

eDNA- ja muut molekyylibiologiset menetelmät tuovat uusia mahdollisuuksia luonnon seurantaan



Molekyylibiologisten menetelmien avulla voimme parantaa ympäristön tilan seurantojen kattavuutta, tarkkuutta ja kustannustehokkuutta ja siten täydentää seurannan kautta muodostuvaa kuvaa luonnon monimuotoisuudesta ja sen muutoksista.

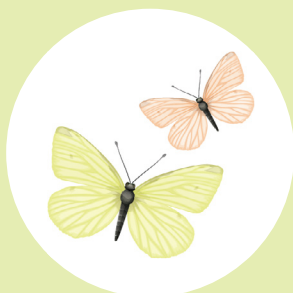
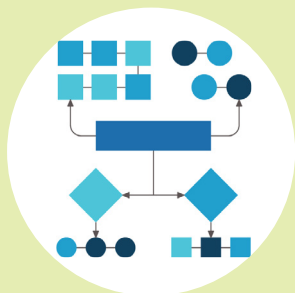
- Molekyylibiologiset eli DNA- tai RNA-analyysiin perustuvat menetelmät ovat kehittyneet suurin harppauksin ja mahdollistavat nyt esimerkiksi yksittäisten lajien tarkan runsausmäärityksen ja satojen eri lajien havaitsemisen yksittäisistä näytteistä.
- Laaja kirjo molekyylibiologisia seurantamenetelmiä on mahdollista ottaa laajamittaiseen käyttöön vuoteen 2030 mennessä.
- Molekyylibiologiset menetelmät tulevat huomattavasti lisäämään seurantojen kattavuutta ja kustannustehokkuutta. Niiden käyttöönotto edellyttää siirtymävaiheen resursointia, kansallista ja kansainvälistä vuoropuhelua ja menetelmien standardointia.

Molekyylibiologiset menetelmät mahdollistavat luonnon monimuotoisuuden kattavan ja kustannustehokkaan seurannan

Rikospaikkatutkinnasta ja koronaviruksen jätevesiseurannasta tutut DNA-menetelmät olisi mahdollista valjastaa luonnon ja ympäristön seurantaan. Kun tieto lajin DNA:sta on kerran tallennettu tietokantaan, DNA:han perustuva lajinmääritys voidaan tehdä ilman lajiryhmään erikoistuneen asiantuntijan arviota. Lajinmääritys on tällöin nopeaa, objektiivista ja automatisoitavissa. Myös näytteenotto on mahdollista automatisoida tai toteuttaa joukkoistettuna kansalaistiedehankkeena. DNA:n perusteella tavoitetaan myös monia

vaikeasti havaittavia lajiryhmiä, jotka jäävät perinteisten menetelmien ulottumattomiin. Lajiston lisäksi DNA-menetelmillä saadaan tietoa myös muista luonnon monimuotoisuuden tasoista, joiden seuranta esimerkiksi YK:n biodiversiteettisopimuksen ja EU:n biodiversiteettistrategian toimeenpano edellyttävät (laatikko 1). Laadukas ja kattava seuranta on keskeinen edellytys luonnon monimuotoisuuden muutosten havaitsemiselle ja siten luontokadon pysäyttämiseksi. Molekyylibiologisten menetelmien teknologinen kehitys on ollut ennennäkemättömän nopeaa kahden viime vuosikymmenen aikana.

Laatikko 1. Molekyylibiologiset menetelmät tuottavat uudenlaista tietoa biodiversiteetin eri tasoista.



Lajit

Myös harvinaiset ja vaikeasti tunnistettavat lajit voidaan tavoittaa DNA:n avulla, ja jopa satoja lajeja voidaan tunnistaa yksittäisistä näytteistä.

Elinympäristöt

DNA:n perusteella määritetty lajisto antaa kattavan ja objektiivisen pohjan elinympäristöjen tilan määrittämiseen. Myös tunnistamattomia DNA-sekvenssejä voidaan hyödyntää ympäristön tilaa kuvaavien indikaattoreiden kehittämisessä.

Ekosysteemien toiminta

Eliöiden tuottamat entsyymit ja muut proteiinit kertovat ekosysteemissä käynnissä olevista biologisista prosesseista. Näistä saadaan tietoa tunnistamalla tutkittavassa ympäristössä parhaillaan ilmeneviä geenejä RNA-sekvenssien perusteella.

