo

- Hvilke bakterier findes i spildevand og renseanlæg?
- Er bakteriesammensætning forskellig i forskellige dele af landet?
- Betyder bakterierne i indløbet noget for renseanlægget?



Aktivt slam renseanlæg: mikrobielle samfund ret ens

Top 25 hyppigste slægter

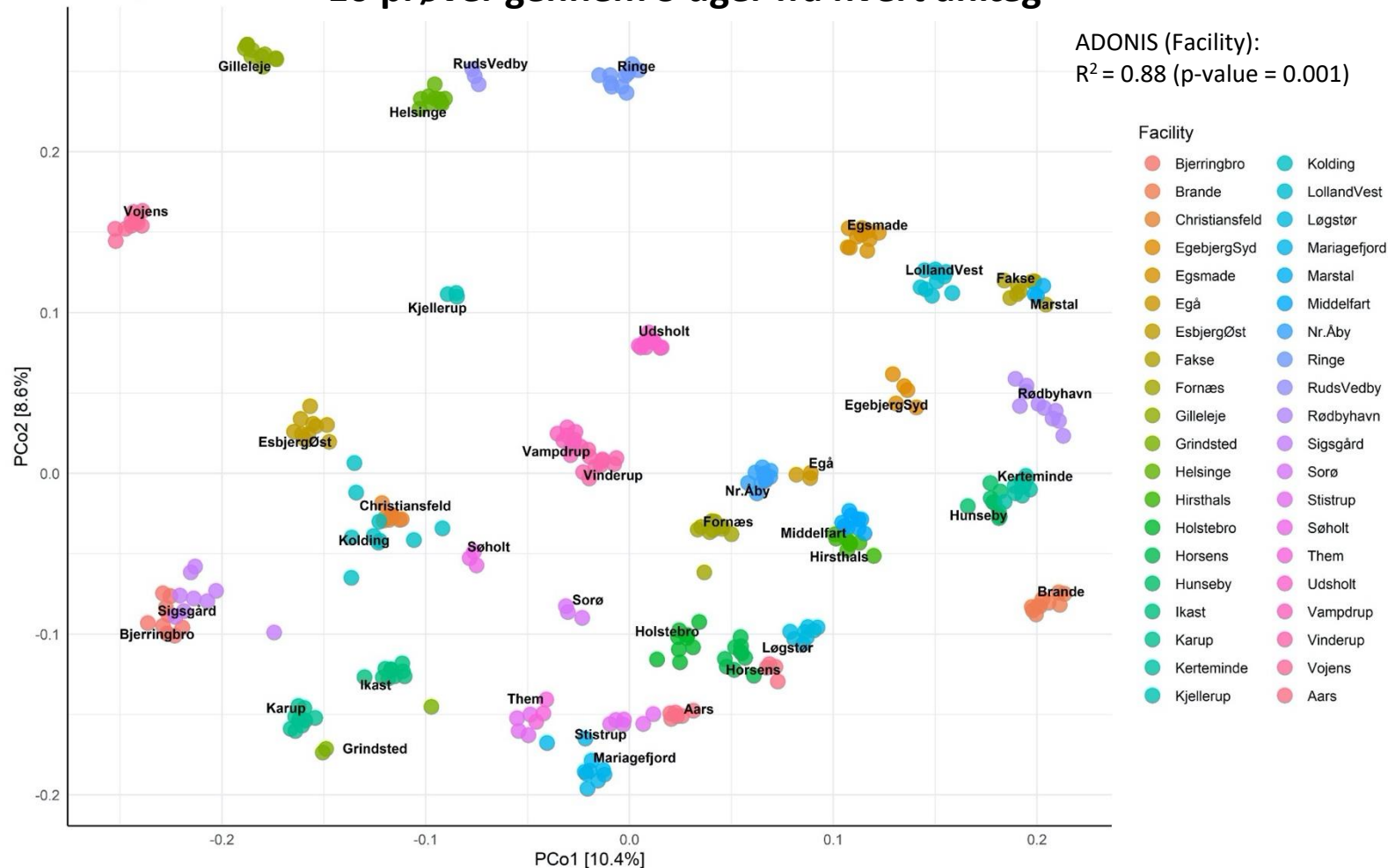


- Generelt samme arter/slægter i alle anlæg
- 6 ubeskrevne slægter blandt top 25

Mikrobielle samfund er ret ens – men har forskellig signatur

