

85

Kirsi Salonen

Suomen luonnon geneettinen monimuotoisuus

Valtakunnallinen hankekartoitus

85

Kirsi Salonen

Suomen luonnon geneettinen
monimuotoisuus

Valtakunnallinen hankekartoitus

Helsinki 1997

SUOMEN YMPÄRISTÖKESKUS

ISBN 952-11-0150-4
ISSN 1455-0792

Painopaikka: Oy Edita Ab
Helsinki 1997

Kuvailulehti

Julkaisija	Suomen ympäristökeskus	Julkaisu-aika marraskuu 1997						
Tekijä(t)	Kirsi Salonen							
Julkaisun nimi	Suomen luonnon geneettinen monimuotoisuus Valtakunnallinen hankekartoitus							
Julkaisun osat/ muut saman projektin tuottamat julkaisut								
Tiivistelmä	<p>Eläinten ja kasvien levinneisyysalueiden pohjoisille ääri-rajaille geneettisesti sopeutuneet suomalaiset kannat ovat biodiversiteetin kannalta arvokkaita. Muutamaa taloudellisesti merkittävää lajia lukuunottamatta Suomen luonnon geneettinen monimuotoisuus tunnetaan kuitenkin huonosti. Keskeisiä tutkimuskysymyksiä ovat geneettisen muuntelun merkitys luonnonkantojen elinkyvyille sekä geneettisten resurssien käyttö jalostuksessa ja viljelyssä. Tutkimukset elinympäristön muutosten vaikutuksesta populaatioiden geneettiseen rakenteeseen Suomessa ovat vasta alussa. Lohikalojen geneettisen monimuotoisuuden väheneminen on saanut enemmän huomiota. Pääpuulajeillamme kaikista tutkituista ominaisuuksista on löydetty runsaasti geneettistä muuntelua, mutta Suomessa hajanaisina pieninä esiintyminä kasvavat jalot lehtipuut ovat alustavien tutkimustulosten perusteella pääpuulajeja geneettisesti sekä vähemmän muuntelevia että huomattavasti erilaistuneempia. Suomen ympäristökeskuksessa (SYKE:ssä) kannattaisi selvittää ympäristöhallinnon valmiudet mm. muualla vähän tutkittujen uhanalaisten putkilokasvien geneettisen monimuotoisuuden tutkimiseen suojelestrategioiden suunnittelun tueksi. SYKE:ssä voitaisiin myös pohtia, miten jo muussa seurannassa olevat lajit soveltuvat geneettisen monimuotoisuuden seurantaan ja miten geneettinen diversiteetti olisi huomioitava ympäristönäytepankkia kehitettäessä. Olisi myös valmistauduttava ottamaan kantaa geneettiseen monimuotoisuuteen kohdistuviin mahdollisiin uhkiin, joita voi aiheutua niiden geeniteknikalla muunneltujen organismien (GMO) sovelluksista, joilla on Suomessa luonnonvaraisia sukulaisia.</p>							
Asiasanat	Geneettinen monimuotoisuus, perinnöllinen erilaistuminen, biodiversiteetti, luonnonsuojelugeneetiikka, geenivarat, seuranta							
Julkaisusarjan nimi ja numero	Suomen ympäristökeskuksen moniste 85							
Julkaisun teema								
Projektihankkeen nimi ja projektinumero								
Rahoittaja/ toimeksiantaja	Suomen ympäristökeskus							
Projektiryhmään kuuluvat organisaatiot	<table border="1"> <tr> <td>ISSN 1455-0792</td> <td>ISBN 952-11-0150-4</td> </tr> <tr> <td>Sivuja 51</td> <td>Kieli suomi (englanninkielinen yhteenveto)</td> </tr> <tr> <td>Luottamuksellisuus julkinen</td> <td>Hinta</td> </tr> </table>		ISSN 1455-0792	ISBN 952-11-0150-4	Sivuja 51	Kieli suomi (englanninkielinen yhteenveto)	Luottamuksellisuus julkinen	Hinta
ISSN 1455-0792	ISBN 952-11-0150-4							
Sivuja 51	Kieli suomi (englanninkielinen yhteenveto)							
Luottamuksellisuus julkinen	Hinta							
Julkaisun myynti/ jakaja	Suomen ympäristökeskus asiakaspalvelu puh. (09) 4030 0100 faksi (09) 4030 0190							
Julkaisun kustantaja	Suomen ympäristökeskus							
Painopaikka ja -aika	Oy Edita Ab Helsinki 1997							

Documentation page

Publisher	Finnish Environment Institute	Date November 1997												
Author(s)	Kirsi Salonen													
Title of publication	Research on genetic diversity of Finnish nature													
Parts of publication/ other project publications														
Abstract	<p>Finnish stocks of animal and plant species which have genetically adapted to the northern margin of their range are valuable to biodiversity. Except for some commercially important species, genetic diversity in Finnish nature is poorly known. The essential questions are the importance of genetic variation to vitality of populations and species and the use of gene resources in breeding and cultivation. Research based results on the effects of changes in environment to genetic structure of populations are almost non-existent in Finland. The loss of genetic diversity in salmonoids has aroused more attention. In the predominating forest tree species, Scots pine, Norway spruce and silver birch, the range of genetic variation is large in all examined traits but preliminary results indicate that the presently small and fairly isolated populations of noble hardwoods have less genetic variation and they are genetically more differentiated than predominating forest tree species. The Finnish Environment Institute should clarify the possibilities of environmental administration to investigate e.g. genetic diversity of endangered and little investigated vascular plants for the support of conservation strategy planning. The Finnish Environment Institute could also clarify how the species in other monitoring programmes are suited for monitoring of genetic diversity and how genetic diversity should be taken into account in the planning of environmental specimen banking. Necessary steps should be taken to prepare for assessing the risk to genetic diversity set by applications of genetically modified organisms (GMO) with their natural relatives in Finland.</p>													
Keywords	Key words: genetic diversity, genetic differentiation, biodiversity, nature conservation genetics, gene resources, monitoring													
Publication series and number	Suomen ympäristökeskuksen moniste 85													
Theme of publication														
Project name and number, if any														
Financier/ commissioner	Finnish Environment Institute													
Project organization	<table border="1"> <tr> <td>ISSN</td> <td>ISBN</td> </tr> <tr> <td>1455-0792</td> <td>952-11-0150-4</td> </tr> <tr> <td>No. of page</td> <td>Language</td> </tr> <tr> <td>51</td> <td>Finnish (English summary)</td> </tr> <tr> <td>Restrictions</td> <td>Price</td> </tr> <tr> <td>Public</td> <td></td> </tr> </table>		ISSN	ISBN	1455-0792	952-11-0150-4	No. of page	Language	51	Finnish (English summary)	Restrictions	Price	Public	
ISSN	ISBN													
1455-0792	952-11-0150-4													
No. of page	Language													
51	Finnish (English summary)													
Restrictions	Price													
Public														
For sale at/ distributor	Finnish Environment Institute Customer Service, tel. (09) 4030 0100 telefax (09) 4030 0190													
Financier of publication	Finnish Environment Institute													
Printing place and year	Edita Ltd, Helsinki 1997													

ALKUSANAT

Perinnöllistä monimuotoisuutta ja sen tutkimusta koskeva perustieto on tällä hetkellä maassamme hajallaan. Voidakseen ryhtyä tarvittaviin toimenpiteisiin perinnöllisen monimuotoisuuden säilyttämiseksi, suojelemiseksi ja seuraamiseksi Suomen luonnossa, ympäristöhallinto tarvitsee kokonaisnäkemyksiä Suomen luonnon perinnöllisen monimuotoisuuden tilasta, sitä ylläpitävistä prosesseista, käytöstä, sen uhista ja suojelutarpeista. Tämän vuoksi Suomen ympäristökeskus (SYKE) laati selvityksen sellaisesta suomalaisen luonnon geneettisen monimuotoisuuden tutkimuksesta, seurannasta sekä muusta toiminnasta, jolla voisi olla merkitystä mm. kehitettäessä geneettistä biodiversiteettiseurantaa. Helmi- toukokuussa 1997 hankittu raportin materiaali perustuu asiantuntijoiden kanssa käytyihin keskusteluihin, tutkimussuunnitelmiin, tiedotteisiin, kirjallisuuteen kuten julkaisuihin ja ympäristöhallinnon raportteihin sekä eri tahojen www-sivuihin. Raportissa on keskitytty pääasiassa luonnonvaraisiin eliöihin kohdistuviin tutkimuksiin, koska näistä eliöistä on olemassa kaikkein vähiten tietoa. Lyhyesti käsitellään kotieläinten ja viljelylajien geneettisen vaihtelun säilyttämisen tärkeyttä ja geeniteknikalla muunnettujen organismien mahdollista geneettistä diversiteettiä kaventavan vaikutuksen ehkäisyyn liittyviä tutkimuksia. Geneettistä tutkimusta, seuranta ja muuta toimintaa koskeva hankekohtainen tieto on pitänyt pitkälti kerätä lähes käsityönä. Hankkeiden kuvaukset vaihtelevat laajuudeltaan ja tarkkuudeltaan, riippuen mm. siitä, onko hankevastaava ollut tavoitettavissa vai onko ollut pakko tyytyä esim. kirjallisuudesta löytyneeseen lyhyeen hankekuvaukseen. Toivottavasti epätasaisuudesta huolimatta raportista on hyötyä niille, jotka tarvitsevat suunnittelun pohjaksi tietoa geneettisen diversiteetin alalla maassamme tapahtuvasta toiminnasta.

Kiitän kaikkia haastattelemiani henkilöitä niin ympäristöhallinnossa kuin yliopistoissa ja muissa tutkimuslaitoksissa. SYKEN kirjaston palvelu on ollut erinomaista. Suurin kiitos kuuluu Irina Bergströmille Suomen ympäristökeskuksesta. Raportin laatiminen oli hänen ajatuksensa ja sen valmisteluvaiheessa hänen tukensa oli tärkeä. Kiitän myös Suomen ympäristökeskuksessa työskenteleviä Marja Ruohonen-Lehtoa ja Kirsi Törmäkangasta kommentista ja tämän raportin käsikirjoitukseen tekemistä korjausehdotuksista.

SISÄLLYS

ALKUSANAT	5
1. JOHDANTO	9
1.1. Eliölajien yksilöiden perinnöllinen erilaisuus tulevaisuuden takeena	9
1.2. Geneettisen muuntelun muodostumisesta	10
1.3. Geneettisen monimuotoisuuden tutkimusmenetelmistä	12
1.4. Geneettisen monimuotoisuustutkimuksen edistäminen	13
2. ELÄINTEN GENEETTISEEN MUUNTELUUN LIITTYVIÄ TUTKIMUKSIA	15
2.1. Kalojen geneettisen muuntelun väheneminen on huolestuttavaa	15
2.1.1. Itämeren lohella on vähemmän geneettistä muuntelua kuin Atlantin lohella	16
2.1.2. Taimenkantojen perinnöllinen rakenne kantojen suojeluarvon määrityksessä	17
2.1.3. Saimaanlohella on vähän geneettistä muuntelua toisin kuin kirjolohella ja muikulla	19
2.1.4. Siikojen lajikysymys geneettisten tutkimusten valossa	19
2.2. Riistalajien geneettisen monimuotoisuuden hoito ja suurpetojen geneettinen muuntelu	19
2.3. Uhanalaisten eläinten geneettiseen muunteluun liittyviä tutkimuksia	21
2.3.1. Saimaannorpan perinnöllinen muuntelu	21
2.3.2. Kiljuhanhen Skandinavian populaatioiden asema	22
2.3.3. Uhanalaisten lajien populaatorakenne: täpläverkkoperhonen	22
2.3.4. Uhanalaisten eläinlajien säilyttäminen pakastamalla niiden sukusoluja ja alkioita	23
2.4. Elinympäristön vaikutus eläinpopulaatioiden geneettiseen rakenteeseen	23
2.4.1. Metsien pirstoutumisen vaikutus taigalajien geneettiseen rakenteeseen	23
2.4.2. Maantieteellisesti eristyneiden populaatioiden elinkyky ja niiden luonnonsuojelullinen arvo	24
2.4.3. Biodiversiteetin nopea vaihtelevuus Itämeren saaristossa	24
2.5. Geneettiset tuntomerkit lajiversiteetin kartoituksessa	25
2.5.1. Luteiden ja kemprien karyosystematiikka	25
2.5.2. Taksonomia, fylogenisuhteet ja lajiutumisen <i>Galerucella</i> -lehtikuoriaissuvussa	25
2.5.3. Reliktiäyriäis- ja Itämeren simpukkapopulaatioiden geneettinen erilaistuminen	26
2.5.4. Geenituntomerkit kertovat Pohjolan luonnon historiasta	26
3. GENEETTISEN MONIMUOTOISUUDEN TUTKIMUKSIA KASVEILLA	27
3.1. Pääpuulajien geneettinen monimuotoisuus on laajaa	27
3.1.1. Pääpuulajien geenivarojen säilyttäminen	28

3.2. Sivupuulajien geneettinen tutkimus.....	29
3.2.1. Jalojen lehtipuiden metsiköt ovat geneettisesti pääpuulajiemme populaatioita erilaistuneempia	29
3.2.2. Jalojen lehtipuiden perimän suojeleminen.....	30
3.2.3. Pajukasvit - pohjoisten alueiden biodiversiteetin rikastuttajat.....	31
3.3. Mansikan, karpalon, puolukan ja lakan geneettisestä muuntelusta.....	31
3.4. Geneettisen muuntelun määrä alueellisesti uhanalaisella mäkitervakolla	32
3.5. Pahtakeltto (<i>Crepis tectorum</i>) -alajien geneettinen erilaistuminen.	32
3.6. Geneettinen muuntelu merkkigeneissä ja kvantitatiivisissa ominaisuuksissa lituruohon luonnonpopulaatioissa.....	33
3.7. Rantavehnan tienvarsien alhaiseen suolapitoisuuteen sopeutumisen geneettinen tausta	33
3.8. Geneettistä muuntelua kartoitetaan ahvenvidalla, hevонhierakalla, aho- ja niittysuolaheinällä.....	34
3.9. Molekyyligeneettiset menetelmät sanikkaisten ja sammalien biodiversiteettitutkimuksissa.....	34
3.10. Koivun versojen ja lehtien sieniyhteisön diversiteetti	35
4. MIKROBIEN MONIMUOTOISUUDEN TUTKIMUS.....	35
5. SUOMALAISTEN KOTIELÄINTEN JA VILJELYKASVIEN PERINNÖLLISEN MONIMUOTOISUUDEN SUOJELU	36
5.1. Kulttuuri yhdenmukaistuu - monimuotoisuus vähenee	36
5.2. Kotieläinlajien perinnöllinen monimuotoisuus pitää turvata.....	38
6. IHMINEN MUUTTAA LUONTOA: VIERAAT LAJIT JA GEENITEKNIKALLA MUUNNETUT ORGANISMIT GENEETTISEN DIVERSITEETIN UHKANA	38
7. JOHTOPÄÄTÖKSET JA YHTEENVETO.....	40
SUMMARY	43
KIRJALLISUUS.....	46

1. JOHDANTO

1.1. Eliölajien yksilöiden perinnöllinen erilaisuus tulevaisuuden takeena

Käsite biologinen monimuotoisuus viittaa elollisessa maailmassa esiintyvään vaihteluun. Sillä tarkoitetaan kaiken maapallon elämän, kasvien, eläinten sekä mikro-organismien ja niiden elinympäristöjen monimuotoisuutta. Tämä monimuotoisuus eli biodiversiteetti ei ole sattumanvaraista, vaan se on järjestäytynyt toimiviksi kokonaisuuksiksi useilla eri tasoilla. YK:n ympäristö- ja kehityskonferenssissa Riossa 1992 biologinen monimuotoisuus jaettiin jo aiemmin vakiintuneen käytännön mukaisesti kolmeen tasoon: ekosysteemien monimuotoisuuteen, lajien monimuotoisuuteen tietyllä alueella eli lajirikkauteen, ja perintötekijöiden eli geenien monimuotoisuuteen (Ympäristöministeriö ja ulkoasiainministeriö 1993).

Eri eliöryhmien ja lajien väliset erot ovat pohjimmiltaan perinnöllisiä. Vaihtelua näissä esiintyy mm. solukohtaisissa DNA-määrissä. Geenien lukumäärän lisäksi niin kromosomien lukumäärä kuin rakennekin vaihtelee lajikohtaisesti. Lajin yksilöiden väliset erot johtuvat perintötekijöistä tai ympäristötekijöistä tai kummastakin. Varsinaisesti geneettisellä muuntelulla tarkoitetaan perintötekijöistä, geeneistä, johtuvia lajin yksilöiden välisiä eroja ja niiden kykyä tuottaa uusia tyyppisiä seuraavaan sukupolveen. Perintötekijöiden muuntelua voidaan tarkastella lajin, alalajin sekä populaation sisällä tai niiden välillä. Maailman erilaisten eliölajien kaikki yksilöt, identtisiä kaksosia, kolmosia jne. ja mahdollisia klooneja lukuunottamatta, ovat perimältään keskenään erilaisia. Saman lajin yksilöillä on kyllä kaikilla samat geenit, mutta näistä geeneistä niillä on omat alleelikoosteensa. Alleelit ovat geenin eri vaihtoehtoisia muotoja. Laajalle levinneet lajit muodostuvat lisäksi useasta populaatiosta (samaa aikaan samalla paikalla elävistä saman lajin yksilöistä), joiden geenipoolit, geenistön koostumukset, voivat olla maantieteellisesti erilaisia.