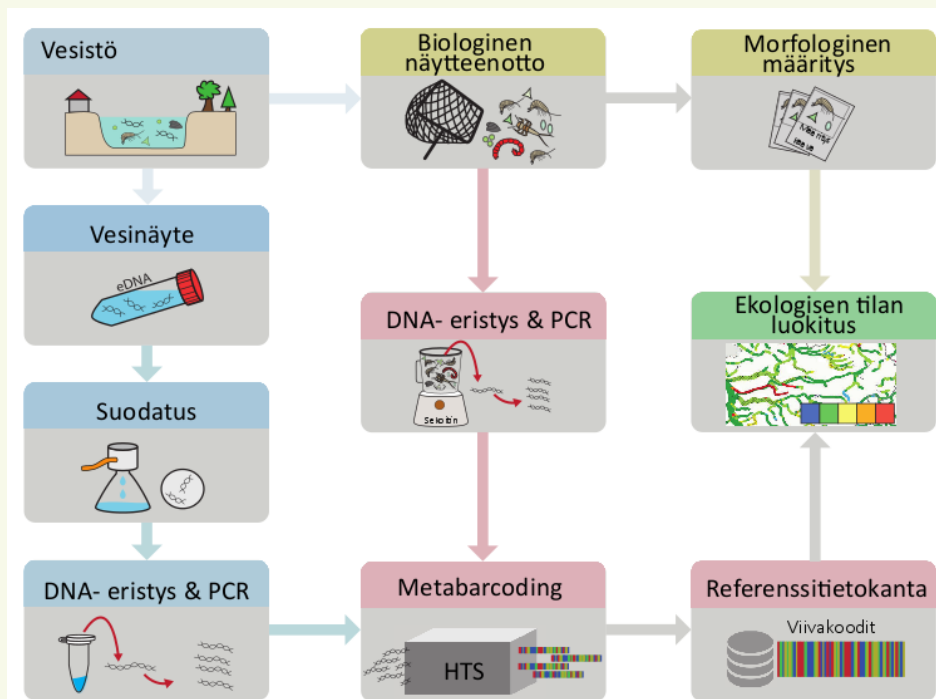
Geneettinen monimuotoisuus

Kohdelajien populaatioiden geneettistä rakennetta ja monimuotoisuutta voidaan selvittää kudus-, uloste- tai joissain tapauksissa myös ympäristö-DNA-näytteiden perusteella. Lajinsisäinen geneettinen monimuotoisuus kertoo kannan elinvoimaisuudesta ja kyvystä sopeutua ympäristön muutoksiin.

Uudet menetelmät mahdollistavat kohteiden DNA:n tai RNA:n havaitsemisen ja runsausmäärityksen tai koko eliöyhteisön kartoittamisen ympäristönäytteistä kuten vesi-, sedimentti-, maaperä- tai ilmanäytteistä (ns. ympäristö-DNA / eDNA) tai kokonaisia yksilöitä sisältävistä kokoonnäytteistä. Jopa satojen lajien samanaikaisen havaitsemisen mahdollistavan massiivisen rinnakkaissekvensoinnin (kuva 1) ja muiden menetelmien kustannukset ovat viime vuosi-
na merkittävästi laskeneet. Menetelmäkettujen ainoastaan näytteenotosta tulosten tulkintaan ovat kehittyneet asteelle, joka mahdollistaa niiden laajamittaisen, rutiininomaisen käytön ympäristön seurannassa. Uusien menetelmien avulla voidaan parantaa seurannan kattavuutta, tarkkuutta ja kustannustehokkuutta ja siten täydentää seurannan kautta muodostuvaa kuvaa luonnon monimuotoisuudesta ja sen muutoksista.

Kansallinen tiekartta viitoittaa molekyylibiologisten seurantamenetelmien laajamittaista käyttöönottoa

Huhtikuussa 2022 julkaistussa ympäristöministeriön tilaamassa kansallisessa tiekartassa Suomen ympäristökeskuksen (SYKE) ja luonnonvarakeskuksen (Luke) tutkijat arvioivat molekyylibiologisten seurantamenetelmien nykytilaa Suomessa. Tiekartassa tunnistetaan haasteita ja kehityskohteita ja esitetään molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönottoa edistäviä toimenpiteitä. Selvitys perustuu tieteellisen kirjallisuuden lisäksi kyselytutkimukseen sekä suoriin tiedusteluihin ja haastatteluihin. Yhteiskunnan eri sektoreita edustava kansallinen asiantuntijayhteisö osallistui tiekartan valmisteluun työn eri vaiheissa.



LÄHDE: Vestalous 5/2017 Molekyylibiologiset menetelmät tuovat uusia mahdollisuuksia vesien tilan seurantaan.