40 aktiv-slåm anlæg
 ≈ 10 prøver gennem 3 uger fra hvert anlæg

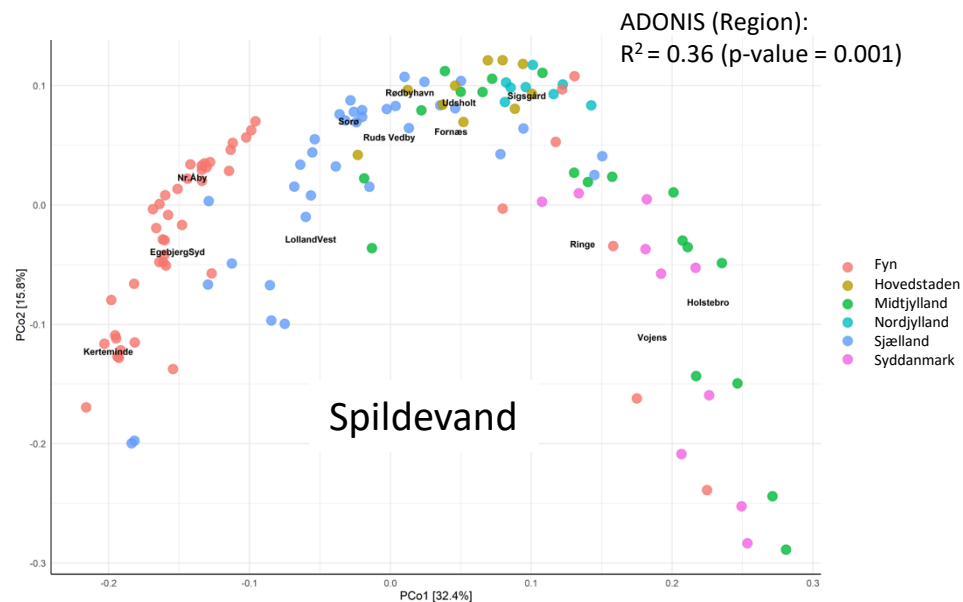
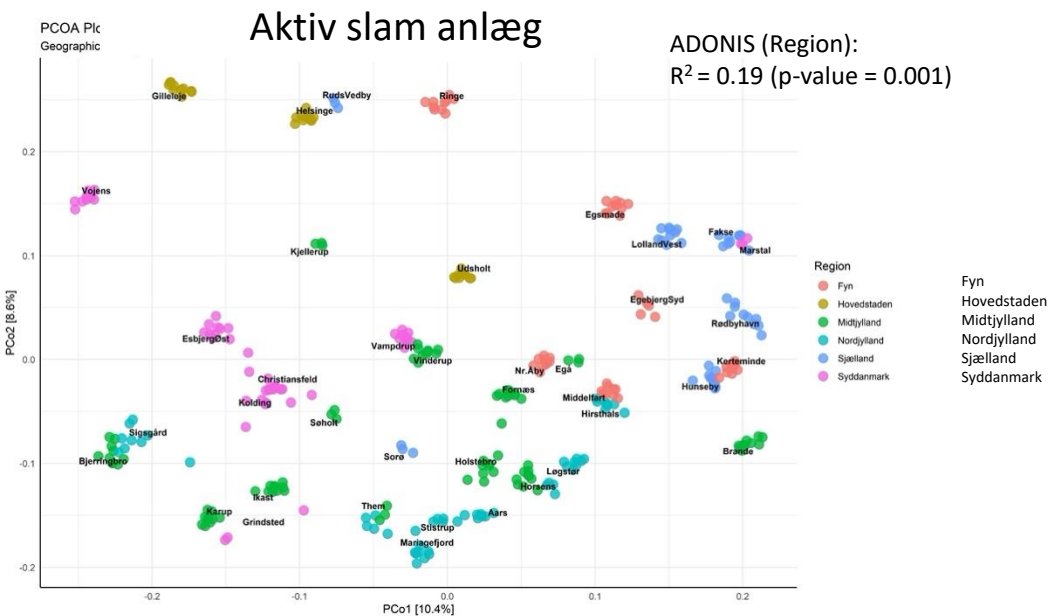
ADONIS (Facility):
 $R^2 = 0.88$ (p-value = 0.001)



Forskelle kan skyldes:

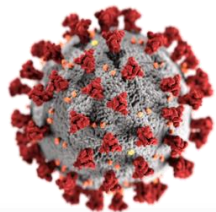
- Tilstedeværelse af forskellige arter
- Forskellig hyppighed af de samme arter

Betyder geografisk placering noget for bakteriesammensætning?