Populaation sanotaan olevan geneettisesti monimuotoinen eli polymorfinen, jos siinä esiintyy säännöllisesti ja samanaikaisesti kaksi tai useampia toisistaan selvästi erottuvia periytyviä muunnoksia tai genotyyppisiä (yksilön kaikkien perintötekijöiden kokonaisuuksia). Vaihtelun mittana käytetään tavallisimmin muuntelevien lokusten (geenin paikka kromosomissa) osuutta tutkituista lokuksista, keskimääräistä heterotsygotia-astetta ja alleelien lukumäärää lokuksissa. Lisäksi lasketaan alleelien frekvenssit populaatioissa. Esimerkiksi metsikön geneettinen monimuotoisuus on suuri, jos siellä on paljon eri alleleja (saman geenin eri vaihtoehtoisia muotoja) ja paljon heterotsygotteja (eriperintäisiä) yksilöitä. Populaatioiden välisen muuntelun osuus havaitusta kokonaisuunneltusta kuvastaa niiden välistä erilaistumista. Populaatioiden välisen muuntelun mitta on niiden välinen perinnöllinen etäisyys tai siitä johdettu tunnusluku. Sitä kuvataan usein dendrogrammilla. Perinnöllisten erojen perusteella voidaan määrittää populaatioiden alkuperäisyyttä ja ainutlaatuisuutta. Perinnöllisen muuntelun määrän avulla voidaan arvioida populaatioiden kehityksellisiä edellytyksiä ja kykyä sopeutua uusiin ympäristöihin.

Perinnöllinen monimuotoisuus on evoluution perusta. Se on tarjonnut vaihtelevuutta, johon perustuvat populaatioiden nykyiset sopeutumukset ympäristöönsä, kuten Suomen lämpö- ja valaistusolosuhteisiin. Jalostuskaan ei etene ilman jalostettavan ominaisuuden perinnöllistä muuntelua. Viljelykasvien ja kotieläinten kehittyminen ja jalostaminen ovat olleet mahdollisia vain koska luonto on tarjonnut riittävästi materiaalia sopivien geenien valitsemiseksi. Myös puiden perinnöllinen vaihtelu on metsäjalostuksen perusta. Perinnöllisen muuntelun merkitys korostuu muuttuvissa olosuhteissa, sillä se puskuroi populaatiot ympäristön muutoksia vastaan. Monet ihmisen aiheuttamat ympäristön muutokset kuten saastuminen, ekosysteemien pirstoutuminen ja viljelylajikevalikoiman yhdenmukaistuminen, voivat johtaa perinnöllisen monimuotoisuuden vähenemiseen ja edelleen lajien ja populaatioiden elinkyvyn heikentymiseen. Geneettisen vaihtelun vähetessä menetetään samalla mahdollisuuksia geenivarojen hyödyntämiseen.

1.2. Geneettisen muuntelun muodostumisesta

Vaikka perinnöllisyys säätelee eliöiden ominaisuuksien säilymistä sukupolvesta toiseen, se myös muuttaa niitä. Periytyvän mekanismin sisältänyt elämän monimuotoisuus. Suuri osa perinnöllistä muuntelusta syntyy suvulliseen lisääntymiseen liittyvästä alleelien uudelleen järjestäytymisestä, rekombinaatiosta, sukusolujen muodostuessa. Koska kahden perimältään erilaisen sukusolun yhdistyminen tuottaa populaatioon yksilöitä, joissa on uusia alleeliyhdistelmiä, ristisiitos yleensä lisää ja sisäsiitos vähentää muuntelua. Muuntelua lisää myös geenivirta, populaatiosta toiseen risteytymissä tai sukusoluissa siirtyvä perintöainees. Pääasiassa suvuttomasti lisääntyvät lajit sopeutuvat muuttuviin oloihin, perinnöllisen muuntelun vähäisyydestä johtuen, huomattavasti suvullisesti lisääntyvät.

Mutaatiot ovat kaiken geneettisen muuntelun perimmäinen lähde. Mutaatio, pysyvä muutos solun perinnöllisessä rakenteessa, voi tapahtua geenissä tuottaen tästä uusia alleeleja, tai se voi tapahtua kromosomitasolla. Myös kromosomien rakenne tai lukumäärä saattaa muuttua. Vaikka normaalioloissa niiden merkitys uuden perinnöllisen muuntelun aiheuttajana yhden tai muutaman sukupolven aikana on lähes merkityksettömän pieni, niillä on merkittävä osuus eliöiden vähittäiseen kehittymiseen ja sopeutumiseen. Suvuttomassa lisääntymisessä mutaatiot ovat yleensä ainoa perinnöllistä muuntelua tuottava tekijä.

Luonnonvalinta ohjaa uuden mutaation, kuten erilaisten geeniyhdistelmienkin, kohtaloa seuraavissa sukupolvissa niiden merkityksestä ja vaikutusasteesta riippuen. Valinnan suuntaava vaikutus näkyy hyvin adaptiivisissa ominaisuuksissa. Luonnossa esiintyvien ja keskenään lisääntyvien yksilöiden muodostamat populaatiot sisältävät tietyn geenipoolin, kokoelman geneejiä, niiden muunnelmia ja yhdistelmiä. Koska vallitseviin oloihin parhaiten sopeuttavia alleeliyhdistelmiä omaavat yksilöt saavat keskimääräistä muita enemmän jälkeläisiä, ko. alleeliyhdistelmät yleistyvät populaatiossa muiden yhdistelmien kustannuksella. Vähitellen populaatioiden geenipooli muuttuu ympäristön asettamien valintapaineiden vaikutuksesta. Paikalle muodostuu geneettisesti sopeutunut kanta. Joskus sopeutuminen voi käydä nopeastikin (esim. teollisuusmelanismi, antibiooteille resistentti bakteerikanta ja torjunta-aineille resistentit tuholaislajit), mutta jos ympäristömuutokset (esim. ilmaston lämpenemisestä johtuen) ovat niin nopeita, ettei

perinnöllistä sopeutumista ehdi tapahtua, seurauksena voi olla populaation kuolema. Ihmisen aiheuttamien muutosten nopeus verrattuna esim. puiden sukupolven kierron pituuteen on huolestuttavaa. Koska ympäristön muuttuessa ennalta ei voi tietää, minkälaisia yksilöiden tulisi olla, erittäin tärkeää on geneettisen vaihtelun määrä ns. neutraaleissa alleeleissa. Neutraalit alleelit vaikuttavat vallitsevissa olosuhteissa samalla tavalla eliöiden elinkykyyn ja käyttäytymiseen. Vaihtelun määrä niissä kuvastaa lajin tai populaation evolutiivista potentiaalia, kykyä sopeutua muuttuviin olosuhteisiin.

Luonnonvalinta ei kuitenkaan aina eliminoi haitallista geeniä. Haitallinen geeni voi nimittäin johtaa tietyissä ympäristöolosuhteissa heterotsygootin valintaetuuksiin, mikä lisää sen esiintymistiheyttä. Ylidominanssiteorian mukaan jälkeläinen, joka on saanut vanhemmiltaan erilaiset alleelit (heterotsygootti), on alleelisen monimuotoisuutensa takia kelpoisuudeltaan (fitness) parempi kuin kumpikaan homotsygootti (samaperintäinen). Dominanssiteorian mukaan kummassakin vanhemmassa on homotsygoottisena huonoja väistyviä (resessiivisiä) alleeleja, jotka alentavat yksilön kelpoisuutta. Heterotsygooteilla risteytysjälkeläisellä nämä vähemmän edulliset alleelit peittyvät vallitsevien (dominoivien) "normaali" alleelien alle, joten niillä on paras mahdollinen kelpoisuus. Vaikka sekä ylidominanssiteoriaa että dominanssiteoriaa on pitkään esitetty heteroosi-ilmion (risteytysjälkeläinen on kumpaakin vanhempaansa parempi) taustaksi, ei olla vielääkään täysin selvillä kuinka suuri osuus niillä on perinnöllisen muuntelun ylläpidossa (Savolainen 1996). Koska heterotsygooteissa yksilöissä resessiiviset haitalliset alleelit pysyttelevät piilossa, kunnes tulevat esille homotsygoituessaan esimerkiksi sukusiitoksen yhteydessä, niiden karsiutuminen populaatiosta on tehotonta ja ne jäävät geneettiseksi taakaksi. Huomionarvoista on, että populaatiossa haitallisen resessiivisen alleelin yleisyys voi olla huomattavasti suurempi kuin sitä ilmentävien yksilöiden määrä ns. alleelisuhteiden tasapainosäännön eli Hardy-Weinbergin lain mukaan.

Pienissä populaatioissa sattuma on luonnonvalintaa tärkeämpi evoluutiogeneettinen tekijä. Edullinenkin alleeli saattaa sattuman seurauksena hävitä kokonaan populaatiosta tai haitallinen alleeli rikastua siinä. Sattuman vaikutus geenien ja niiden erilaisten yhdistelmien kohtaloon on merkittävä populaatioissa, joissa lisääntymiseen osallistuvia yksilöitä on vähän ja geenien kulkeutuminen, geenivirta, populaatioiden välillä on vähäistä. Sattuma voi vaikuttaa populaation kehitykseen myös silloin, kun muutama yksilö asuttaa uuden elinalueen. Esimerkkinä mainittakoon, että suomalaisten ihmisten tautiperinnön omaleimaisuuden arvellaan johtuvan tällaisesta perustajavaikutuksesta, siitä että Suomenniemen asuttaneiden esivanhempiemme määrä on ollut pieni. Tätä erilaistumista on pitänyt yllä eristyneisyys, isolaatio. Luoteis-Eurooppa on likipitään saaren kaltainen niemimaa, jota yhdistää Euraasian mantereeseen vain kapeat maakannakset, joka on saattanut aiheuttaa myös tänne levinneiden eliöpopulaatioiden eristymistä ja samalla niiden perimän erilaistumista.

Lajien ja kantojen perinnöllisen muuntelun määrä on siis voimakkaasti riippuvainen koko lisääntyvän kannan populaatiokoosta. Koska populaatiokoon romahtaessa menetetään aina myös osa perimän muuntelusta, erilaisista geenimuodoista ja niiden yhdistelmistä, riittävän suurien yksilömäärien ylläpitäminen on tärkeää. Populaation väliaikaisellakin pienenemisellä voi olla pysyvä haitallinen vaikutus sen perinnölliseen rakenteeseen. Mahdollisten sattumanvaraisten geenifrekvenssien muutosten lisäksi pienestä populaatioiden yksilömäärästä seuraa myös sukusiitoksen lisääntyminen. Vakavia pullonkaulatilanteita läpikäyneiden lajien geneettinen muuntelu voi olla vähäistä, vaikka lajit nykyään olisivatkin laajalle levinneitä. Pienessäkin populaatiossa

geneettinen muuntelu voi tosin olla runsasta, jos populaatio on pienentynyt vasta hyvin vähän aikaa sitten. Todennäköisesti sen geneettinen muuntelu kuitenkin pienenee nopeasti. Lajitasolla muuntelun määrä voi kuitenkin olla korkea, vaikka populaation sisäinen muuntelu olisikin vähäistä, jos populaatioiden erilaistuminen on merkittävää (mm. Hamrick ym. 1992).

1.3. Geneettisen monimuotoisuuden tutkimusmenetelmistä

Pohjimmiltaan kaikki geneettinen muuntelu johtuu eroista DNA-juosteen emäsjärjestyksessä eli DNA-sekvenssissä. DNA-sekvenssissä tapahtuneita muutoksia voidaan selvittää eri tasoilla erilaisten esim. morfologisten, sytogeneettisten, entsyymigeneettisten ja DNA-tason geenituntomerkkien avulla. Perinteisesti geenituntomerkkeinä on käytetty morfologisia ominaisuuksia. Niiden havainnointi on teknisesti melko helppoa, mutta niiden avulla voidaan havaita vain vähän vaihtelua. Ihmisten ulkonäössä on helppo havaita eroja yksilöiden välillä, mutta saman järven muikut näyttävät kaikki keskenään samanlaisilta. Lisäksi suuren osan morfologisesta muuntelusta arvellaan olevan polygeenistä ts. ominaisuuden kehittymiseen vaikuttavat useat geenit, eikä yksittäisen geenin ja ympäristön vaikutusta fenotyyppiin eli ilmiasuun voida erottaa. Vain osa morfologisesta muuntelusta johtuu yhdestä tai muutamasta geenistä. Monet evoluution ja geeniresurssien hyödyntämisen kannalta tärkeät ominaisuudet ovat usein ns. kvantitatiivisia ominaisuuksia, joiden tutkimisen vaikeutena on erottaa geneettinen muuntelu ympäristön vaikutuksesta. Niiden työläs tutkiminen voi perustua esim. ehdokasgeenien (candidate gene) tutkimiseen tai merkkigeenien ja geenikarttojen käyttöön.

Tällä hetkellä ehkä suosituin ja kustannustehokkain lähestymistapa neutraalin perinnöllisen muuntelun määrään arvioinnissa on entsyymielektroforeesi, jolla saadaan selvitettyä yksittäisten geenien tuotteiden, entsyymien, rakenteessa ilmeneviä eroja. Proteiineina entsyymit ovat geenien primaarituotteita, jotka sisältävät tietyn geenin koodaavien alueiden informaation. Jos tietyn geenilokuksen alleelien entsyymituotteet isoentsyymit ovat eri tavoin sähköisesti varautuneita tai huomattavan eri muotoisia, niiden liikkuvuus geelillä entsyymielektroforeesissa on erilainen. Värjättäessä ne näkyvät erillisinä juovina geelillä. Entsyymigeenit ovat otos kokonaisgenomista ja niiden muuntelujen tasojen oletetaan yleisesti kuvastavan kokonaisgenomin muuntelun tasoja jossain tietyssä suhteessa. On kuitenkin muistettava, että vaikka entsyymigeenien perusteella populaatioiden erilaistuminen olisikin vähäistä, voivat eri alkuperät olla adaptiivisten ominaisuuksien suhteen hyvinkin erilaistuneita.

DNA-teknologia on tuonut uusia mahdollisuuksia geneettisen diversiteetin tutkimukseen. Genomiin tarkasti paikannettuihin DNA-jaksoihin DNA-merkkeihin, kuten esim. ns. DNA-sormenjälkiin, sisältyy erittäin korkea informaatiopotentiaali, koska ne perustuvat suoraan DNA-sekvenssissä oleviin eroihin. Lisäksi perimän vaihtelevuus eli polymorfia on DNA-tasolla huomattavasti suurempaa kuin esimerkiksi proteiinitasolla. Tuman genomien lisäksi voidaan tutkia erikseen soluorganellien genomeja (mitokondriot, kloroplasti), jotka periytyvät vain toisen vanhemman kautta. Mitokondrioiden DNA:n (mtDNA) välittämä periytyminen on aina maternaalista eli se tapahtuu vain munasolun kautta. Kasvien viherhiukkas-DNA:n eli kloroplasti-DNA:n (cpDNA) periytyminen voi olla lajista riippuen paternaalista eli isän kautta tapahtuvaa tai maternaalista. Populaatioanalyysit ja neutraalin geneettisen vaihtelun mittaaminen ovat DNA-

menetelmillä entistä tarkempia, ja niihin ollaan enenevässä määrin siirtymässä. Käytännössä geenitestin näytteeksi tarvitaan vain vähän materiaalia, esimerkiksi karvatukko tai tippa verta riittää. DNA säilyy hyvin, joten museoidenkin eläinnäytteistä on pystytty eristämään DNA:ta.

Soveltavassa tutkimuksessa DNA-tekniikat eivät vielä välttämättä ole kilpailukykyisiä isoentsyymitutkimusten kanssa silloin, kun isoentsyymimuuntelun määrä on lajitasolla riittävä. Vaikka DNA-tekniikoiden analyttinen erottelukyky on isoentsyymejä parempi, saattavat ne vertailussa hävitä ajankäytöltään ja kustannuksiltaan isoentsyymeille. Alustavat tutkimukset geneettisen rakenteen selvittämiseksi kannattaakin mahdollisesti aloittaa tutkimalla entsyymigeenejä (Mattila 1994). Koska monilla nisäkkäillä proteiineissa esiintyy yksilöiden välillä niukasti muuntelua, perinnöllisen muuntelun arvioinnin pitää tapahtua muilla menetelmillä (Kolehmainen ym. 1995 - 96). Monien eliöiden neutraalin geneettisen vaihtelun alustavissa tutkimuksissa kohdeominaisuuksia voivat olla myös kromosomeissa nähtävät rakennepolymorfismit.

Neutraaleja ominaisuuksia käytetään koko genomia koskevien arvioiden tekemiseen, esimerkiksi arvioitaessa geneettisen muuntelun määrää ja populaatioiden geneettistä rakennetta. Geenituntomerkkien avulla voidaan selvittää populaatioiden eristyneisyyttä, geenivaihtoa ja sukusiitosta. Nykyisen populaatiodynamiikan tutkimuksen sekä perhe- ja sukulaisuussuhteiden selvittämisen lisäksi niitä voidaan käyttää lajidiiversiteetin karitoitukseen. Perimän vaihtelevien alueiden muuntelun analysoinnilla voidaan selvittää myös mm. lajinsisäistä historiaa, lajien sukulaisuutta, ikää ja kehitysvaihetta.