Kuva 1. eDNA:lla tarkoitetaan eliöiden ympäristöön levittämää DNA:ta. eDNA-näytteet kerätään vesi- tai maaympäristöstä, lumesta tai ilmasta. Myös perinteisillä biologisilla menetelmillä kerätyistä näytteistä voidaan määrittää lajisto morfologisen määrityksen sijaan DNA:n perusteella homogenisoidusta kokoonnäytteestä tai esimerkiksi näytteen säilönnässä käytetystä nesteestä. Näytteiden sisältämä DNA eristetään laboratoriossa. Eristämisen jälkeen DNA monistetaan polymeerasiketjureaktion avulla ja DNA:n emäsjärjestystä luetaan eli sekvensoidaan tarkoitukseen kehitetyillä laitteilla, sekvenssattoreilla. Massiiviseen rinnakkaissekvensointiin perustuvassa metabiivakoodauksessa yhdestä näytteestä määritetään jopa kymmenien tuhansien DNA-molekyylien emäsjärjestys. Saaduille sekvensseille haetaan vastaavuutta maailmanlaajuisista sekvenssitietokannoista. Näin voidaan saada selville lajit, jotka esiintyvät tutkimuksen kohteena olevassa ympäristössä sekä viitteitä lajien runsaussuhteista. Lajistotietoa voidaan hyödyntää sellaisenaan tai käyttää lähtötietona esimerkiksi elinympäristön ekologisen tilan luokituksessa.

Suomessa menetelmät ovat enimmäkseen kokeiluasteella – riistaeläinten ja vesieliöiden seuranta pisimmällä

Molekyylibiologisia seurantamenetelmiä kehitetään aktiivisesti ympäri maailmaa eri eliöryhmille ja ekosysteemeille, ja yksittäisiä menetelmiä on useissa maissa otettu myös rutiinikäyttöön. Suomessa menetelmiä on yliopistojen lisäksi kehitetty ja pilotoitu kaikissa keskeisissä ympäristön seurantaan koordinoivissa laitoksissa (SYKE, Luke, Luonnontieteellinen keskusmuseo, Metsähallitus, Ilmatieteen laitos, Terveystieteiden tutkimuskeskus, Ruokavirasto). Rutiinikäytössä menetelmät ovat vasta yksittäisten riista- ja kalalajien seurannassa (susi, kanadan- ja euroopanmajava sekä lohi) (kuva 2).

Biodiversiteetin, uhanalaisten lajien, vieraslajien (nisäkkäitä lukuun ottamatta) ja muiden haitallisten lajien kansallisessa seurannassa molekyylibiologisten menetelmien käyttö on vielä kokeiluasteella, ja kehittämishankkeiden ja asiantuntijuuden kenttä on hajanainen. Kokonaisten lajiyhteisöjen seuranta metaviivakoodausmenetelmillä ei Suomessa vielä ole otettu rutiininomaiseen käyttöön, mutta menetelmää on pilotoitu erityisesti vesieliöillä kuten plankton- ja päällyslevillä, pohjaeläimillä ja kaloilla.

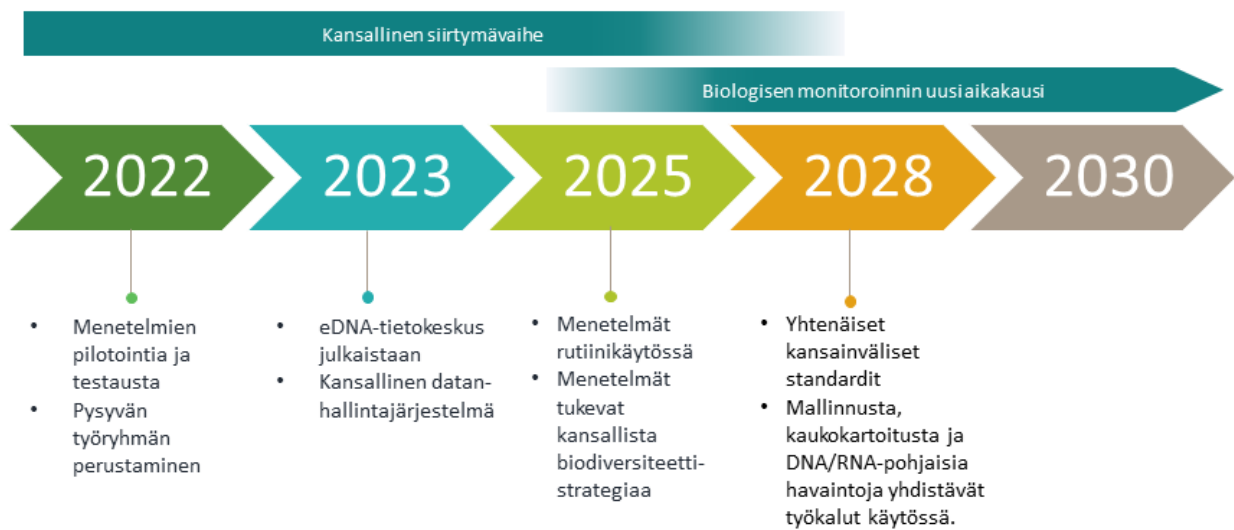
Luonnon ja ympäristön seurannan uusi aikakausi

