



LUND UNIVERSITY

Interpretation of variation in omics data

Applications in proteomics for sustainable agriculture

Willforss, Jakob

2020

[Link to publication](#)

Citation for published version (APA):

Willforss, J. (2020). *Interpretation of variation in omics data: Applications in proteomics for sustainable agriculture*. [Doctoral Thesis (compilation), Department of Immunotechnology]. Department of Immunotechnology, Lund University.

Total number of authors:

1

Creative Commons License:

CC BY

General rights

Unless other specific re-use rights are stated the following general rights apply:

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

Read more about Creative commons licenses: <https://creativecommons.org/licenses/>

Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

LUND UNIVERSITY

PO Box 117
221 00 Lund
+46 46-222 00 00

Populärvetenskaplig sammanfattning

Jakob Willforss, Department of Immunotechnology, Lund University

Allt levande är byggt från de byggstenar vi kallar celler. Dessa celler består i sin tur av olika typer av molekyler vilka vi kan mäta för att förutsäga deras egenskaper. Dessa molekyler kallas för biomarkörer, och kan användas för att accelerera forskning inom både jordbruk och medicin. Dagens jordbruk möter stora utmaningar i att både producera tillräckligt mycket mat till världens befolkning, och för att samtidigt anpassa sig till ett klimat i förändring. Biomarkörer har här en viktig roll i att skynda på avel av växter och djur genom att snabbare hjälpa oss att förstå vilka individer som har de egenskaper man vill ha, och kan på så sätt hjälpa jordbruket att möta dess utmaningar.

I det här arbetet mäter vi protein - den molekyl som utför större delen av arbetet i cellerna. Protein har många olika funktioner, till exempel att bygga strukturer, omvandla solljus till socker i växter och försvara celler mot angrepp av främmande organismer.

Arbetet består av två huvudspår. I den ena delen studerar vi biomarkörer i tre olika jordbruksprojekt. I det första jordbruksprojektet studerar vi hur två olika havresorter reagerar på angrepp från svamp, där den ena havresorten har ett mer effektivt försvar och den andra har ett sämre försvar, men ger en bättre skörd. Genom att studera skillnaderna bidrar vi till att utveckla havresorter som både kan försvara sig bättre mot svampangrepp och ge en bra skörd. I det andra projektet studerar vi hos tjurar hur protein i sädesvätskan påverkar deras fertilitet. Det är känt att protein i sädesvätskan påverkar spermans förmåga att befrukta, men kunskapen om hur det fungerar är fortfarande begränsad. Här identifierar vi protein som är relaterade till befruktningens förmåga, vilket kan bidra till att bättre kunna förutse tjurar med låg fertilitet vilken kan bespara stora resurser och underlätta aveln av andra viktiga egenskaper. Slutligen studerar vi hur olika potatissorter reagerar när de växer i norra och södra Sverige, där vissa sorter bättre kan utnyttja de annorlunda förhållandena i norra Sverige med längre dagar och kortare somrar. Detta bidrar till att förstå hur vi bättre kan använda jordbruksarealerna i norra Sverige.

För att mäta mängden av olika protein i celler använder man maskiner som kallas masspektrometrar, vilka kan mäta molekylers vikt med stor noggrannhet. För att mäta protein så delar man dem först i små bitar - peptider - som man skickar in i masspektrometern. Peptiderna skickas via en vätska genom vad som kallas en elektronspray - ett tunt munstycke som skickar ut en dimma av små droppar som sedan tillförs laddningar av en stark elektrisk spänning. Vätskan hos dessa små droppar dunstar snabbt bort, och kvar blir elektriskt laddade peptider. Laddade molekyler accelereras av elektriska fält och hur snabbt de accelereras beror på deras vikt och hur stark laddning de har. Detta används inne i masspektrometern för att mäta molekylernas vikt med stor noggrannhet. Peptiderna bryts sedan ned i små bitar genom att krockas med en gas under högt tryck. Slutligen mäts även dessa peptid-bitar. Därmed har vi noggranna mätningar av vikten hos de ursprungliga peptiderna, och mätningar av deras fragment. Dessa fragment kan ses som peptidernas fingeravtryck - något som unikt identifierar dem.

Mätningarna skickas sedan till en dator där en lång resa börjar för att pussla ihop en bild av hur mycket av olika proteiner som ursprungligen fanns i cellerna man mätte. Här räknar man först ut hur mycket som fanns av de olika peptiderna, och använder sedan deras fragment (deras "fingeravtryck") för att jämföra mot en stor samling kända peptider och därmed avgöra deras identiteter. Sista steget är att använda olika

datorprogram för att pussla ihop peptiderna till en bild av hur mycket av olika protein som fanns i det ursprungliga materialet. Dessa mätningar kan vi använda för att hitta biomarkörer.

Datorprogrammen man använder för att analysera protein är ofta svåra att använda och uppdateras ständigt med nya analysmetoder. Den andra delen av arbetet består av att utveckla två datorprogram som gör det enklare att hitta rätt metoder för att analysera protein-data. Det första programmet används för att illustrera protein-datan med olika typer av visualiseringar, vilket bland annat underlättar jämförelser när man upprepar ett experiment för att försäkra sig om att det man sett i ett första försök fortfarande finns där. Varje steg i mätningarna från experiment till mätning i masspektrometern tillför en viss osäkerhet i resultatet, och det finns en risk att detta ger en felaktig bild av den ursprungliga mängden protein. Det andra datorprogrammet hjälper användaren att välja den metod som bäst minskar mängden osäkerhet i protein-datan. Dessa datorprogram har båda använts i ovan nämnda biomarkörstudier för att minska osäkerheten i analysen och för att ge en bättre förståelse av datan.

Sammanfattningsvis ger detta arbete tillgång till nya datorprogram som kan användas för både studie av protein och andra molekyler - i jordbruk, eller andra biologiska områden som till exempel medicin. Dessa verktyg har sedan tillämpats i tre olika jordbruksstudier för att så bra som möjligt använda protein-datan, och för att hitta biomarkörer som kan användas för att snabba på utvecklingen av ett mer hållbart jordbruk.