1.4. Geneettisen monimuotoisuustutkimuksen edistäminen

Perintötekijöiden monimuotoisuuden suojeleminen, kestävä käyttö sekä perintöaineksen käytöstä saatavien hyötyjen oikeudenmukainen jako kuuluvat YK:n ympäristö- ja kehityskonferenssin luonnon biologista monimuotoisuutta koskevan yleissopimuksen tavoitteisiin. Sopimus velvoittaa sopimuspuolia selvittämään alueensa perinnöllisen monimuotoisuuden tilan ja sen seurannan. (Työryhmän mietintö 1995). Perinnöllisen monimuotoisuuden tilan selvittäminen, seuraaminen ja säilyttäminen sisältyy myös luonnonsuojelulain henkeen. Luonnonsuojelulain tavoite, eliölajien suotuisan suojelutason saavuttaminen ja säilyttäminen ts., että laji pystyy pitkällä aikavälillä säilymään elinvoimaisena (Luonnonsuojelulaki 1096/96 5 §) edellyttää nimittäin riittävää geneettistä monimuotoisuutta. Ympäristöministeriön biodiversiteettityöryhmän raportissa todetaan, että yhtä tärkeää kuin lajien suojeleminen on ylläpitää lajien sisäistä geneettistä monimuotoisuutta (Työryhmän mietintö 1995). On muistettava, että lajien perinnöllisesti erilaistuneet kannat ovat myös olennainen osa biologista monimuotoisuuttamme. Eliöitä ja niiden perimää tulee ensisijassa suojella niiden luontaisilla esiintymispaikoilla (*in situ*) esim. rauhoituksin ja suojelualueita perustamalla ja vasta toissijaisesti *ex situ* -suojeleminen keinoilla. *Ex situ* -suojeleminen on eliölajien ja niiden geenivarojen ylläpitoa niiden alkuperäisten elinympäristöjen ulkopuolella eläintarhoissa, eläinpuistoissa, kasvitieteellisissä puutarhoissa, puulajipuistoissa, akvaarioissa sekä geeni- tai siemenpankeissa. Koska esimerkiksi eläintarhat eivät pysty säilyttämään riittävää määrää lajeille ominaista geneettistä vaihtelua, suojelualueilla on korvaamaton merkitys (Työryhmän mietintö 1995). Geneettisen monimuotoisuuden suojeleminen ja ylläpidon

kysymyksiä Pohjoismaissa on pohdittu mm. Pohjoismaiden ministerineuvoston luonnonsuojelu- ja ulkoilutyöryhmän raportissa (Nordisk Ministerråd 1994). Siinä käsitellään pienten pirstoutuneiden populaatioiden genetiikkaa, *in situ*- ja *ex situ*-suojelua, vieraiden lajien ja geeniteknisesti muunnettujen organismien mukanaan tuomia ongelmia.

Geneettiseen monimuotoisuuteen suuntautuva tutkimus on Suomessa vilkastumassa mm., koska Suomen Akatemian johdolla on valmisteltu biodiversiteettitutkimusohjelma 1997 - 2002 (Suomen Akatemia 1996). Suomen mittakaavassa poikkeuksellisen laaja, monitieteinen luonnon biologista monimuotoisuutta selvittävä tutkimusohjelma käynnistyi toukokuussa 1997. Sen rahoitus pohja on myös poikkeuksellisen laaja: mukana ovat Suomen Akatemian ohella Teknologian tutkimuskeskus TEKES, useat eri ministeriöt (liikenne-, maa- ja metsätalous-, ulkoasiain- sekä ympäristöministeriö), Maj ja Tor Nesslingin Säätiö, Metsäteollisuus ry ja Maa- ja metsätaloustuottajain Keskusliitto MTK ry. Toistaiseksi on tehty rahoituspäätökset koskien ohjelman ensimmäistä kolmivuotiskautta 1997 - 1999. Biodiversiteettitutkimusohjelman koordinaatiosta vastaa Turun yliopiston biologian laitos (Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Perinnöllinen muuntelu, sitä ylläpitävät ja uhkaavat prosessit sekä geenivarojen suojelu ovat keskeisiä tutkimusaiheita biodiversiteettitutkimusohjelmassa (Suomen Akatemia 1996). Geeniresurssien hyödyntäminen edellyttää niiden suojelua ja tallentamista. Sekä *in situ*- että *ex situ*-tallentamismenetelmien tutkimus kuuluu ohjelman piiriin. Niinikään geenivarojen käyttöoikeuteen liittyvät kysymykset kuuluvat ohjelmaan. Perintöaineksen käyttöoikeudet määrittelee kansallinen lainsäädäntö. Koska Suomen lainsäädännössä ei ole säännöksiä maamme luonnosta peräisin olevan geeniaineksen omistusoikeudesta, esimerkiksi rauhoittamattomien kasvien kerääminen ja niiden kaupallinen hyväksikäyttö myös geeniaineesta hyväksikäyttäen on vapaata myös ulkomaalaisille. Biodiversiteettitutkimusohjelmassa todetaan vielä, että uudet menetelmät ja niiden sovellukset ovat keskeisiä aiheita monimuotoisuuden suojelussa tutkimuksen kannalta. Biodiversiteettitutkimusohjelman puitteissa geneettiseen diversiteettiin liittyviä tutkimuksia käynnistyy useissa maamme yliopistoissa ja tutkimuslaitoksissa.

Suomen Akatemia ja TEKES ovat myös julistaneet haettavaksi geenitutkimusohjelman (Genome Research Programme) määrärahat 15.9.1997 mennessä. Ohjelma tukee sekä perustutkimusta että soveltavaa tutkimusta mm. seuraavilla teema-alueilla: geenikartoitus, geenin toiminnan ja merkityksen tutkimus ja populaatiogenetiikka, joka kohdistuu geenien evoluutioon ja eliöiden sopeutumiseen ääriolosuhteisiin (Suomen Akatemia 1997).

Tutkimuksen lisäksi ympäristögenetiikan alalla on muutakin toimintaa. Esimerkiksi Oulun yliopistossa syyslukukaudella 1996 järjestettiin kolmen opintoviikon kurssi molekyyli evoluution ja -ekologian menetelmistä (johtajana Savolainen), jolla oli merkittäviä ulkomaisia opettajia ja osallistujia Suomen kaikista yliopistoista. Tammi-kuussa 1997 järjestettiin Oulungan biologisella asemalla lohikalojen populaatiogenetiikkaa koskeva symposio, jossa oli osallistujia kaikkialta Suomesta ja lisäksi Virossa ja Ruotsista (Lumme 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Varsinaisesti geneettisen diversiteetin seuranta ei ole järjestetty, mutta esim. Suomen ympäristökeskuksen yöperhosseurannassa on kuitenkin kiinnitetty huomiota geneettiseen diversiteettiin. Seurannassa havainnoidaan perhosten erilaisia värimuotoja, joista eräiden genetiikka tunnetaan (Söderman ym. 1997).

2. ELÄINTEN GENEETTISEEN MUUNTELUUN LIITTYVIÄ TUTKIMUKSIA

Eläinten geneettistä muuntelua on tutkittu eniten kaloilla. Siksi Itämeren loheen, taimeniin, kirjoloheen, saimaanloheen, muikkuun ja siikoihin kohdistuvia geneettisiä tutkimuksia käsitellään tässä raportissa ensimmäisenä. Seuraavaksi pohditaan metsästyksen, siirtoistutusten ja elinympäristön pirstoutumisen mahdollisia vaikutuksia riistalajien geneettiseen monimuotoisuuteen. Ainakin eräissä hirven, metsäpeuran ja valkohäntäpeuran geneettisissä tutkimuksissa sovelletaan DNA-menetelmiä. Suomalaisten suurpetojen geneettistä muuntelua ei ole selvitetty.

Vain muutaman uhanalaisen eläimen geneettistä monimuotoisuutta tutkitaan. Uhanalaisen saimaannorpan ja kiljuhanhen geneettistä rakennetta on alettu selvittää. Myös tutkimus laikuttaisessa elinympäristössä elävän uhanalaisen täpläverkkoperhosen geneettisestä monimuotoisuudesta on käynnissä. Tutkimustietoa ympäristön vaikutuksesta eläinten geneettiseen muunteluun ja geneettisten tekijöiden merkityksestä eläinpopulaatioiden elinkykyyn on vielä vähän. Metsien pirstoutumisen vaikutusta metsälajeihin tutkitaan liito-oravalla ja kuukkelilla. Rummuttava hämähäkkilaji on esimerkiksi eläimenä tutkimuksessa, jossa selvitetään maantieteellisesti eristyneiden populaatioiden genetiikkaa ja geneettisten tekijöiden vaikutusta eliöiden elinkykyyn. Sylkikaskas on mallieläimenä selvitettäessä Itämeren saariston niityillä nopeasti muuttuvan ympäristön vaikutusta geneettiseen monimuotoisuuteen. Geneettisten tuntomerkkien käyttöä eläinlajien diversiteetin kartoituksessa ja evoluution tutkimuksissa käsitellään luvun lopussa.

2.1. Kalojen geneettisen muuntelun väheneminen on huolestuttavaa

Kalojen geneettistä muuntelua on tutkittu pääasiassa lohikaloista. Itämeren lohesta, taimenista, kirjolohesta ja muikusta on eniten entsyymigeneettistä tietoa. Ainakin Itämeren lohelle ja saimaanlohelle on alettu soveltaa DNA-menetelmiä.

Kalojen geneettisen muuntelun säilyttäminen on saanut melko runsaasti huomiota. Keskeisiä kysymyksiä ovat olleet geneettisen muuntelun merkitys luonnonkantojen elinkyvylle sekä geneettisten resurssien käyttö jalostuksessa ja vesiviljelyssä. Erityistä huolta on aiheuttanut geneettisen muuntelun väheneminen. Kannan koon muutosten ja luonnonvalinnan lisäksi perinnöllisiä muutoksia kalakantoihin voivat aiheuttaa ihmisen toiminnasta johtuva kutukantojen pieneneminen, kantojen sekoittuminen (eli geenivirta kannasta toiseen), kalastusvalinta ja viljelytoimenpiteistä aiheutunut valinta (Koljonen 1984). Kantojen romahtaessa menetetään usein erilaisia geenimuotoja ja geenimuotoyhdistelmiä lopullisesti. Kantojen suojeluvarvon kannalta on tärkeää tietää sekä kantojen perinnöllinen potentiaali että niiden ainutlaatuisuus muihin saman lajin kantoihin verrattuna (Koljonen 1989). Koska suojeltavien kalakantojen alkuperäistä tilaa ei usein enää voida saavuttaa, kunkin kannan hoitomenetelmät tulee määrittellä hoidon tavoitteiden perusteella. Perimän muuttuminen on otettava huomioon kalakantojen hoidossa (Koljonen 1993; Kallio-Nyberg 1988).

Osittain tehokkaasta kalastuksesta johtuva luonnonvaraisten lohikantojen koon pieneminen uhkaa vähentää perinnöllistä monimuotoisuutta pitkällä aikavälillä. Luonnonvaraisesti lisääntyviin lohikantoihin kohdistuvaa kalastusta tulisi siksi vähentää. Keskimääräinenkin kalastusteho saattaa aiheuttaa pienten kantojen häviämisen, vaikka suuret kannat olisivat alikalastettuja. Huomattava osa lajin perinnöllisestä monimuotoisuudesta saattaa kuitenkin olla juuri pienehköissä kalakannoissa (Koljonen 1994). Itämeren lohenkalastuksen sääntelyn ongelmat liittyvät suurelta osin sekoittuneiden kantojen kalastukseen. Sekakantakalastuksessa luonnosta ja kalanviljelylaitoksista peräisin olevaa kalaa ei voida erottaa toisistaan. Geneettinen kannantunnistus, joka käyttää hyväksi kalakantojen perinnöllisiä eroja, on lupaava menetelmä, jonka käyttökelpoisuutta Itämeren lohisaaliiden kantakoostumuksen erottelussa kannattaa edelleen selvittää (Koljonen 1994 ja 1995a). DNA-menetelmien avulla voidaan todennäköisesti arvioida aikaisempaa luotettavammin eri lohikantojen ja erityisesti luonnonvaraisen lohen osuutta saaliissa. Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvasta Matti Ojalan (Helsingin yliopisto) johtamasta tutkimuksesta "Itämeren lohen monimuotoisuuden ylläpitäminen" saatavien tietojen perusteella voitaisiin kalastusta ohjata kohdistumaan mahdollisimman paljon viljeltyihin kantoihin ja näin säästää luonnonvaraisesti lisääntyviä lohia. Tutkimuksen tavoitteena on myös saada tietoa lohen perinnöllisen monimuotoisuuden esiintymisestä ja jakautumisesta koko Itämeren lohentuotantoalueella. Tiedot ovat tärkeitä suojelu- ja hoitostrategioita luotaessa. Niiden avulla voidaan edistää lohikantojen monimuotoisuuden säilyttämistä sekä luonnossa että kalanviljelytoiminnassa (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

Suomalaiset, levinneisyysalueen pohjoisille äärirajoille geneettisesti sopeutuneet kalakannat ovat lajin biodiversiteetin kannalta arvokkaita (Työryhmämuistio 1996). Riista- ja kalatalouden tutkimuslaitoksen (RKTL) kalanviljelylaitoksilla on tallennettuna kaikkien kalataloudellisesti arvokkaimpien kalakantojemme lisäksi joitakin muitakin kantoja. Emokalastot uusitaan luonnonkaloista otetusta mädistä kantojen monimuotoisuuden säilyttämiseksi ja laitosvalinnan välttämiseksi. Kalakantojen lisäksi säilytetään kalojen perintöainesta sukusolujen muodossa ns. geenipankeissa. RKTL:n tavoitteena on saada lähivuosina kaikki tärkeimmät arvokalakannat talletettua maitipankeihin (Työryhmämuistio 1996).

2.1.1. Itämeren lohella on vähemmän geneettistä muuntelua kuin Atlantin lohella

Itämeren lohesta on entsyymigeneettistä tietoa, jonka mukaan kantojen geneettinen erilaistuminen on selvää ja mitä todennäköisemmin adaptiivista luonteeltaan. Itämeren lohella perinnöllistä muuntelua on keskimäärin 30% vähemmän kuin Atlantin lohella (Koljonen 1995b). Kuitenkin luonnonkantojen pienestä koosta huolimatta niiden heterotsygotia-asteet olivat varsin suuria kuudesta muuntelevasta geenilokuksesta arviotuna. Viljelykannoilla oli keskimäärin 25% alhaisemmat heterotsygotia-asteet kuin luonnonvaraisilla kannoilla. Tulokset osoittavat, että viljelytuotannolla ei yleensä onnistuta säilyttämään yhtä suurta muuntelun määrää kuin luonnontuotannolla mm., koska kalanviljelyssä kyetään harvoin ylläpitämään riittävän suuria populaatiokojoja. Itämeren alueella korkeimmat heterotsygotia-asteet olivat virolaisilla kannoilla ja Suomen Oulujoen kannalla. Pienissä virolaisissa kannoissa ei kuitenkaan ollut säilynyt yhtä paljon erilaisia geenimuotoja kuin suuremmissa kannoissa. Eniten erilaisia geeni-

muotoja oli Tornionjoen luonnonvaraisella kannalla, jolla muuntelevissa geenilokuksissa esiintyi keskimäärin 2,3 erilaista perintötekijää.

Oulun yliopistossa tehdyt alustavat DNA-tekniikkaan perustuvat tutkimukset vahvistavat entsyymigeneettiset tulokset: Itämeren lohen geneettinen diversiteetti on varsin kapea verrattuna Atlantin puolen populaatioihin (Lumme 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Lisäksi Oulun yliopistossa verrataan Itämeren lohta Tanskan, Walesin, Norjan ja Newfoundlandin populaatioihin. Työhypoteesina on, että Itämeren lohi edustaa vanhaa makean veden kantaa, joka on asuttanut alueen itäisestä refugiosta käsin. Eräät jäämeren lohijoista on kenties asutettu latvoilta päin (oululaisten omia ja venäläisten havaintoja). Mitokondrio-DNA:sta valittu jakso (kontrollialue) ei kuitenkaan ole kaikkein muuntelevin, joten työtä jatketaan tutkimalla muuntelevampaa geeniä. Lohella tarvitaan välttämättä myös tuman DNA-tuntomerkkejä.

Pyrittäessä lajin perinnöllisen monimuotoisuuden säilymiseen tulisi säilyttää sekä kantojen välinen että niiden sisäinen muuntelu, jotta säilytettäisiin sekä niiden nykyinen sopeutuneisuus että mahdollisuus sopeutua edelleen. Esimerkiksi lohella tämä tarkoittaa, että olisi pyrittävä säilyttämään sekä perinnöllisten etäisyyksien perusteella mahdollisimman erilaiset kannat että mahdollisimman muuntelevat kannat. Jos kuitenkin lohikantojen hoidossa on pakko yhdistää kantoja, tulisi yhdistää mahdollisimman samanlaiset. Kantojen yhdistäminen voi olla välttämätöntä tulevaisuuden sopeutumiskyvyn säilyttämiseksi, vaikka samalla menetettäisiinkin joitakin nykyisiä ominaisuuksia (Koljonen 1995b).