- Aktiv slam: geografi har en vis betydning (kan forklare 20 % variation)
 - Spildevand: geografi har en stor betydning (kan forklare 36 % variation)
- => Forskelle i bakteriesammensætning på renseanlæg påvirkes/bestemmes af sammensætning i spildevand

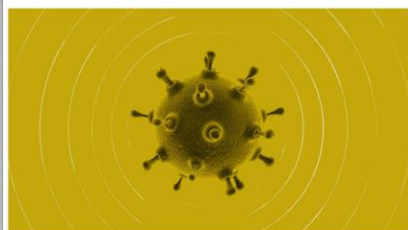
Vi er blevet lidt forsinkede.....



Corona Danica – The SARS-CoV-2 genomes of Denmark

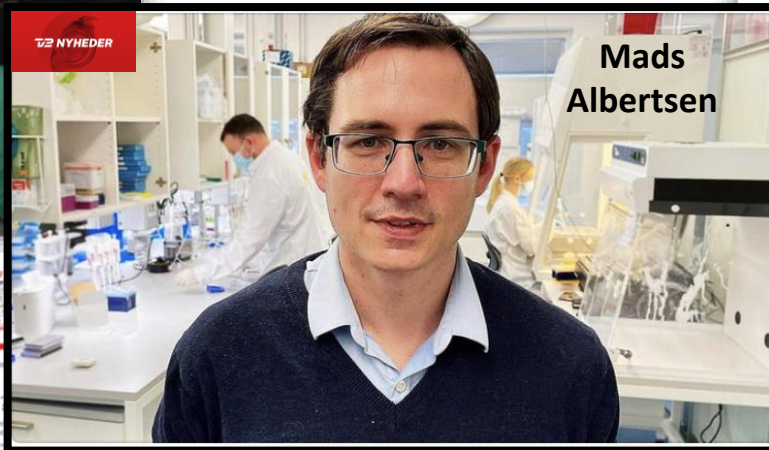


Ny metode bandt smitte på plejehjem og hos mink sammen - og det kan være med til at stoppe spredning



13 beboere og 32 ansatte på plejehjemmet Venderboecentret i Hjørring er konstateret smittet med coronavirus. Foto: TV 2 Grafik / Christoffer Laursen Hald

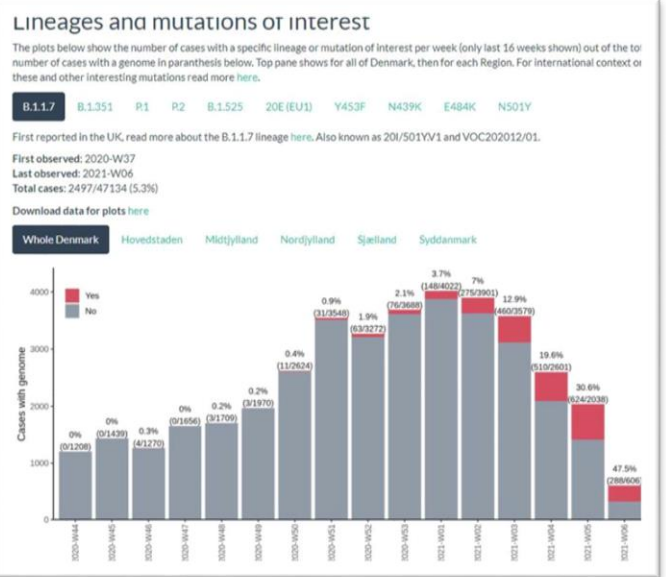
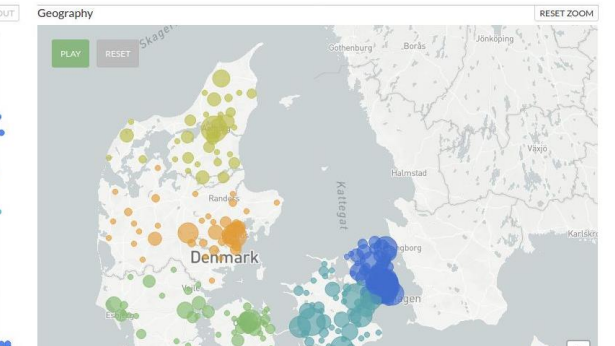
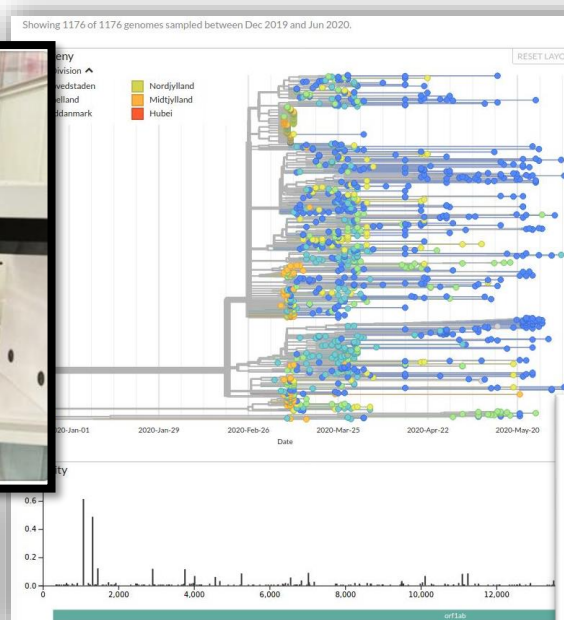
Virussens små karakteristika kan vise, om smittekæder hænger