Menetelmien nykytilan perusteella molekyylibiologiset menetelmät olisi mahdollista ottaa laajamittaiseen rutiininomaiseen käyttöön kansallisessa biologisessa seurannassa ennen vuotta 2030 (kuva 3). Samaan aikaan käyttöön tulee myös muita uuteen teknologiaan perustuvia menetelmiä: kaukokartoitus, automaattinen kuvan- ja äänentunnistus sekä muut tekoäly- ja koneoppimismenetelmät. Yhdessä uudet menetelmät tulevat mullistamaan luonnon ja ympäristön seurannan.

Perinteistä taksonomista seurantaan tullaan edelleen tarvitsemaan uusien menetelmien täydentämiseen ja todentamiseen sekä pitkien aikasarjojen jatkuvuuden varmistamiseen. Kansalaishavainnoilla tulee olemaan keskeinen rooli myös molekyylibiologisten aineistojen keräämisessä. Molekyylibiologisten aineistojen tulee olla perinteisten seuranta-aineistojen tavoin laajasti yhteiskunnan käytettävissä ja olla FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) -periaatteen mukaisesti helposti löydettävissä ja saavutettavissa sekä yhteentoimivia ja uudelleenkäytettäviä.



Kuva 2. Pohjaeläinnäytteenottoa metaviivakoodaukseen ja DNA-näytteenottoa majavan syömästä puusta.



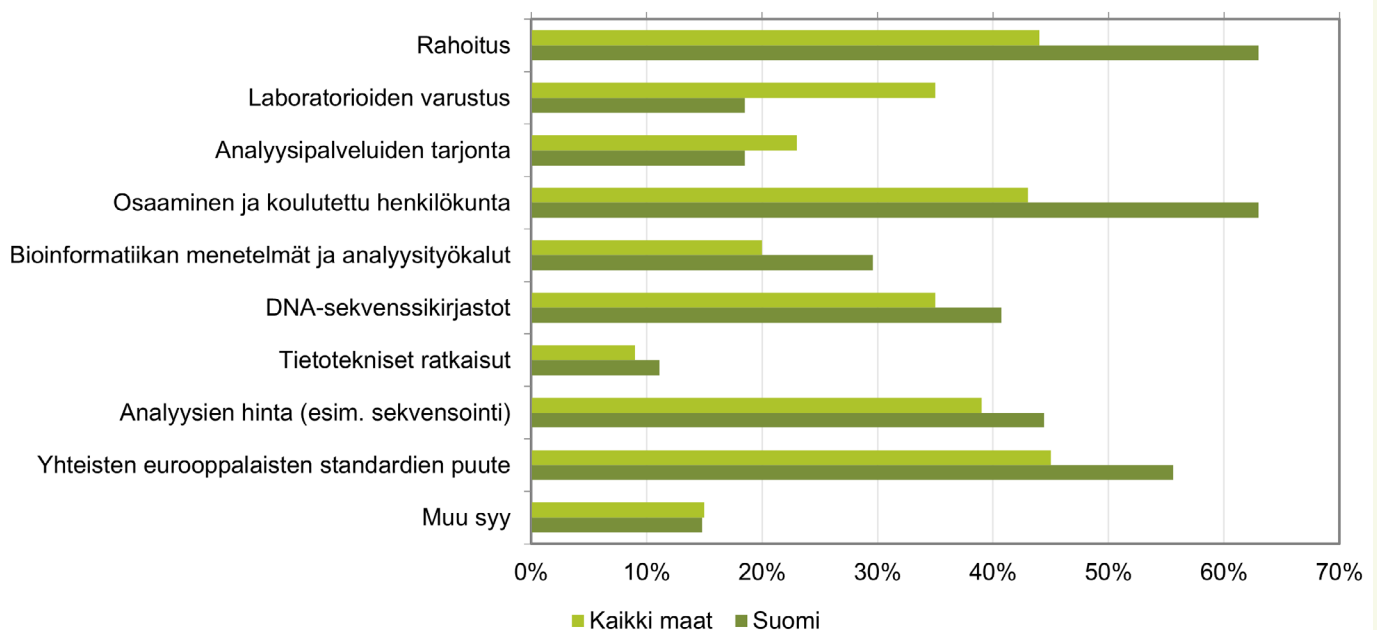
LÄHDE: SYKE

Kuva 3. Aikajana biologisen seurannan uuteen aikakauteen siirtymiselle.