2.1.2. Taimenkantojen perinnöllinen rakenne kantojen suojeluarvon määrittämisessä

Meritaimenkantojen perinnöllinen muuntelu

Uudenmaan kalastuspiirin v. 1989 tekemän uhanalaisen meritaimenen kantojen inventoinnin yhteydessä tutkittiin myös entsyymielektroforeettisesti kantojen perinnöllinen rakenne (Koljonen, 1989). Fiskarsinjoesta, Ingarskilanjoesta, Siuntionjoesta, Espoonjoesta ja Sipoonjoesta saaduista näytteistä laskettiin erilaisten entsyymigeenimuotojen osuudet (alleelifrekvenssit) kannoissa, keskimääräiset heterotsygotiat (kantojen sisäinen muuntelu) sekä kantojen väliset geneettiset etäisyydet. Kantojen perinnöllisen muuntelun määrän avulla pyrittiin arvioimaan kantojen kehityksellisiä edellytyksiä ja niiden kykyä sopeutua uusiin ympäristöihin. Kantojen välisten perinnöllisten erojen perusteella selvitettiin kantojen alkuperäisyyttä ja ainutlaatuisuutta. Nykyisten kantojen alkuperäisyyden selvittämiseksi niitä verrattiin yleisimmin istutettuihin taimenkantoihin (Isojoen, Ruotsin Daljoen ja Rautalammin reitin kannat). Vertailukantojen näytteet olivat peräisin Laukaan keskuskalanviljelylaitokselta.

Eniten muuntelua oli Espoonjoen, Rautalammin reitin Simunankosken reitin ja Isojoen kannoissa. Keskimääräinen heterotsygotia oli alhaisin Fiskarsinjoen, Siuntionjoen ja Daljoen kannoilla. Siuntion-, Ingarskilan- ja Sipoonjoen kantojen heterotsygotian keskiarvo jäi alle puoleen eestiläisten kantojen muuntelun määrästä. Suomenlahden etelärannikolla meritaimenkantoja on runsaasti ja niiden tila on parempi kuin suomalaisten kantojen.

Suomalaiset kannat poikkesivat toisistaan perinnöllisesti yleensä erittäin merkitsevästi, lukuunottamatta Fiskarsinjoen ja Espoonjoen kantoja, jotka näyttäisivät olevan istutuksista peräisin. Näiden kantojen geenivainesta ei voida katsoa niin korvaamattomaksi, etteikö jokiin voisi istuttaa muutakin kantaa olevia taimenia. Tosin Espoonjoen näytteestä puuttui kokonaan geenimuoto, joka esiintyy 24 %:lla Simunankosken kannan taimenia. Syynä eron voi olla geenimuodon sattumanvarainen häviäminen Espoonjoen vesistöön istutetuista taimenista. Tulosten perusteella Sipoonjoen, Siuntionjoen ja Ingarskilanjoen kannat voivat olla alkuperäisiä eteläsuomalaisia meritaimenkantoja. Sipoonjoen kanta poikkesi selvästi eniten kaikista muista tutkituista kannoista. Tällainen yksittäisen kannan voimakas poikkeaminen on muutamissa pohjoissuomalaisissa taimenkannoissa havaittu olevan yhteydessä vaellusesteisiin ja vaeltamattomuuden aiheuttamaan ekologiseen erilaistumiseen. Sipoonjoen, Siuntionjoen ja Ingarskilanjoen kannat ovat uhanalaisia ja suojelemisen arvoisia.

Purotaimenen perinnöllistä rakennetta on kartoitettu Varsinais-Suomen tammukkapuroista

Varsinais-Suomessa selvitettiin vuosina 1991 ja 1992 purotaimenen esiintymistä ja kantojen perinnöllistä muuntelua (Nuotio ja Koskiniemi 1995). Taimenkannoista tehdyn entsyymigeneettisen analyysin perusteella maantieteellisesti suppealla alueella esiintyy toisistaan huomattavastikin poikkeavia kantoja. Suurin heterotsygotia-aste oli Hintolanjoen kannassa, mikä havainto tukee käsitystä, että Hintolanjoen kanta on vahva. Vesistöalueiden sisällä ei havaittu erilaistuneita kantoja.

Varsinaissuomalaisten purotaimenkantojen todettiin olevan usein savisameisiin vesiin sopeutuneita, mikä on arvokas ominaisuus ajatellen kalakantojen hoitotoimia tämän-tyyppisissä jokivesistöissä. Istutuksia suunniteltaessa on muistettava, että kalakannat menettävät kalanviljelylaitoksissa alkuperäistä vesistöä helpommin nimenomaan luonnonoloihin sopeuttavaa geneettistä muunteluaan. Runsaat kalaistutukset paikkoihin, joissa on heikko alkuperäinen kanta, voivat hävittää alkuperäisen adaptiivisen perintöaineksen kokonaan, kun istutetut kalat risteytyvät luonnonkalojen kanssa ja istukkaat ovat joko kokonaan toiselta alueelta olevista emokaloista tai sopeutuneet laitosoloihin. Istutukset ovat perusteltuja, kun vesistöön kohdistuneet toimenpiteet ovat selvästi vähentäneet taimenten luontaista lisääntymistä tai jos halutaan kotiuttaa taimen puroihin, joista se on hävinnyt. Jos kanta on kokonaan hävinnyt, voisi olla mielekäästä käyttää istutuskantaa, jolla olisi mahdollisimman laajapohjainen perinnöllisen muuntelun määrä. Tällainen on esimerkiksi sekakanta, joka on perustettu yhdistelemällä lähialueiden kantoja. Kantojen perinnöllinen rakenne on siis syytä selvittää aina ennen istutuksia (Nuotio ja Koskiniemi 1995).

Purotaimenkantojen perinnöllistä rakennetta aletaan selvittää Satakunnassa

Länsi-Suomessa ollaan aloitettu laaja hanke, jossa 1997-1998 selvitetään purotaimenkannat Satakunnassa (Oikari ja Ylikylä 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Alkuperäiset taimenkannat ovat monin paikoin tuhoutuneet. Toisaalta erilaisten vesistöjärjestelyiden ja istutusten ansiosta Satakuntaan on muodostunut uusiakin paikallisia kantoja, jotka ovat säilyneet elinkykyisinä. Nämä viljelykannoista poikkeavat ja luontaisesti lisääntyvät purotaimenkannat ovat kalataloudellisesti erittäin arvokkaita. Usein niille on tyypillistä, että ne ovat poikkeuksellisesti sopeutuneet myös savisameisiin ja

suhteellisen reheviin vesiin. Satakunnan kalatalouskeskuksen kaksivuotisessa hankkeessa selvitetään myös loheneettistä rakennetta. Koekalastukset tehdään sähkökalastuksina Satakunnan kalatalouskeskuksen toimesta ja perimän selvittämisen hoitaa RKTL. Purotaimenprojektin tarkoituksena on mm. mahdollisten laitoskantojen monimuotoisuuden lisääminen. Selvityksen tulosten avulla pyritään estämään myös purotaimenkantojen sekoittuminen eri siikarotujen tapaan. Näin optimoidaan myös mahdollisten purotaimenistutusten tuotto istuttamalla paikallisiin olosuhteisiin sopeutunutta kantaa.

2.1.3. Saimaanlohella on vähän geneettistä muuntelua toisin kuin kirjolohella ja muikulla

Joensuun yliopiston biologian laitoksella kalojen evoluution tutkimukseen sovelletulla DNA-menetelmällä mitattuna saimaanlohi on ollut vähiten muunteleva 14 tutkitusta lohikalajista (Elo 1996). Saimaanlohi eli järvilohi on erittäin uhanalainen lisääntymisalueiden rakentamisen ja voimakkaan kalastuksen vuoksi. Entsyymigeneettisten tutkimusten perusteella muikku on kirjolohien ohella lohikaloista kaikkein muuntelevimpia (Vuorinen 1987). Muikulla kokonaismuuntelu korreloi selvästi vesistön kokoon. Geneettisen muuntelun määrällä näyttää olevan yhteys myös muikkutuotantoon. Korkeimmat heterotsygotia-asteet havaittiin nimittäin Suomen tuottoisimmissa muikkujärvissä Säkylän Pyhäjärvessä ja Puruvedessä. Tämä havainto tukee näkemystä, jonka mukaan heterotsygotia liittyy läheisesti luonnon populaation elinvoimaan ja stabiilisuuteen. Muikulla kokonaismuuntelusta pääosa on populaatioiden sisäistä ja vain noin 15 % johtuu kantojen välisestä erilaistumisesta. Koska maamme muikkukannat ovat evolutiivisesti varsin nuoria, ne eivät välttämättä ole ehtineet eriytyä kovin paljon toisistaan ns. rakennegeenien suhteen (joita entsyymielektroforesilla tutkitaan), vaikka kannat esimerkiksi ekologiaaltaan tai kutuajan suhteen poikkeaisivat toisistaan huomattavasti. Muikkukantojen hoidossa lähtökohtana tulisi olla paikallisten, elinympäristöönsä sopeutuneiden kantojen ja niiden ominaispiirteiden säilyttäminen (Vuorinen 1987).

2.1.4. Siikojen lajikysymys geneettisten tutkimusten valossa

Eri tutkijoilla on ollut erilaisia käsityksiä siikamuotojen taksonomisesta asemasta. Valukaisaineiden rakenteen samankaltaisuuden perusteella on pääteltävissä, että kaikki Suomessa tavattavat alkuperäiset siikat kuuluvat samaan lajiin *Coregonus lavaretus* L. Kuitenkin varsin huomattava lajinsisäinen muuntelu viittaa lajiutumisprosessiin. Lähtökohtana siikakantojen hoidossa tulisi olla paikallisten kantojen säilyttäminen (Vuorinen 1988).

2.2. Riistalajien geneettisen monimuotoisuuden hoito ja suurpetojen geneettinen muuntelu

Riistalajin sisäisen monimuotoisuuden turvaaminen metsästyksellisin menetelmin toteutuu varmimmin, jos pystytään huolehtimaan kantojen riittävästä populaatiokoosta, vakaasta kehityksestä ja rakenteen tasapainoisuudesta. Kannoissa, joiden

metsästyspoistuma on suhteessa kannan kokoon vähäinen, on myös metsästyksen geneettistä monimuotoisuutta heikentävä vaikutus pieni. Täydellä teholla eli vuotuista jälkeläistuotantoa vastaavasti metsästettäessä tilanne on toinen. Kestävän käytön mukainen metsästyks edellyttää monimuotoisuustavoitteen huomioonottamista jo metsästyksen suunnittelussa ja pyrkii estämään kantojen eriytymisen osapopulaatioiksi, joiden välillä ei tapahdu geenivaihtoa. Tällä hetkellä metsästettävistä riistalajeista lähinnä vain metsoa on uhkaamassa populaatioiden pirstoutuminen maan eteläosissa. Syyt pirstoutumiseen ovat olleet ennen kaikkea elinympäristöjen muutoksissa. Metsästyksen merkitys on ollut vähäinen (Työryhmämuistio 1996).

Siirtoistutuksin tai muunlaisilla täydennyksillä riistalajien sisäisestä monimuotoisuudesta huolehtiminen on perusteltua vain, kun kanta on uhanalaistumassa ja on epäiltävissä, että tapahtuneen taustalla on geneettinen yksipuolistuminen. Roturisteytymät saattavat sopeutua vallitseviin olosuhteisiin alkuperäiskantoja heikommin. Maassamme elävät kanadanhanhi- ja valkohäntäpeurakannat ovat molemmat peräisin muutamasta kymmenestä siirtoistutetusta yksilöstä. Myös melko pienten metsäpeura- ja metsäkaurisistutusten nopeata vahvistumista on pidetty viitteenä siitä, että riittävä geneettinen monimuotoisuus voi sisältyä hyvinkin pieneen lähtöpopulaatioon (Työryhmämuistio 1996).

Hirvikantojen vuosisadan alkuvuosikymmenien alhaiset populaatiotiheydet eivät näytä aiheuttaneen lajin geneettistä kapeutumista, sillä 80-luvun alussa maamme hirvikanta osoittautui sekä ruotsalaista että norjalaista kantaa monimuotoisemmaksi. Ei voida pitää myöskään todennäköisenä, että geneettisesti toisistaan poikkeavia eriytyneitä hirvipopulaatioita olisi vielä päässyt syntymään hirvien laajan liikkuvuuden sekä viimeaikaisten hirvitiheyksien perusteella. Vaikka näyttöä viime vuosikymmenien tehometsästyksen perimää kapeuttavasta vaikutuksesta ei toistaiseksi ole, kantojen merkittävä harventaminen sekä niiden tuottavuuden ylenmääräinen tehostaminen sisältävät riskin. Kestävän käytön mukaisesti metsästettäessä pidetään huolta sekä riittävästä populaatiotiheydestä että tasapainoisesta kannan rakenteesta ja siten estetään geneettisen monimuotoisuuden karsiutumista (Työryhmämuistio 1996).

Hirvipopulaatioiden on usein otaksuttu olevan geneettisesti melko vakaita johtuen niiden laajasta levinneisyydestä, liikkuvuudesta, sopeutuvaisuudesta ja lisääntymisstrategiasta. Hirven on myös väitetty olevan eräs vähiten geneettisesti muunteleva hirvieläin (Geburek 1988). Havainnot ruumiin mitoista, turkin väristä ja sarvityypistä osoittavatkin huomattavan vähäistä vaihtelua (Geist 1987). Isoentsyymeihin perustuvissa tutkimuksissa on havaittu suurempaa geneettistä muuntelua (Ryman ym. 1980). Helsingin yliopistossa Sirkka-Liisa Varvio työryhmineen soveltaa DNA-menetelmiä hirvitutkimuksiin. Työryhmässä tutkitaan myös mm. tuotantoeläimiä, metsäpeuraa ja valkohäntäpeuraa (Varvio 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

Populaatiogeneettisen tutkimuksen "Eurooppalaisen hirven nasaalialueen polymorfismin geneettinen analyysi" tarkoituksena oli selvittää neljän hirveltä löydetyn kallofenotyypin mahdollinen geneettinen kontrolli (Nygrén ja Portin 1993). Muilta nisäkkäiltä ei ole raportoitu vastaavanlaista synnynnäistä kallon nasaalialueen polymorfismia. Hirven nasaalialueen polymorfismin oletetaan liittyvän massiivisten, varsirakenteeltaan horisontaalisten sarvien kantamisesta aiheutuvaan biomekaaniseen paineeseen. Tutkituissa populaatioissa nasaalialueen morfien jakautuminen ei poikennut merkittävästi alleelisuhteiden tasapainosäännön eli Hardy-Weinbergin lain suhteista.

Tutkimuksen tulokset viittaavat siihen, että eurooppalaisen hirven nasaaliluiden polymorfismilla on sukupuolesta riippuva geneettinen perusta. Polymorfismia säätelee kaksi kaksialleellista geenilokusta, jotka eivät ole epistaattisia ts. toinen geeni ei peitä alleen toisen geenin fenotyypistä vaikutusta. Selkärankaisilla on todettu useita muitakin tapauksia, joissa kaksi geeniä vaikuttaa samaan ominaisuuteen (esim. Lemmetyinen ym. 1974).

Suurpetojen geneettisen monimuotoisuuden tutkimuksesta

Ruotsissa Uppsalan yliopistossa aloitellaan pohjoismaista suojelugeneettistä hanketta, jota vetää Hans Ellegren (Kojola 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Tarkoituksena on tutkia ilveksen, ahman ja suden geneettistä diversiteettiä DNA-menetelmin. Suomalaisista ilveksistä RKTL on jo lähettänyt useita näytteitä. Ruotsissa susi on alkanut pesiä kymmenen vuoden tauon jälkeen. Nykyiset sudet ovat ilmeisesti lähtöisin yhdestä susiparista, jonka alkuperä halutaan selvittää. DNA-tutkimusten perusteella ne eivät ole kotoisin yhdestäkään Ruotsin eläintarhasta. Hankkeessa halutaan esimerkiksi selvittää, ovatko ruotsalaiset sudet samoja kuin meidän sutemme.

Suomessa karhuja on nykyään melko paljon, joten karhun geneettinen monimuotoisuus on ilmeisesti riittävää (Kojola 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Karhujen laajan liikkuvuuden perusteella niillä on lisäksi yhteydet Venäjän rajantakaiseen runsaaseen karhukantaan, joka ilmeisesti ei ole kokenut pullonkaulavaihetta. Ruotsissa karhun geneettinen monimuotoisuus on DNA-menetelmin todettu laajaksi. Etelä-Ruotsin karhut ovat geenituntomerkkien perusteella samoja kuin etelä-eurooppalaiset karhut, mutta Pohjois-Ruotsin karhut samoja kuin venäläiset karhut.

2.3. Uhanalaisten eläinten geneettiseen muunteluun liittyviä tutkimuksia

2.3.1. Saimaannorpan perinnöllinen muuntelu

Saimaannorppa on yksi uhanalaisimmista eläimistä Suomessa. Saimaannorppakanta on pienin itsenäinen hyljekanta koko maailmassa. Norpan ja yleisesti hylkeiden perinnöllisestä muuntelusta tiedetään varsin vähän. Perinnöllisen muuntelun määrän ja jakautumisen tunteminen olisi kuitenkin esimerkiksi lajin evoluutiohistorian ymmärtämisen kannalta tärkeää. Sytokromi b -geenissä tapahtuneiden muutosten perusteella on arvioitu, että harmaahylje ja norppa ovat eriytyneet omiksi lajeikseen noin 2,3 - 2,5 miljoonaa vuotta sitten (Arnason ym. 1995). Norpan osalta olisi erityisen kiinnostavaa verrata alalajien perinnöllisen muuntelun perusteella saatavia aikoja geologien esittämiin aikoihin Itämeren, Saimaan ja Laatokan syntyajoista. Lisäksi saimaannorpan suojelun näkökulmasta perinnöllisen muuntelun tunteminen olisi merkittävä taustatieto (Kolehmainen 1995-96).