Videnskab.dk
Den danske videnskabsnyhedsportal

**Verdensberømt corona-
overvågning: »Alles øjne er
rettet mod Danmark«**

Internationale medier beretter om et unikt dansk
overvågningssystem, der kan forudsige, hvordan smitten i
samfundet spredt sig



Washington Post

Denmark is sequencing all coronavirus samples and has an alarming view of the U.K. variant

Cases are exploding exponentially and lockdowns may not be enough.

Center for Microbial Communities



POUL DUE JENSEN GRUNDFOS
FOUNDATION

VILLUM FONDEN


www.microfloradanica.aau.dk

AALBORG UNIVERSITET
MICROFLORA DANICA

FORSIDE BIO / MICROFLORA DANICA /

HVORDAN DÆKKER VI DANMARK? IDENTIFIKATION AF MIKROORGANISMER BAGGRUND OG METODER
MIKROORGANISMER OG DERES BETYDNING TILKNYTNING TIL FLORA DANICA
PRESSEARKIV - MICROFLORA DANICA PRESSEARKIV - CORONA DANICA INTERNE SAMARBEJDSPARTNERE
EKSTERNE SAMARBEJDSPARTNERE INTERACTIVE MAP



MICRO
FLORA
DANICA

KONTAKT

MICROFLORA DANICA
- DANMARKS MICROBIOM

Projektleder:
Professor MSO Mads Albertsen
Email: ma@bio.aau.dk
Mobile: 2293 2191

Projektleder:
Professor Per Halkjær Nielsen
Email: phn@bio.aau.dk
Tel: 9940 8503 / Mobil: 2173 5089

Projektkoordinator:
Vibeke R. Jørgensen
Email: vrj@bio.aau.dk
Tel: 9940 7243 / Mobil: 2617 9672

Projektet er finansieret af:

POUL DUE JENSEN GRUNDFOS
FOUNDATION

+ OM PROJEKTET

Microflora Danica skal skabe en reference database eller et atlas over alle mikroorganismer, som findes naturligt i Danmark. Projektet udføres på Institut for Kemi og Biovidenskab ved Aalborg Universitet og er støttet af Poul Due Jensen/Grundfos fonden med 30 millioner kroner i perioden 2019-2025.

BAGGRUND OG METODER



Læs mere om Microflora Danicas ideologiske tilknytning til det historiske værk Flora Danica, samt om mikroorganismer og deres betydning, og hvordan mikroorganismer identificeres.

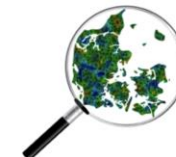
LÆS MERE



"Den videnskabelige og teknologiske betydning af en sådan mikrobiologisk database (et atlas) kan vanskeligt overvurderes. Når de store linjer i atlas'et engang er identificeret, vil det ikke ske igen. Projektet har derfor mulighed for at skabe signifikant impact på både kort og lang tidshorisont."

— Poul Toft Frederiksen, programchef for Forskning, Poul Due Jensen/Grundfos Fonden

HVORDAN DÆKKER VI DANMARK?



Læs mere om, hvordan 10.000 prøver indsamles på tværs af Danmarks geografi og terræn for at dække den mikrobielle diversitet, som findes i jordhøjde, i både terrestriske og akvatiske miljøer.

LÆS MERE

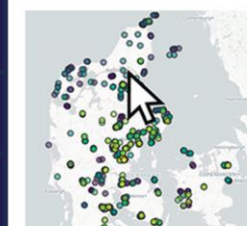


+ SAMARBEJDSPARTNERE

+ MATERIALE TIL PARTNERE

+ PRESSEARKIV

+ MICROFLORA DANICA TEAMET



KORT OVER MICROFLORA DANICA



VERDENSMÅL
for bæredygtig udvikling