Tärkeimmät kehityskohteet

Tiekarttahankkeessa kartoitettiin molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönoton haasteita kansainvälisen kyselytutkimuksen sekä kansallisten asiantuntijatyöpajojen avulla. Tulosten perusteella rahoituksen ja tiedon puutteet ovat keskeisimpiä molekyylibiologisten menetelmien käyttöönottoa tällä hetkellä rajoittavia

tekijöitä (kuva 4). Eri toimijoiden välinen verkostoitumien ja tiedonvaihto niin kansallisella kuin kansainväliselläkin tasolla, yhteiset kansainväliset menetelmästandardit, referenssikirjastojen, sekä erilaisten malli- ja analyysityökalujen kehittäminen ovat erittäin tärkeitä askelia matkalla menetelmien laajamittaiseen käyttöönottoon.



LÄHDE: SYKE

Kuva 4. Kansainväliseen kyselytutkimukseen vastanneiden 171 asiantuntijan näkemys molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönoton tärkeimmistä haasteista. Suomalaisten osuus vastaajista oli 19 % (32 vastaajaa).

Suosituksset toimenpiteiksi

- Molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönottoon tarvitaan rahoitusta. Koska menetelmät mahdollistavat paitsi luonnon monimuotoisuuden, myös luonnonvarojen, taudinaiheuttajien ja allergeenien seurannan, laaja rahoitusohjelma voitaisiin toteuttaa eri hallinnonalojen yhteistyönä (esim. ympäristöministeriö, maa- ja metsätalousministeriö, sosiaali- ja terveysministeriö, liikenne- ja viestintäministeriö).
- Verkostoituminen ja säännöllinen vuoropuhelu ovat välttämättömiä kansallisen ja kansainvälisen koordinaation mahdollistamiseksi ja tiedonvälityksen ja asiantuntijuuden vahvistamiseksi. Suosittelemme ympäristöministeriön asettamaa pysyvää työryhmää vastaamaan molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönoton koordinoinnista, kansallisen asiantuntijaverkoston toiminnan laajentamista sekä virtuaalisen eDNA-tietokeskuksen perustamista vuorovaikutuksen ja tiedonjaon tehostamiseksi.
- Uusien seurantamenetelmien tuottaman aineiston jakaminen ja hyödyntäminen yhteiskunnan eri sektoreilla edellyttää yhdessä sovittuja tieto- ja metatietostandardeja noudattavaa tiedonhallintajärjestelmää. Tiedonhallinnan tulee noudattaa avoimen tiedon ja tieteen periaatteita ja aineiston tulee olla sekä kansallisen että kansainvälisen yhteisön saatavilla ja käytettävissä myös ilman molekyylibiologian erityisosaamista.

Kirjoittajat: Veera Norros, Tiina Laamanen, Kristian Meissner, Petteri Vihervaara (Suomen ympäristökeskus SYKE)

Lähde: Norros, V., Laamanen, T., Meissner, K., Iso-Touru, T., Kahilainen, A., Lehtinen, S., Lohtander-Buckbee, K., Nygård, H., Pennanen, T., Ruohonen-Lehto, M., Sirkiä, P., Suikkanen, S., Tolkkinen, M., Vainio, E., Velmala, S., Vuorio, K. & Vihervaara, P. 2022. Roadmap for Implementing Environmental DNA (eDNA) and Other Molecular Monitoring Methods in Finland – Vision and Action Plan for 2022–2025. Suomen ympäristökeskus, Helsinki. Suomen ympäristökeskuksen raportteja 20/2022. <http://hdl.handle.net/10138/342992>

Lisätietoa: www.feosuomi.fi

Layout: Johanna Lönnqvist (SYKE)

Kannen kuva: Riku Lumiario (SYKE). Latvusnäytteiden ottamista eDNA tutkimuksiin.

Kuva 1: Vesitalous 5/2017 Molekyylibiologiset menetelmät tuovat uusia mahdollisuuksia vesien tilan seurantaan. Kristian Meissner, Marko Järvinen, Jukka Aroviita, Daniel Hering ja Florian Leese

Kuva 2 vasemmalta oikealle: Kristiina Vuorio (SYKE) ja Kaarina Kauhala (LUKE).

ISBN 978-952-11-5505-5 (PDF)



Ympäristöministeriö
Miljöministeriet
Ministry of the Environment