Norpan perinnöllisen monimuotoisuuden tutkimuksen ongelmina on ollut vaikeus saada sopivia kudospäytteitä ja toisaalta sopivien perinnöllisten merkkien vähyys. Sen perinnöllisen monimuotoisuuden tutkimus käynnistyi vasta pari vuotta sitten Joensuun

yliopistossa pienessä mittakaavassa, jolloin kalojen evoluution tutkimukseen sovellettua DNA-menetelmää alettiin soveltaa norpalle (Kolehmainen 1995-96). Alustavasti näyttää selvältä, että tällä menetelmällä muuntelua löytyy sekä alalajien väliltä että saman alalajin yksilöiden väliltä. Verrattaessa tuloksia lohikalajien ja norpan välillä, mielenkiintoinen yksityiskohta on norpan ja saimaanlohen muuntelun vähyys. Toistaiseksi on tutkittu vain 10 norppayksilöä kolmesta alalajista eli Saimaalta, Itämereltä ja Jäämereltä. Tarkoituksena on analysoida lisää yksilöitä. Myöskin uusien DNA:n muuntelua mittaavien menetelmien käyttöä kokeillaan ja suunnitellaan.

Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelman osaprojektissa "Geenituntomerkit kertovat Pohjolan luonnon historiasta" selvitetään Risto Väinölän (Helsingin yliopisto) johdolla DNA-tuntomerkeillä mm. eristyneessä hyljepopulaatiossa aiemmin tapahtuneen sukusiitoksen määrää. Samalta pohjalta kehitetään erittäin tarkkaa ns. DNA-sormentijälkiin perustuvaa yksilökohtaista tunnistusmenetelmää hylkeiden seuraamiseksi vastaisuudessa (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

2.3.2. Kiljuhanhen Skandinavian populaatioiden asema

Kiljuhanhi on erittäin uhanalainen koko maailmassa, mutta Skandinavian populaation tilanne on erityisen huolestuttava. Oulun yliopiston biologian laitoksen hanhitutkimuksessa selvitetään kaikkien saatavilla olevien näytteiden avulla lajin geneettistä rakennetta (Lumme 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Kiljuhanhen verrokiksi tutkitaan muitakin hanhia.

Kiljuhanhi on hyvä esimerkki siitä, kuinka uhanalaistuminen voi olla yllättävää ja ennustamatonta. Suomen museoissa ja kouluissa on yhteensä vain kolmisenkymmentä kiljuhanhen nahkaa. 1920-luvulla niitä ammuskeltiin vapaasti, ja museointia pidettiin aivan turhana. Nykyään niistä saatavat DNA-näytteet olisivat huiman arvokkaita. Kiljuhanhista on tällä hetkellä näytteitä neljästä luonnoneläimestä Suomen Lapista, Hailuodon tarhakannasta, kaikista Suomen museoiden toppalinnuista ja 15 yksilöä Jamalilta sekä 8 Kazakhstanista. Hanhien populaatorakenne on voimakkaasti naaraiden määrämä, koska naaraat ohjaavat kevätmuuton omille synnyinseuduilleen. Tässä mallissa mitokondrioiden DNA on erikoisen sovelias geenituntomerkki, mutta koirasmuuton arvioimiseksi tarvitaan myös tuman genejä.

2.3.3. Uhanalaisten lajien populaatorakenne: täpläverkkoperhonen

Tutkimushankkeen, jonka vastuullisena tutkijana toimii Ilkka Hanski (Helsingin yliopisto), tavoitteena on tutkia laikuttaisissa elinympäristöissä elävien uhanalaisten lajien populaatorakennetta. Tutkimus kohdistuu esimerkinomaisesti manner-Suomesta sukupuuttoon kuolleeseen uhanalaiseen täpläverkkoperhoseen (*Melitaea cinxia*), joka esiintyy vielä yleisesti Ahvenanmaalla. Tähän liittyvä tutkimus geneettisestä monimuotoisuudesta pirstoutuneissa täpläverkkopopulaatioissa on käynnissä. Tutkimuksesta ei ole vielä varsinaisia tuloksia, mutta geneettisellä monimuotoisuudella näyttäisi olevan yhteys populaation säilymiseen/häviöriskiin (Hanski 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

2.3.4. Uhanalaisten eläinlajien säilyttäminen pakastamalla niiden sukusoluja ja alkioita

Jos lajin lisääntyminen on muutaman kymmenen yksilön varassa, jopa useita prosentteja perinnöllisistä muuntelusta menetetään aina sukupolven vaihtuessa. NykYTEKNIKALLA geneettisen diversiteetin häviämistä voidaan hidastaa, sillä perintöainesta voidaan varastoida pakastettuina sukusoluina tai alkiaina. Sopivan solupakastusohjelman löytyminen tietyn uhanalaisen eläinlajin alkiolle ja siittiölle vaatii kuitenkin oman työnsä. Ennen kuin voidaan tehokkaasti käyttää keinosiemennystä tai alkiotekniikoita tietyllä eläinlajilla, on selvitettävä monia lajin lisääntymisen ominaispiirteitä. Selvittämällä lisääntymis- ja solupakastuskysymykset ensin kesyhykössä uhanalaisen lajin lähisukulaislajissa, päästään nopeammin eteenpäin ja säästetään uhanalaista eläinkantaa kokeiluilta. Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimushankkeen Maija Valtosen (Kuopion yliopisto) ryhmän tutkimuksessa "Uhanalaisten eläinlajien säilyttäminen pakastamalla niiden sukusoluja ja alkioita" keskitytään kolmeen uhanalaiseen nisäkkääseen, joille kullekin on käytettävissä tarhattu lähisukuinen mallieläin. Mallieläimenä naalilla on sinikettu, metsäpeuralla poro ja vesikolla hilleri (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

2.4. Elinympäristön vaikutus eläinpopulaatioiden geneettiseen rakenteeseen

2.4.1. Metsien pirstoutumisen vaikutus taigalajien geneettiseen rakenteeseen

Oulun yliopistossa on ruvettu tehokkaasti käyttämään molekyyli- ja geneettisiä menetelmiä ekologisten kysymysten selvittämiseen (Lumme 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Näkökulma on voimakkaasti luonnonsuojelullinen. Populaatioiden rakenteen tutkimiseen käytetään useimmiten mitokondrion DNA:n geenejä (mtDNA), joita sekvensoidaan. Tarvittaessa voidaan tuloksia täydentää tuman DNA-tuntomerkeillä.

Vanhojen metsien yhteydessä puhutaan nykyään "ekologisista käytävistä" tai "verkostoista". Ne mahdollistavat geenivirran eri osapopulaatioiden välillä ja estävät sukusiitoksen. Uusilla geneettisillä menetelmillä on ehkä mahdollista mitata, toimivatko käytävät ja ovatko ne kunkin lajin kohdalla tarpeen. Suomen Akatemian biodiversiteettihankkeen projektissa "Geneettisen monimuotoisuuden säilyminen ja ylläpito pirstoutuvissa pohjoisissa metsissä" selvitetään ympäristömuutosten vaikutusta metsälajeihin (Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Vastuullisena johtajana tutkimuksessa on Markku Orell (Oulun yliopisto). Tiaiset toimivat verrokkeina, koska niiden riippuvuus jostakin tietyistä metsätyypistä tai harvinaistuvasta metsän ikäluokasta on pieni. On voitu todeta, että paikkalintuna pidetyn hömötiaisen populaatorakenne kertoo naaraiden suuresta muuttotaipumuksesta. Populaatio säilyy yhtenäisenä ja lajin "geneettinen hyvinvointi" näyttää turvatulta. Varsinaisina tutkimuslajeina tulevat olemaan vanhojen metsien lajien perikuvina pidetyt paikkauskolliset kuukkeli ja liitorava, joiden populaatiot alkavat jo Suomessa olla varsin eristyneitä. Ainakin näiden lajien kannat ovat taantuneet mm. Suomessa jopa enemmän kuin niille kelpaavan metsän osuus, mahdollisesti mm. sukusiitosvaikutuksesta johtuen.

2.4.2. Maantieteellisesti eristyneiden populaatioiden elinkyky ja niiden luonnonsuojelullinen arvo

Geneettisten tekijöiden merkitys populaation elinkyvylle on Rauno Alatalon (Jyväskylän yliopisto) johtaman tutkimusryhmän Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvan tutkimuksen keskeisimpiä teemoja (Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Elinkykyyn vaikuttavat mm. sopeutuminen paikallisiin olosuhteisiin, geenien siirtyminen populaation osasta toiseen, sekä populaation koko. Geneettisten tekijöiden vaikutuksia maantieteellisesti eristyneiden eläinpopulaation elinkykyyn selvitetään pääasiassa eräällä rummuttavalla hämähäkkilajilla DNA-menetelmillä.

2.4.3. Biodiversiteetin nopea vaihtelevuus Itämeren saaristossa

Helsingin yliopistossa tutkitaan sylkikaskaan geneettistä diversiteettiä (Halkka, O. 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Biodiversiteettitutkimuksissa käytetään Itämeren saarten niittyjä mallialueena. Geneettinen diversiteetti ei ole yleensä missään pysyvää. Nopeita, muutaman vuoden mittakaavassa tapahtuvia ja jopa edestakaisia biotoopin muutoksia on saastumis- ja puhdistusilmiöitä lukuunottamatta tutkittu melko vähän. Tämä johtuu siitä, että monet mantereen luonnon biotoopit ovat suhteellisen hyvin fyysikaalisen ympäristön muuttumista vastaan puskuroituja. Tilanne on toisenlainen meren saaristossa. Saarujen niityt ovat hyvä mallialue, jossa luonnonvoimien korostuneisuuden ansiosta biodiversiteetin vaihtelun yleisiin säännönmukaisuuksiin päästään pureutumaan. Pieni niitty, jota yhdeltä puolelta rajaa meri ja muilta puolilta lähes paljas kallio, on yhtä selvärajainen kokonaisuus kuin tutkijan aitaama koekentän palanen. Tutkittavat niityt ovat erilaisia ja ilmaston mahdollisuudet vaikuttaa niihin eriasteisia (Halkka, O. 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

Tutkimuksissa kasveista riippuvaisen eläimen mallina on sylkikaskas (*Philaenus spumarius*). Sylkikaskasta on Englannissa ja USA:ssa käytetty saastumisen vaikutusten osoittajana. Lajia koskevia teoreettisia tai käytännönläheisiä tutkimuksia on julkaistu toistatuhatta. Laji on levinnyt yli Euroopan, Aasian ja Pohjois-Amerikan ja on siirtynyt ihmisen mukana Atlantin valtameren saarille ja Uuteen Seelantiin. Uudessa Seelannissa ja lisäksi esim. Kamtshatkassa sen geneettinen monimuotoisuus on vähäisempää kuin muualla. Kaskaan kyky tuottaa jälkeläisiä seuraavaan sukupolveen riippuu ravintokasvin valinnan ja ilmaston välisestä suhteesta. Vaikeat luonnonolot voivat romahduttaa kaskaspopulaation koon yhdessä vuodessa tuhansista yksilöistä pariin kymmeneen. Tällä ns. pullonkaulalla on huomattava vaikutus geneettiseen monimuotoisuuteen. Sylkikaskaan geneettisen monimuotoisuuden riippuvuus kasvilajistosta ja välillisesti ilmastosta on todettu tilastollisesti merkitseväksi. Myyrien vaikutus kasvilajistoon ja kaskaspopulaatioon voi olla tuntuva. Eräissä tapauksissa lähekkäiset kallioalueen tai meren osittain eristämät populaatiot muodostavat metapopulaation, ja geneettisen monimuotoisuuden riippuvuus muuttoliikkeen määrästä on ilmeinen.

Tutkimustyötä jatkettaessa sen intensiivisyyttä vähennetään muutamassa saarella ja lisätään toisissa ottaen käyttöön uusia menetelmiä. Työn peruslinja säilyy, eikä pitkäaikaisen seurannan antamaa mahdollisuutta välttää lyhytaikaisen työn helposti tuottamat väärät johtopäätökset aiota hylätä. Kun samoja biodiversiteettiä muuttavia

vaikutusketjuja todetaan useassa pisteessä ja toistuvasti, ketjun johtuminen sattumasta tulee yhä vähemmän todennäköiseksi (Halkka, O. 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

2.5. Geneettiset tuntomerkit lajiversiteetin kartoituksessa

Uutta tietoa lajiversiteetistä saadaan käyttämällä entistä tarkempia tuntomerkkejä. Geneettisten merkkien avulla voidaan usein erottaa aiemmin huomaamatta jääneitä lajeja, etenkin pienikokoisista eliöistä. Molekyylituntomerkeistä on suuri hyöty, kun morfologisia tuntomerkkejä on vähän tai ne ovat vaikeita havaita. Esimerkiksi entsyymigeneettisiä tuntomerkkejä on käytetty *Echinorhynchus* -väkäkärsämatojen lajien tunnistuksessa (Väinölä 1997, henkilökohtainen tiedonanto) ja *Bombus lucorum* -lajien (kimalaislajien) tunnistuksessa (Pamilo ym. 1996).

Kromosomien rakenteen ja lukumäärän avulla on tunnistettu sisarlajeja, esimerkiksi analysoimalla suomalaisissa tekojärvisissä esiintyvien surviaissääsken sylkirauhaskromosomeja (Wülker 1991). Sylkirauhaskromosomien mikroskooppisessa tutkimuksessa mutaatiot voidaan havaita kromosomien poikkijuovakuvioiden muuttumisena tai homologisten kromosomien epätavallisenä pariutumisenä. Surviaissääsken toukkien (*Chironomus*) sylkirauhaskromosomit ovat käyttökelpoisia ympäristögeneettiin tutkimuksiin, mm. koska surviaissääski on laajalle levinnyt tavallinen laji (Sevola 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

2.5.1. Luteiden ja kemprien karyosystematiikka

Luteet (*Heteroptera*) ja kempit (*Psylloidea*, *Homoptera*) ovat fylogeneettisesti läheisiä hyönteisryhmiä. Ryhmiin kohdistunut kromosomien lukumäärään ja niiden rakenteen tutkimus on toistaiseksi ollut vähäistä ja satunnaista. Seppo Nokkalan (Turun yliopisto) tutkimusryhä paneutuu luteiden primitiivisiin heimoihin ja Euroopassa tavattaviin kemppilajeihin kokonaisuudessaan (Nokkala 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Molemmista ryhmistä löytyy runsaasti tärkeitä kohteita meiosisitutkimukselle.

Tutkimuksen tavoitteena on selvittää 1) lajien meioottiset karyotyypit (kromosomien lukumäärä ja niiden rakenne) ja lajeilla esiintyvät kromosomipolymorfiat, 2) ryhmien alkuperäinen karyotyyppi ja 3) karyotyyppien evoluution taustalla olevat mekanismit. Tutkimuksella on tarkoitus luoda vankka pohja myöhemmin tehtävälle molekulaariselle fylogenia-analyysille. Tutkimuksessa on jo löytynyt ja tulee jatkossakin löytymään uusia lajeja. Tutkimukseen käytetään osastolla kehitettyä uutta kromosomipreparaattien valmistus- ja värjäysmenetelmää. Myöhemmin on tarkoitus soveltaa myös molekyyli-geneettisiä menetelmiä.

2.5.2. Taksonomia, fylogeniasuhteet ja lajiutuminen *Galerucella*-lehtikuoriaissuvussa

Galerucella-lehtikuoriaissuku on levittäytynyt laajasti pohjoiselle pallonpuoliskolle. Sukuun kuuluu sekä taloudellisesti merkittävien marjakasvien tuholaisia että rikkakasvien biologiseen torjuntaan käytettyjä lajeja. Arviot sukuun kuuluvista lajeista vaihtelevat taksonomisen tulkinnan hankaluuksien vuoksi vajaasta kahdestakymmenestä

lähes viiteenkymmeneen. Suvussa esiintyy lajikomplekseja, jotka koostuvat useista läheisistä muodoista, joista ei tiedetä, ovatko ne mahdollisesti eri lajeja tai alalajeja. Myös suvun rajaaminen lähisukuihin nähden on vaikeaa. Suomessa esiintyy ainakin kuusi sukuun kuuluvaa lajia ja muutama lähisukuihin kuuluva laji.

Christina Nokkalan (Turun yliopisto) tutkimusryhmän tavoitteena on tutkia mahdollisimman kattavasti kaikki suvussa esiintyvät lajit/muodot sekä tutkimuksen kannalta tarkoituksenmukaisiksi katsottuja lähisukujen lajeja (Nokkala 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Lähestymistapoina käytetään mm. sytologisia tutkimuksia, chorion-polyeptidanalyysia, tuman DNA-merkkejä ja mtDNA-analyysia. Tutkimuksen perusteella selvitetään suvussa esiintyvien lajien määrä, lajien fylogenisuhteet sekä tehdään suvun taksonominen revisio. Tulosten perusteella voidaan päätellä sympatrisen lajiutumisen merkitys suvussa tapahtuneissa lajiutumisosseissa.

2.5.3. Reliktiäyriäis- ja Itämeren simpukkapopulaatioiden geneettinen erilaistuminen

Entsyymielektroforeesimenetelmällä tehdyt tutkimukset reliktiäyriäis- ja Itämeren simpukkapopulaatioista (Väinölä, 1986; Varvio ym., 1988; Väinölä ja Varvio, 1989; Väinölä ja Hvilson, 1991; Väinölä ym. 1994) paljastivat tarkastelluissa suvuissa ennen tunnistamattomia systemaattisia alayksiköitä (lajeja tai puolilajeja). Löydösten perusteella on muutettava perinteisiä käsityksiä näiden eläinten leviämishistoriasta ja arvioita niiden evoluution aikajänteestä. Merisimpukoitamme on perinteisesti pidetty Pohjanmeren alueen populaatioiden suoranaaisina systemaattisesti erottamattomina jatkeina. Sekä Itämeren sinisimpukka- että itämerensimpukkapopulaatiot ovat kuitenkin geenitasolla voimakkaasti eriytyneet Kattegatin ja Pohjanmeren populaatioista. Ne ovat ainutlaatuisia Euroopassa. Itämeren sinisimpukoille lähisukuisia populaatioita löytyi sen sijaan pohjoisen Pohjois-Amerikan rannikolta. Tunnistetut simpukkatyypit katsotaan puolilajitasoisiksi yksiköiksi laajempien *Mytilus edulis* ja *Macoma balthica* -kompleksien sisällä. Ne edustavat vanhoja evoluutiolinjoja, ja niiden kohtaamisalueet lienevät sekundaarisia kontaktivyöhykkeitä. Tutkimuksen perusteella Suomessa *Mysis relicta* -lajiryhmästä löytyy kolme lajia, joista yksi tunnetaan vain yhdestä järvestä Pohjoismaissa ja koko Euroopassa. Lisäksi järvien syntyhistorialla on ollut määräävä vaikutus *Mysis relicta* I:n nykyiseen populaatorakenteeseen (Väinölä ym. 1994). Merkkiominaisuudet heijastavat isolaatiohistoriaa ja potentiaalista sopeutumishistoriaa.

2.5.4. Geenituntomerkit kertovat Pohjolan luonnon historiasta

Eri suunnista Pohjolaan saapuneet rodut (jääkauden aikaiset ja sitä vanhemmat) ovat toistaiseksi kartoittamaton mutta tärkeä osa biodiversiteettiämme. Suomessa maan eri osissa elää kuusi kromosomeiltaan erilaista metsäpäästäistyyppiä (*Sorex araneus*). Ne ovat ilmeisesti kehittyneet yhteisestä esikaryotyypistä translokaatioiden kautta. Kromosomaalinen polymorfismi on toiminut sopeutumisen lähteenä muuton aikana uusille elinalueille ja uusiin olosuhteisiin. *Sorex araneus* on ollut menestyksekkäämpi kuin mikään muu saman suvun euraasialainen laji (Halkka ym. 1987).

Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelman hankkeessa "Geenituntomerkit kertovat Pohjolan luonnon historiasta" tunnistetaan Pohjolaan eri reittejä aikanaan saapuneita eliörotuja molekyyli-tuntomerkkien avulla. Lähestymistapa ja menetelmät ovat

paljolti samoja kuin ne, joita on käytetty esim. Suomen kansan esihistoriallisen alkuperän tutkimuksessa. Vaihtoehtoisia vaellusteitä saapuneet kannat voivat olla hyvin vanhoja ja pysyviä yksiköitä (so. useiden jääkausien ikäisiä). Helsingin yliopistossa Risto Väinölän tutkimusryhmässä molekyyli-tuntomerkkejä käytetään laajemmin pohjoisen luonnon historian ja monimuotoisuuden valottamiseen. Tutkimukset keskittyvät vesieläimiin, etenkin äyriäisiin, sekä nisäkkäisiin (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

3. GENEETTISEN MONIMUOTOISUUDEN TUTKIMUKSIA KASVEILLA

Suomalaisista eliölajeista pääpuulajien geneettinen monimuotoisuus tunnetaan ehkä parhaiten. Niitä käsitellään tässä luvussa ensimmäisenä. Jalojen lehtipuiden tutkimuksia lukuunottamatta harvinaisten suomalaisten luonnonvaraisten kasvien geneettistä muuntelua tutkitaan vähän. Alueellisesti uhanalainen mäkitervakko on esimerkkilaji pienten populaatioiden geneettisiä ongelmia selvittävässä projektissa. Harvinaisen ketokelton entsyymigeenien erilaistumista sevitetään pahtakelto -alalajien geneettiseen erilaistumiseen liittyvässä tutkimuksessa. Uhanalaista hukkariisiä on tutkittu jonkin verran (Ahokas 1990). Proteiinielektroforeesin perusteella tämän heinän geneettinen muuntelu on vähäistä.

Mansikasta, karpalosta ja puolukasta on tehty kromosomilukumäärityksiä. Lakkaa tutkitaan tarkalla DNA-menetelmällä. Geneettiseen diversiteettiin liittyviä tutkimuksia on ahvenvidalla, rantavehnällä, lituruoholla ja hevонhierakalla. Laajalle levinneillä lajeilla kuten aho- ja niittysuolaheinällä geneettisen muuntelun on osoitettu olevan runsasta. Sanikkaisten ja sammalien genetiikkaa on tutkittu varsin vähän. Niiden geneettisen muuntelun tutkimiseen kehitetään molekyyli-geneettisiä menetelmiä.

3.1. Pääpuulajien geneettinen monimuotoisuus on laajaa

Suomen eliöistä tunnetaan ehkä parhaiten taloudellisesti merkittävien puulajien geneettinen tausta. Tiedot niiden geneettisestä monimuotoisuudesta perustuvat pääasiassa entsyymigeneettiin tutkimuksiin. DNA-menetelmien soveltaminen puille on vasta alkanut (esim. Mattila 1994; Åkerman ym. 1996). Männyllä, kuusella ja koivulla on todettu olevan laaja geneettinen monimuotoisuus, jota on havaittu kaikissa tutkituissa ominaisuusryhmissä alkaen ns. merkkiominaisuuksista ja fysiologisista sopeutumaominaisuuksista kasvu- ja laatuominaisuuksiin. Huomattavan suuri osa periytyvästä muuntelusta on yksilöiden välistä muuntelua, t.s. jokaisen metsikön sisällä on paljon geneettistä monimuotoisuutta. Havupuupopulaatioiden entsyymimuuntelu on runsasta, mutta populaatioiden väliset erot ovat vähäisiä tehokkaasta geenivirrasta johtuen. Havupuiden sekä siemenet että siitepöly leviävät tehokkaasti tuulen mukana. Ne eivät ole myöskään normaalisti alttiita sattumalle, koska niiden populaatiot ovat laajoja ja yhtenäisiä. Puilla on kuitenkin sopeutumiseen liittyvissä ominaisuuksissa suuria eroja

maan etelä- ja pohjoisosan välillä, mikä aiheutuu sopeutuneisuudesta erilaisiin ilmasto-oloihin (Työryhmän mietintö 1994; Työryhmämuistio 1996).

Oulun yliopiston biologian laitoksella kasvigenetiikan ryhmä selvittää sopeutumiseen liittyvien ominaisuuksien geneettistä perustaa, sukusiitosheikkouden genetiikkaa ja ylidominanssiteorian paikkansapitävyyttä. Ylidominanssiteorian perusteella oletetaan, että mitä suurempi heterotsygoottisten geenien osuus on, sitä parempi kelpoisuus (esim. kasvu, lisääntyminen) puulla on. Männyn Vilhelminmäen ja Viitaselän siemenviljelyksistä (Savolainen ja Hedrick 1995) ja Ylläksen standardimetsiköstä (Kärkkäinen ym. 1996) tehtyjen tutkimusten tulokset eivät tue ylidominanssiteoriaa. Tutkimuksissa käytetyt standardimetsikön kaltaiset tutkimuskohteet ovat tärkeitä, sillä hyvin merkityt pysyvät populaatiot mahdollistavat sen, että uusilla menetelmillä saadut tiedot voidaan tehokkaasti yhdistää entisiin (Savolainen 1996).

3.1.1. Pääpuulajien geenivarojen säilyttäminen

Kansainväliset sopimukset ja kansallinen etu velvoittavat metsänjalostajia varmistamaan kullakin puulajilla hyvän ja monipuolisen perintöaineksen säilymisen kauas tulevaisuuteen. Koska pääpuulajiemme populaatioiden geneettinen rakenne tunnetaan melko hyvin, niiden geenivarojen säilyttäminen on voitu suunnitella ja suureksi osaksi toteuttaa sekä *in situ* -geenireservimetsien että *ex situ* -säilytyspopulaatioiden avulla (Työryhmämuistio 1996).

Pääpuulajeille on vuodesta 1992 lähtien varattu geenireservimetsiä. Ne ovat vähintään 100 hehtaarin suuruisia metsäalueita, joiden puusto on luontaisesti syntynyt. Vuoden 1995 marraskuun loppuun mennessä Suomessa on rekisteröity 31 geenireservimetsää, joiden yhteinen pinta-ala on noin 5 500 ha (Työryhmämuistio 1996). Geenireservimetsät uudistetaan joko luontaisesti tai viljellen metsikön omasta siemenestä kasvatetuilla taimilla (Koski 1995). Ne ovat ikään kuin pankkeja, joissa paikallinen sopeutumiskyky ja geenijoukko talletetaan eri puolilla maamme. Tällainen geneettisen säilyttämisen *in situ* -ohjelma on tehokas lajeilla, joilla on yhtenäinen levinneisyysalue ja voimakas geenivirta. Geenireservimetsät ovat osa Euroopan metsäpuiden geenivarojen säilyttämishjelmaa (EUFORGEN). Geenireservimetsien perustaminen kuuluu Metsäntutkimuslaitoksen ajankohtaisiin tutkimusaiheisiin samoin kuin jalostusaineiston täydentäminen ja geenivarojen ylläpito. Tulevaisuuden viljelymetsien monimuotoisuuden potentiaali säilytetään viljeltyjen jalostuspopulaatioiden avulla. Luonnontilassa olevien metsien geneettinen monimuotoisuus on tavallaan talletettu erilaisilla suojelualueilla. Ne sijaitsevat pääosin Pohjois-Suomessa eivätkä siten voi sisältää kaikkea metsätaloudellisesti tärkeiden alueiden monimuotoisuutta (Työryhmämuistio 1996).

Bioteknologisten menetelmien kehittyminen, lähinnä solukko viljelyn soveltaminen puiden monistamiseen, mahdollistaa kryopreservaaation (materiaalin varastoinnin hyvin alhaisissa lämpötiloissa, yleensä nestetyypessä) käytön geneettisen monimuotoisuuden säilyttämisessä esimerkiksi koivulla (Ryyänen 1995).

3.2. Sivupuulajien geneettinen tutkimus

3.2.1. Jalojen lehtipuiden metsiköt ovat geneettisesti pääpuulajiemme populaatioita erilaistuneempia

Jalot lehtipuut ovat pitkään jääneet Suomessa metsägeneettisen tutkimuksen ulkopuolelle. Jalojen lehtipuiden luonnonvaraisten kasvupaikkojen väheneminen ja parhaiden puiden poiminta puutavaraksi ovat todennäköisesti aiheuttaneet niissä geneettistä eroosiota. Sekä viljelymahdollisuuksien parantamiseksi että alkuperäisten metsiköiden suojelemiseksi tarvitaan riittävää tietoa nykyisten metsiköiden alkuperästä sekä metsiköiden sisäisestä ja niiden välisestä geneettisestä muuntelusta. Valtapuulajeistamme saatuja kokemuksia ja tuloksia ei voida soveltaa monimuotoisuuden kannalta arvokkaisiin jaloihin lehtipuihin, joiden populaatiodynamiikka on aivan toisenlaista. Jalot lehtipuut kasvavat Suomessa levinneisyysalueensa pohjoisrajalla hajanaisina esiintyminä. Useimmat jalojen lehtipuiden populaatiot ovat uhanalaisia jo pienuutensakin johdosta. Geneettisessä mielessä populaatiot ovat vieläkin pienempiä, koska yksilöt osallistuvat lisääntymiseen epätasaisesti, siemensadot ovat usein pieniä ja katovuosia on paljon. Pienet populaatiot ovat alttiita sattuman vaikutukselle. Tässä suhteessa pieniä populaatioita ovat alle 20 yksilön metsiköt (Eriksson 1996). Mahdollisten sattumanvaraisten geenifrekvenssien muutosten lisäksi pienestä populaatioiden yksilömäärästä seuraa myös sukusiitoksen lisääntyminen. Sisäsiitoksella on yleensä elinvoimaa ja kasvua heikentävä vaikutus.

Jalopuiden populaatiogeneettisen tiedon hankintaan voidaan käyttää lajista riippuen erilaisia DNA- ja isoentsyymimenetelmiä (Mattila 1994). Jalojen lehtipuiden geneettinen tutkimus alkoi vasta 1993, jolloin Metsänjalostussäätiö ryhtyi tutkimaan Turun yliopiston aloitteesta metsälehmuksen isoentsyymien muuntelua talvileposilmuista (Mattila 1994). Tarkoituksena oli selvittää luonnonsuojelullisesti merkittävän lehtomet-sien avainlajin lehmuksen perinnöllisen muuntelun laajuutta sekä eteläisissä suuremmissa populaatioissa että pohjoisissa usein reliktisissä, pitkään kasvullisesti lisääntyneissä marginaalipopulaatioissa. Monet esiintymät ehkä edustavatkin vain yhtä kloonina. Koska isoentsyymimenetelmiä metsälehmuksella ei ole saatu toimimaan, tutkimuksesta ei ole vielä tuloksia.

Metsäntutkimuslaitos (METLA) ja Metsänjalostussäätiö aloittivat vuonna 1995 tutkimuksen, jonka tavoitteena on selvittää tärkeimpien jalojen lehtipuulajiemme populaatiogeneettisen rakenteen pääpiirteet (Rusanen ym. 1996; METLA 1997). Ensimmäisiksi kohteiksi valittiin tammi, vaahtera ja kynäjalava sekä menetelmiksi isoentsyymit neutraalin geneettisen muuntelun mittajina. Jatkossa käytetään ehkä DNA-tason tutkimuksia. Kloroplastimarkkerien avulla tutkitaan jo itäisiä ja läntisiä tammi-alkuperiä (Väinölä 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Metsänjalostussäätiössä tehdään populaatiokartoitusta kahdeksasta vuorijalavapopulaatiosta yhden muuntelevan entsyymilokuksen suhteen (Mattila 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Saarnille on käytettävissä muutama muunteleva lokus. Vaahteran osalta on aloitettu pohjoismainen yhteistyöhanke: Generating genetic knowledge on *Acer platanoides* - an insect pollinated hardwood species - implications for gene conservation (Mattila 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

Jaloilla lehtipuilla jo tehtyjen tutkimusten ensimmäiset tulokset tukevat oletusta, että ne poikkeavat pääpuulajeistamme geneettiseltä rakenteeltaan. Näyttää siltä, että jalojen

lehtipuiden populaatiot ovat paljon enemmän geneettisesti erilaistuneita toisistaan kuin pääpuulajimme populaatiot. Tammimetsiköiden väliset geneettiset erot ovat suuremmat kuin esim. männyllä tai tammilla Keski-Euroopassa (Mattila ym. 1994). Pienten, erillisten populaatioiden välillä ei tapahdu sellaista tehokasta geenivaihtoa, joka pääpuula-jeilla tasoittaa paikallisia geneettisiä eroja. Tammella geenivirta siitepölyn tai siementen välityksellä saattaa suhteellisen lähekkäistenkin tammimäkien välillä olla rajoitettua (Lahtinen ym. 1996). Geneettisen muuntelun määrä suomalaisissa tammipopulaatioissa ei kuitenkaan näyttänyt eroavan huomattavasti Keski-Euroopassa julkaistuista arvoista. Myös harvinaisten alleelien osuus oli merkittävä kuten keskieuropalaisissa populaatioissa (Mattila ym. 1994).

Kynäjalavalla (*Ulmus laevis*), jolla luonnonvaraisten yksilöiden määrä Suomessa on ehkä alle 2000, geneettisen muuntelun on todettu olevan huomattavasti vähäisempää ja geneettisen erilaistumisen vielä voimakkaampaa kuin tammella (Mattila ja Vakkari 1997). Yllättäen jalavalla korkeimmat heterotsygotia-arvot löytyivät kahdesta populaatiosta Pyhäjärven seudulta, vaikka suurin osa luonnon jalavista kasvaa Vanajaveden seudulla. Ilmeisesti suuri populaatiokoko ei välttämättä takaa korkeaa heterotsygotiaa - ilmiö, joka on huomioitava jalavan suojelestrategioita suunniteltaessa.

3.2.2. Jalojen lehtipuiden perimän suojeleminen

Suomalaisten jalojen lehtipuiden perimän suojeleminen on erityisen tärkeää, koska populaatiomme edustavat lajin sopeutumia levinneisyysalueen rajalla. Geneettistä suojelua koordinoidaan kansainvälisillä ohjelmilla (IPGRI, EUFORGEN), joiden sisällä kullekin maalle jää vastuu oman perimänsä suojelusta. Jalojen lehtipuiden luonnonvaraiset esiintymät pyritään säilyttämään erilaisilla suojeleohjelmilla, mutta jäljellä olevien luonnonvaraisten esiintymien suojele ei ole riittävä toimintamuoto. Metsiköitä, jotka sopisivat *in situ* -suojeleluun on vähän. Joitakin saarni-, vaahtera- ja lehmusgeenireservimetsiä on kuitenkin jo valittu (Rusanen ym. 1996).

Koska jalojen lehtipuiden populaatiot ovat ilmeisesti geneettisesti toisistaan erilaistuneempia kuin pääpuulajimme populaatiot, niiden geneettisessä suojelussa on valittu päästrategiaksi *ex situ* -säilytys (Rusanen 1996; Rusanen ym. 1996). Lajeittain perustetaan kokoelmia, joihin kerätään yksilöitä useasta eri populaatiosta. Jos populaatiot ovat selkeästi erilaistuneita, säilytetään yksittäisten populaatioiden suojelulla vain rajoitettu otos lajin suomalaisesta perimästä. Tuomalla yhteen eri populaatioiden sisältämää muuntelua laajennetaan geneettistä pohjaa, mikä palvelee myöhemmin myös siementuotantotarkoitusta.

Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelman tutkimuksen "Periytyvän muuntelun jakautuminen ja dynamiikka sivupuulajeilla" tarkoituksena on tuottaa perustietoa geneettisten suojeleohjelmien pohjaksi (Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Projektin vastuullisena johtajana toimii Veikko Koski Metsäntutkimuslaitokselta. Hankkeessa tutkitaan, kuinka hyvin luontaisten esiintymien muodostama verkosto voi varmistaa geenivarannon säilymisen. Lisäksi selvitetään, miten sivupuulajien "elävät geenipankit" eli erityiset säilytyskokoelmat tulisi muodostaa. Pitäkö ottaa paljon puita muutamasta esiintymästä vai vähemmän puita mahdollisimman monesta esiintymästä. Tutkimus luo pohjaa myös ns. sivupuulajien jalostuksen suunnittelulle. Työ alkaa periytyvän muuntelun kartoituksella. Isoentsyymi- ja DNA-tekniikoita käyttäen saadaan

geneettisestä koostumuksesta tietoa, joka paljastaa osan metsiköiden perinnöllisistä ominaispiirteistä. Esiintymän koon, iän ja eristyneisyyden vaikutus muuntelun määrään saadaan selville.

Oleellinen osa geneettistä suojelua on myös viljelyaineiston viisas ja kontrolloitu käyttö. Koska esimerkiksi istuttamalla voidaan lisätä huomattavasti koko maan tammien lukumäärää, laajamittaisen tammenviljelyn vaikutukset koko lajin geenivarantoon ovat paljon suuremmat kuin pääpuulajien viljelyssä (Mattila ym. 1996). Pitkällä aikavälillä uusien jalopuumetsiköiden istuttamisella on mahdollista palauttaa geenivirta pirstoutumisesta kärsivien esiintymien välille. Kun kaikilla puulajeilla käytetään alkupe-
rältään sopivaa ja geneettiseltä taustaltaan tunnettua viljelyaineistoa, luodaan edelly-
tykset sekä onnistuneelle metsätaloudelle että geneettisen monimuotoisuuden säi-
lyttämiselle (Rusanen ym. 1996).

3.2.3. Pajukasvit - pohjoisten alueiden biodiversiteetin rikastuttajat

Pajukasvit (pajut, haapa, poppeli) ovat eräitä vanhimmista kaksisirkkaisista kasviryh-
mistä. Pajut ovat ilmeisen hyvin sopeutuneet pohjoisten leveyksien ankariin ilmasto-
olosuhteisiin, ja rajut ympäristömuutokset kuten jääkaudet näyttävät suosineen pajujen
lajiutumista. Pajut ja niitä ravintonaan käyttävät hyönteiset, esim. sahapistiäishyönteiset
eli sahiaiset, tarjoavat erinomaisen "kenttäkokeen" luonnon eliöyhteisöjen
kehityshistorian ja biodiversiteetin perusmekanismien tutkimiselle. Suomen Akatemian
biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvassa tutkimuksessa "Pajukasvit - pohjoisten
alueiden biodiversiteetin rikastuttajat" selvitetään entsyymielektroforeesia ja DNA-tek-
niikoita soveltaen pohjoisen lehtimetsä- ja havumetsävyöhykkeen pajulajiston kehi-
tyshistoria, lajien keskinäiset sukulaisuussuhteet sekä lajinsisäinen perinnöllinen
vaihtelu pajukloonien ja eri alueilla ja erilaisissa ympäristöissä kasvavien pajupopulaati-
oiden välillä. Tutkimuksen vastuullisena johtajana toimii Jorma Tahvanainen Joensuun
yliopistosta (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

3.3. Mansikan, karpalon, puolukan ja lakan geneettisestä muuntelusta

Mansikasta on tehty kromosomilukumäärityksiä sekä mansikkalajien määrittämiseksi että
niiden historian selvittämiseksi. Paikallisiin ilmasto-olosuhteisiin hyvin sopeutunut,
geenipankkiin tallentamisen arvoinen virginianmansikka on oktoploidi (Ahokas 1995).
Korkeamman polyploidiatason kasvit syntyvät vähemmän polyploideista muodoista.
Ainakin yksi primitiivisimmistä mansikkagenomeista on ehkä löydettävissä diploidista
ahomansikastamme (Ahokas 1973). Harvinaisen mansikan (*Fragaria viridis*) pieni Si-
poon saaren kanta muodostuu ainakin kahdesta genotyypistä. Yhden kloonin kro-
mosomiluku määritettiin diploidiksi. Koska mansikan kromosomit ovat pieniä, man-
sikan kromosomiluvun määrittäminen sytologisin keinoin on aikaa vievää. Tumien
DNA-määrän mittaaminen virtausytometrialla voi olla nopeampi vaihtoehto polyploidia-as-
teen määrittämiseksi (Antonius ja Ahokas 1996).

Heksaploidi karpalo on Suomessa laajalle levinnyt (Ahokas 1996). Tetraploidin karpa-
lon kuulumista suomalaiseen luontoon ei ole riittävästi selvitetty. Jos sitä esiintyy Etelä-
Suomessa, se on todennäköisesti harvinaisin polyploideista karpalolajeista.

Puolukasta on löytynyt triploidinen kloonin 5-10 vuotta aiemmin hakatusta moreenimaalla kasvavasta kuusimetsästä (Ahokas 1971). Sen muista populaatioista tutkitut kasvit olivat diploidisia. Triploidin kloonin ekologinen sopeutumiskyky vaatii lisäselvityksiä.

Lakan populaatioiden kloonirakennetta tutkitaan käyttämällä erittäin tarkkaa ns. DNA-sormenjälkimenetelmää (Korpelainen 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Alustavien tulosten perusteella muuntelua näyttää olevan vähän. Elektroforeettisten tutkimusten perusteella kloonien lukumäärä per populaatio on alhainen (Korpelainen 1994).

3.4. Geneettisen muuntelun määrä alueellisesti uhanalaisella mäkitervakolla

Jyväskylän yliopiston bio- ja ympäristötieteen laitoksessa 1995 alkaneissa Antti Lammin, Pirkko Siikamäen ja Rauno Alatalon tutkimuksissa on selvitetty entsyymielektroforeesin avulla geneettisen muuntelun määrää alueellisesti uhanalaisella mäkitervakolla (*Lychnis viscaria*). Laji esiintyy pienissä eristyneissä populaatioissa. Tutkimuskysymykset liittyvätkin enemmän pienten populaatioiden geneettiin ongelmiin yleensä kuin ko. kasvilajiin sinänsä. Tutkittaessa populaatiokoon ja geneettisen muuntelun määrän yhteyttä on havaittu, että ko. lajilla pienissä populaatioissa on vähemmän geneettistä muuntelua. Päälevinneisyysalueen populaatioista löydettiin enemmän geneettistä muuntelua kuin levinneisyysalueen populaatioista. Lisäksi on selvitetty muuntelun ja yksilöiden elinvoimaisuuden välistä yhteyttä. Tutkimukset jatkuvat nykyisellään ainakin 1.5 vuotta (Lammi 1997, henkilökohtainen tiedonanto, Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

3.5. Pahtakeltto (*Crepis tectorum*) -alalajien geneettinen erilaistuminen.

Helmi Kuittisen (Oulun yliopisto) ja Anne Jäkäläniemen (Metsähallitus) tavoitteena on tutkia geneettistä erilaistumista pahtakeltto (*Crepis tectorum*) ja ketokeltto (*Crepis tectorum* spp. *nigrescens*) -alalajien välillä syksyllä 1997 (Kuittinen 1997, henkilökohtainen tiedonanto). *Crepis tectorum* spp. *nigrescens* -muoto on harvinainen ja halutaan saada lisätietoa sen suojelun tarpeen määrittämiseksi. Tutkimuksessa selvitetään, onko alalaji *nigrescens* geneettisesti erilainen kuin nimimuoto. Alalajit on määritelty morfologisten ominaisuuksien perusteella. Geneettistä erilaistumista tutkitaan entsyymielektroforeesin avulla. Menetelmällä pystytään arvioimaan, onko geneettinen erilaistuminen neutraaleissa merkkigeeneissä (entsyymigeenit) yhteydessä morfologiseen erilaistumiseen, joka on antanut aiheen alajakoon. Erilaistumista entsyymigeeneissä voidaan verrata muista lajiryhmistä oleviin tietoihin. Joidenkin *C. tectorum* -populaatioiden (Suomenlahti) ryhmittely alalajeihin on ollut lisäksi epäselvää.

3.6. Geneettinen muuntelu merkkigeneissä ja kvantitatiivisissa ominaisuuksissa lituruohon luonnonpopulaatioissa

Helmi Kuittinen Oulun yliopistosta, Anu Mattila Metsäjalostussäätiöstä ja Outi Savolainen Oulun yliopistosta tutkivat geneettistä muuntelua merkkigeneissä ja kvantitatiivisissa ominaisuuksissa kuudessa lituruohon (*Arabidopsis thaliana*) luonnonpopulaatioissa (Kuittinen 1997, henkilöhtainen tiedonanto). Tarkoituksena oli selvittää kvantitatiivisen muuntelun määrää populaatioissa ja muuntelun määrää populaatioiden välillä. Populaatioiden geneettistä rakennetta ja erilaistumista haluttiin selvittää isoentsyymi- ja DNA-merkkigeenien avulla. Populaatiot olivat peräisin Tanskasta, Ruotsista ja Suomesta. Kvantitatiiviset ominaisuudet liittyvät kehitysaikaan ja morfologiaan, ja niitä olivat kasvunopeus, lehden muoto sekä kukkimisaika. Kahdessa eteläisessä populaatioissa oli populaatioiden sisällä merkitsevää kvantitatiivista muuntelua, muissa populaatioissa geneettistä muuntelua ei ollut. Merkkigeenien antama tulos oli samanlainen. Eteläisimmät populaatiot koostuivat useasta genotyypistä ja pohjoisimmat vain yhdestä. Erilaistuminen populaatioiden välillä oli samaa suuruusluokkaa sekä merkkigeneissä että kvantitatiivisissa ominaisuuksissa.

3.7. Rantavehnän tienvarsien alhaiseen suolapitoisuuteen sopeutumisen geneettinen tausta

Tavallisesti merenrantakasvina pidetty, taloudellisesti tärkeään Triticeae-heimoon kuuluva rantavehnä (*Leymus arenarius*) on sopeutunut alhaiseen suolapitoisuuteen vain muutamassa vuosikymmenessä sen siementen kulkeuduttua liikenteen ja niittokoneiden mukana sisämaahan pitkin tienvarsia (Ahokas 1992; Greipsson ym. 1997). Sopeutumisen nopeus viittaa siihen, että mahdollisesti vain muutama geeni on vastuussa rantavehnän suolansietokyvystä siemenen itämisen aikana. Lisäksi näiden geenien aktiivisuus on ilmeisesti geneettinen taakka alueilla, joissa suolansietokyky on tarpeetonta.

Elektroforeettisesti tutkitut siemenvalkuaisen proteiinikuviot olivat erilaiset 90%:ssa tienvarsipopulaatioista. Tämä viittaa korkeaan perustajanvaikutukseen ts. muuttavien yksilöiden määrä on ollut pieni, jolloin sattuman vaikutuksesta niihin on voinut osua keskimääräisestä poikkeava otos geenejä. Populaatioissa muuntelu oli vähäistä, mikä viittaa alhaiseen heterotsygotia-asteeseen ja pääasialliseen itsepölytykseen (Ahokas 1992). *Leymus arenarius* on ehdollisesti ristisiittoinen; itsepölytys on hyödyllistä sopeutuneille ja nopeasti kolonisoituville rantavehnän eristyneille rykelmille.

Edellisiin tutkimuksiin läheisesti liittyvänä Hannu Ahokas (Maatalouden tutkimuskeskus) on tuottanut ja kasvattanut hybridikasveja ohran ja rantavehnän risteytyksestä (Ahokas 1997).

3.8. Geneettistä muuntelua kartoitetaan ahvenvidalla, hevонhierakalla, aho- ja niittysuolaheinällä

Helena Korpelaisella (Helsingin yliopisto) on tällä hetkellä menossa yhteistyökumppaniensa kanssa biodiversiteettiin liittyvää tutkimusta useilla suomalaisilla kasveilla (Korpelainen 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Mari Aallon ekologis-geneettisessä pro gradu -työssä tutkimuskohteena on ahvenvita (*Potamogeton perfoliatus*). Työssä selvitetään geneettisen muuntelun ja ympäristötekijöiden välistä suhdetta.

Helsingin yliopiston aho- ja niittysuolaheinätutkimus (*Rumex acetosella* ja *R. acetosa*) on loppunut. Isoentsyymitutkimuksissa löytyi runsaasti geneettistä muuntelua kaikista tutkituista pohjoisamerikkalaisista ja eurooppalaisista *Rumex acetosella* -populaatioista (Korpelainen 1995a). Tämä sopii havaintoon, jonka mukaan laajalle levinneillä lajeilla on enemmän entsyymitasen muuntelua kuin rajoitetummalla alueella esiintyvillä lajeilla (Hamrick ja Godt 1990). *Rumex acetosella* on ristisiittoinen ja tuulipölytteinen. Nämä ominaisuudet lisäävät geneettistä monimuotoisuutta (Hamrick ja Godt 1990). Hevонhierakasta (*Rumex longifolius*) tehtävä tutkimus morfologisesta ja geneettisestä muuntelusta Pohjoismaissa on viimeistelyvaiheessa. Muuntelua on löytynyt paljon, mutta morfologinen muuntelu ei korreloi geneettisen muuntelun kanssa (Korpelainen 1997, henkilökohtainen tiedonanto).

3.9. Molekyyligeneettiset menetelmät sanikkaisten ja sammalien biodiversiteettitutkimuksissa

Projektiin, jossa kehitetään molekyyligeneettisiä menetelmiä sanikkaisten ja sammalien biodiversiteettitutkimuksia varten, suomalaisiin tutkimuskohteisiin kuuluvat saniaissuvut *Dryopteris* ja *Pteridium* ja kortesuku *Equisetum* (Korpelainen 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Nämä uudet menetelmät täydentävät systemaattisessa tutkimuksessa perinteisesti käytettyjä, mutta usein puutteelliseksi havaittuja morfologisia tutkimusmenetelmiä. Sanikkaisilla yleiset ilmiöt, hybridisaatio ja polyploidia, ja sammalien usein riittämättömät rakenteelliset lajituntomerkit korostavat molekyyligeneettisten menetelmien tärkeyttä. Tutkimalla perinnöllistä muuntelua saadaan tietoa sanikkaisten ja sammalien monimuotoisuudesta, systematiikasta ja lajiutumisen sekä lisääntymisjärjestelmien evolutiivisesta merkityksestä. Näiden seikkojen tuntemus on itiökasvien kohdalla toistaiseksi oleellisesti vähäisempää kuin siemenkasveilla.

Erityisen mielenkiintoista on selvittää lisääntymisjärjestelmän vaikutusta populaatioiden geneettiseen rakenteeseen ja yleensäkin evoluutioprosessiin. Itsesiitos voi johtaa huomattavaan muuntelun vähenemiseen. Korpelainen (1995b) sekä Korpelainen ja Kolkkala (1996) ovat havainneet entsyymitutkimustensa perusteella ristisiitoksen olevan yleistä monilla sanikkaislajeilla itsesiitoksen mahdollisuudesta huolimatta. Sanikkaisten geneettistä muuntelua on tutkittu varsin vähän ja lähinnä perustuen entsyymimuuntelun tutkimiseen elektroforeesin avulla. Sammalien genetiikkaa on tutkittu vieläkin vähemmän.

Itsesiitoksen/ristisiitoksen selvittämisessä proteiinimuuntelun tutkiminen on yleensä riittävää. Sen sijaan populaatioiden tarkemman geneettisen analyysin suorittamiseen

tarvitaan tietoja DNA-polymorfismeista. Entsyymitutkimuksia on jo tehty ja DNA-menetelmien soveltaminen aloitettu. Lisäksi DNA-määrittäjiä varten on kehitetty virtausytometrisiä menetelmiä. Polyploidia on sanikkaisilla yleistä. Niiden ploidiyasuhteiden tutkiminen on nopeaa ja luotettavaa, kun hitaiden sytogeneettisten menetelmien soveltamisen sijasta mitataan solujen sisältämän DNA:n paino.

Geneettisessä tutkimuksessa käytetään materiaalina luonnonpopulaatioista kerättyjen sporofyyttien lehtiä, itiöistä laboratorio-oloissa kasvatettuja kokonaisia gametofyyttejä ja nuoria laboratoriogametofyyttien tuottamia sporofyyttejä. Materiaalina käytetään myös herbaarioaineistoa ja muuta kuivattua materiaalia.

3.10. Koivun versojen ja lehtien sieniyhteisön diversiteetti

Jarkko Hantulan (METLA) Biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvassa tutkimuksessa selvitetään koivun versoissa ja lehdillä esiintyviä sieniä morfologisten ja molekulaaristen menetelmien avulla. Tarkoituksena on määrittää eri lajien taksonomiset suhteet. Yleisimmiksi todettavien sienten patogeenisuus tullaan testaamaan. Lisäksi niissä esiintyvän perinnöllisen muuntelun määrä tullaan selvittämään. Näiden analyysin tuloksena pyritään ymmärtämään sienidiversiteetin ja harsuuntumisen välinen suhde (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

4. MIKROBIEN MONIMUOTOISUUDEN TUTKIMUS

Maamikrobien perinnöllinen monimuotoisuus on DNA-tekniikalla tehtyjen tutkimusten perusteella todettu paljon laajemmaksi kuin mikrobiologisilla tai muilla menetelmillä pystyttiin aiemmin osoittamaan. DNA-tekniikat tarjoavat uusia näkymiä mikrobiryhmiin metsämaassa, mutta myös muissa ympäristöissä. Niiden avulla voidaan selvittää mm. seuraavia asioita: 1. Mitkä taksonomiset ja/tai aineenvaihdunnallisesti erikoistuneet mikrobiryhmät ovat vallitsevia esimerkiksi "puhtaassa" ja kuormitetussa metsässä? 2. Esiintyykö joissain elinympäristöissä tiettyjä geenejä ja kuinka laajassa suku/laji-kirjossa, kuinka aktiivisia ne ovat? 3. Onko joissain elinympäristöissä pitkälle erikoistuneita (ehkä vähälukuisia) mikrobeja, kuten arkkibakteereja? 4. Mitkä ovat joka paikan mikrobilajit? (Saano 1995).

Mikrobiologiset prosessit vastaavat keskeisesti aineiden kierrosta maassa ja vedessä. Mikrobien diversiteettiä pidetään myös tärkeänä luonnonvarana, koska nykyään vielä tuntemattomat mikrobit voivat olla hyödyksi bioteknisissä sovelluksissa. Suomen maaperän mikrobilajistoa ei ole laajasti kuvattu, eikä DNA-menetelmiä lajiston selvittämiseen ole vielä muuallakaan laajasti sovellettu. Mikrobien monimuotoisuuden tutkimuksessa DNA-menetelmät ovat ylivertaisia siinä mielessä, että yksittäisten mikrobien eristäminen elävänä tai kuolleena ei ole tarpeen. DNA-tekniikat antavat mahdollisuuden kartoittaa mikrobiston geneettistä monimuotoisuutta keräämällä tietoa mikrobien geenikvensseistä, jolloin päästään selville ennestään täysin tuntemattomien mikrobien olemassaolosta. Esimerkiksi arkkibakteerien perimän pätkiä on löydetty suomalaisesta metsämaasta (Jurgens ym. 1997). Arkkibakteereja on yleensä löydetty vain ääriolosuh-

teista. *Rhizobium*kin on tärkeä bakteeri, jota tutkitaan DNA-tekniikoilla Helsingin yliopistossa (esim. Nick ja Lindström 1994; Tas ym. 1995; Tas ym. 1996). Suomen Akatemian biodiversiteettihankkeessa "Metsämaaperän hajottajaeliöstön toiminnallisen monimuotoisuuden merkitys ekosysteemin häiriön siedossa" käytetään DNA-analyysijä maaperän mikrobiston rakenteen selvittämiseksi (Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Tutkimuksen vastuullisena johtajana toimii Heikki Setälä Jyväskylän yliopistosta.

Metsämaan mikrobien tutkimukseen kehitellään molekyylogeneettisiä menetelmiä myös Suomen ympäristökeskuksessa. Molekyylibiologian menetelmistä on saatu alustavissa kokeissa otetuksi käyttöön metsämaanäynteille soveltuva DNA:n eristysmenetelmä, eräiden 16S rDNA-jaksojen monistus sekä denaturoiva gradienttielektroforeesi saman pituisten monistettujen sekvenssien erottelunsa (Niemi ym. 1996). Molekyylibiologian tarjoamat menetelmät ovat lupaavia lajistuselvytyksissä erityisesti siksi, että niillä kyetään osoittamaan myös mikrobit, joita ei viljelymenetelmin saada esiin. Menetelmillä päästään luotettavaan tunnistukseen ja fylogenen selvittämiseen. Toisaalta toistaiseksi on riittämättömästi tietoa saannosta eristettäessä DNA:ta ja monistettaessa sen jaksoja maanäynteistä. Alustavat tulokset tässä Suomen ympäristökeskuksen tutkimuksessa rohkaisevat jatkamaan. DNA:n eristykseen perustuvaa analytiikkaa tulisi täydentää käyttämällä *in situ* -hybridisaatiomenetelmiä. Molekyylogeneettisten tekniikoiden soveltaminen myös vesien mikrobien monimuotoisuuden ja siinä tapahtuvien muutosten tutkimiseen edistäisi vesiekosysteemiin haitallisesti vaikuttavien muutosten havaitsemista mahdollisimman varhaisessa vaiheessa (Niemi 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Ihmisen toiminnan vaikutuksia ympäristöön tulisi voida tutkia mahdollisimman herkillä menetelmillä, jotka osoittavat muutokset lajistossa, olipa aiheuttajana sitten metsänhoidon tai maatalouden käsittelymenetelmä, teollisuuden ja liikenteen aiheuttama kuormitus, ilmastonmuutos tai vieraiden eliöiden tai geneettisesti muunnettujen organismien lisääminen ympäristöön.

5. SUOMALAISTEN KOTIELÄINTEN JA VILJELYKASVIEN PERINNÖLLISEN MONIMUOTOISUUDEN SUOJELU

5.1. Kulttuuri yhdenmukaistuu - monimuotoisuus vähenee

Harvoja jalostettuja lajeja suosiva maatalous köyhdyttää lajien sisäistä perinnöllistä monimuotoisuutta ja samalla vähentää niiden kykyä selviytyä muutosten sattuessa. On nurinkurista, että kasvien jalostuksella pyritään tietoisesti suurituottoisiin, perimältään kapeapohjaisiin lajikkeisiin, jotka mahdollisten ympäristökatastrofien yhteydessä karsiutuvat ensimmäisenä. Maailmalla tästä on useita esimerkkejä (esim. WRI ym. 1995). Yksittäisten lajien perinnöllisellä muuntelulla on valtava merkitys. Geneettinen monimuotoisuus muodostaa perustan tuholais- ja taudinkestävien sekä tuotantokykyisten kantojen kehittämiseksi. Ennen vanhaan useita perinnöllisesti erilaisia viljelykasvilajikkeita istutettiin sekaisin sadon onnistumisen turvaamiseksi (WRI ym. 1995). Nykyisin pääosan kasvituotannosta muodostavat vain harvat taloudellisesti merkittävät lajit ja samalla käytössä oleva lajikevalikoima on yhdenmukaistunut. Ihmisen kulttuurin homogenisoituminen näyttää johtavan globaaliin vaatimukseen samoista tuotteista ja samalla tavalla valmistetusta ruoasta, joka on kasvanut samalla tavalla

viljelyillä pelloilla. Yhteiskunnallisia näkökulmia kasvinjalostuksen geneettiseen diversiteettiin selvittää Ilkka Alanen (Jyväskylän yliopisto) työryhmineen. Hanke kuuluu Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimusohjelmaan (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

Ihmisen hyötykäytössä olevien lajikkeiden ja rotujen geneettinen monimuotoisuus saattaa tulevaisuudessa osoittautua entistäkin tärkeämmäksi, jos maapallon ilmastomuutokset tulevat asettamaan uusia vaatimuksia ravinnon tuotannolle (Onnela 1996). Biologista monimuotoisuutta koskevan yleissopimuksen määrittelyn mukaan biologisen monimuotoisuuden ylläpitoon kuuluvat myös "jalostetut ja viljellyt lajit". Nykyaikainen biodiversiteettitutkimus ja geenivarojen suojeleminen ei kuitenkaan saa rajoittua vain viljelykasveihin, vaan sen tulee kattaa myös luonnonvaraiset kasvit ja samalla potentiaaliset tulevaisuuden hyötykasvit ja kasvinjalostuksessa tarvittavan geenimateriaalin lähteet (Korpelainen 1997, henkilökohtainen tiedonanto)

Suomalaisten viljelykasvien perinnöllisen monimuotoisuuden suojelussa yhdistyvät *in situ* - ja *ex situ* -suojelumuodot. Tulevaisuuden kasvinjalostustyötä ajatellen on tärkeää huolehtia maatiaislajikkeiden arvokkaan perimän säilymisestä. Onnela (1996) on tehnyt selvityksen maatiaisten ja vanhojen viljelykasvilajikkeiden esiintymisestä. Maatiaiskasvit ovat kehittyneet pitkän ajan kuluessa sopeutumalla luonnonvalinnan ja ihmisen toiminnan kautta viljely-ympäristönsä olosuhteisiin. Niiden edustama lajin sisäinen geneettinen vaihtelu on rikasta. Riittävä lajin sisäinen muuntelu on ollut erityisen tärkeää viljelyn ääriolosuhteissa. Geneettinen eroosio eli maatiaiskasvien ja viljelykasvien villien kantamuotojen häviäminen, siis lajien sukupuutto ja lajin sisäisen vaihtelun kapeneminen on maailmanlaajuisesti merkittävä geneettistä monimuotoisuutta vähentävä tekijä.

Maatiaiskasvien viljely niissä olosuhteissa, joissa niiden lajiketyypilliset ominaisuudet ovat kehittyneet, ns. on farm -conservation, on dynaaminen geenivarojen *in situ* -suojelumuoto. Maatiaiskasvien *ex situ* -säilytyksestä vastaa maassamme pääasiassa Pohjoismaiden Ministerineuvoston alaisuudessa toimiva Skånessa sijaitseva Pohjoismaiden pelto- ja puutarhakasvien geenipankki. Se osallistuu myös kansainväliseen yhteistyöhön geenivarojen hyödyntämistä ja suojeleminen koskevista hankkeista ja verkostoista. Yhteispohjoismaisessa geenipankissa pyritään säilömään myös puutarhatuotannolle ja kasvinviljelylle hyödyllisiä tai erittäin uhanalaisia lajeja. Suomi on osallistunut Pohjoismaiseen geenipankkiyhteistyöhön vuodesta 1989. Viljelykasvien osalta Maatalouden tutkimuskeskuksella (MTT) on tallennettuna näytteitä kotimaisista perinnelajikkeista (Työryhmämuistio 1996). Siemennäytteiden säilyttäminen geenipankeissa (*ex situ* -suojelu) turvaa geenivarojen säilymistä, mutta kasvipopulaatiot eivät tällöin kykene sopeutumaan jatkuvaan ympäristön ja kasvuolosuhteiden muuttumiseen. Geenipankit ovat hidastaneet perinnöllisen monimuotoisuuden katoamista, mutta ajoittaiset siementen uudistamisen kustannukset ja mekaanisten häiriöiden riski ovat tehneet siemenpankit epävarmoiksi (WRI ym. 1995).

5.2. Kotieläinlajien perinnöllinen monimuotoisuus pitää turvata

FAO:n mukaan kolmannes jäljellä olevista maailmanlaajuisista geenivaroista on uhattuna. Järjestön moniosaisessa ohjelmassa geenivarojen säilyttämiseksi (The Management of Global Animal Genetic Resources) Suomi on mukana Euroopan alueen ohjelmassa. Suomessa työtä koordinoi Maatalouden tutkimuskeskus. Geeniai-neksen monimuotoisuuden suojelemiseksi on perustettu geenipankkeja. Pohjoismaisen kotieläinten geenipankin tavoitteena on säilyttää pohjoismaisten alkuperäisten kotieläinkantojen geeniperimä. Uhanalaisia rotuja ja kantoja pyritään säilyttämään geenipankkikarjoina/katraina tai pakastetun sperman ja alkuiden muodossa. Geenipankin yhteydessä on käynnissä pohjoismaisten kotieläinrotujen geneettistä muuntelua selvittävä projekti. Suomessa hankkeeseen osallistuu Maatalouden tutkimuskeskus, jonka toimesta on monista harvinaisten kantojen eläimistä otettu ve-rinäytteet molekyylogeneettisiä tutkimuksia varten. Tähän mennessä on arvioitu eri kanakantojen sisäisen ja keskinäisen muuntelun määrä. Samanlainen tutkimushanke on meneillään naudalla ja lampaalla. Maatalouden tutkimuskeskuksen tutkimusprojekteihin kuuluu myös pohjoismaisten maitorotujen jalostuspopulaatioiden geenivarojen säilyt-täminen ja kehittäminen. Geenivarojen säilyttämisellä on taloudellisia, eläinjalostuk-sellisia, tieteellisiä ja kulttuurihistoriallisia perusteita (MTT 1997; Työryhmämuistio 1996).

6. IHMINEN MUUTTAU LUONTOA: VIERAAT LAJIT JA GEENITEKNIKALLA MUUNNETUT ORGANISMIT GENEETTISEN DIVERSITEETIN UHKANA

Ihminen vaikuttaa luontoon mekaanisesti muokkaamalla, hävittämällä ja pirstomalla elinympäristöjä ja kemiallisesti saasteiden ja vieraiden aineiden kautta. Vaikka mutaatiot lisäävät geneettistä diversiteettiä, on muistettava, että ne ovat sattumanvaraisia ja tavallisesti sopeuttavat eliön entistä huonommin ympäristöönsä. Siksi onkin huolestuttavaa niin ihmisen kuin muidenkin eliöiden kannalta, että epänormaalit ympäristöt lisäävät mutaatioiden määrää ja populaatioiden geneettistä taakkaa esim., kun populaatiot tai lajit altistuvat antropogeenisille tekijöille kuten mutageenisille kemi-kaaleille tai UV-säteilylle otsonikerroksen hajoamisesta johtuen. Esimerkiksi kro-mosomipoikkeavuuksien löytyminen harmaahylkeiden poikasten viljellyistä lymfosyy-teistä ja erityisen korkea poikkeavuuksien frekvenssi joillakin yksilöillä viittaa siihen, että hylkeet ovat altistuneet ympäristössään mutageeneille. Tämä havainto antaa lisä-valaistusta Itämeren hylkeiden ympäristön saastumisen aiheuttamiin vammoihin ja huonoon terveyteen (Hongell 1996). Lukuisa joukko kulttuurilajeja tai niiden perinnöllisiä muotoja on riippuvaisia ihmisen luomista elinympäristöistä. Kulttuu-riekosysteemit ovat monin paikoin vaarassa perinteisten maankäyttömuotojen väistyessä, mikä puolestaan vähentää kulttuurilajien ja niiden muunnosten monimuotoi-suutta ja potentiaalisia hyödyntämismahdollisuuksia (Suomen Akatemia 1996).

Ihminen muuttaa luontoa myös biologisesti esimerkiksi istuttamalla vieraita lajeja. Mm. istuttamalla vieraita kalakantoja uusiin vesiin on usein menetetty arvokasta alkuperäistä geeniai-nesta. Geenitekniikalla muunnettujen organismien (GMO) ympäristöriskien

tunnistamisessa ollaan vasta alussa, mutta niihin liittyviä ongelmia voi joissain tapauksissa verrata vieraisiin lajeihin liittyviin ongelmiin. GMO voi olla alkuperäisiä organismeja kilpailukykyisempi ja vallata niiden elinalaa. Risteytymällä esimerkiksi luonnon kasvien kanssa, GMO:n perimästä voi siirtyä geenejä luonnon eliöihin. Tanskalaisessa tutkimuksessa on todettu, että siirtogeeninen rapsi risteytyy helposti useiden luonnonvaraisten sukulaiskasvien kanssa. Nämä erittäin lisääntymiskykyiset risteymät voivat edelleen risteytyä takaisin luonnonvaraisten sukulaisten kanssa (Mikkelsen ym. 1996).

Koska geenitekniikalla muunneltujen eliöiden käyttäytymistä ja vaikutusta luonnossamme on erittäin vaikea ennakoida, geenitekniikan aiheuttamia ympäristöhaittoja pyritään ehkäisemään 1995 voimaan tulleella geenitekniikkalailla (377/95) ja asetuksella (821/95). Erityisesti tulisi tutkia sellaisia muunneltuja ja mahdollisesti muunneltavia organismeja, joilla on Suomessa sukulaislajeja, joiden kanssa nämä voivat risteytyä. Näiden sukulaislajien geneettinen rakenne olisi myös selvitettävä, jotta mahdolliset GMO:ista aiheutuneet muutokset voitaisiin havaita. Geenitekniikan ympäristövaikutuksia koskevia riskinarviointimenetelmiä kehitetään parhaillaan eri puolilla maailmaa. Esimerkiksi norjalaisen NINA.NIKU-projektin on tarkoitus kehittää menetelmiä ja strategioita avainlajistoon kuuluvien siirtogeenisten puiden ekologisten vaikutusten arvioimiseksi, esimerkkinä kuusi (*Picea abies*) (Tommerås ym. 1996).

Pohjois-Savon ympäristökeskuksessa, Helsingin yliopistossa, SYKEssä, METLAssa ja Joensuun yliopistossa jatketaan "Siirtogeenisten kasvien ympäristövaikutukset Suomen luonnonoloissa" -selvityshanketta ja OECD:lle koivun perusbiologiasta tehtävää selvitystä kokeellisella tutkimuksella. Hankkeessa selvitetään siirtogeenien mahdollinen luonnonpopulaatioihin leviämisen suuruusluokka koivulla käyttäen neutraaleja merkkigeenejä. Mahdollisiin biodiversiteettivaikutuksiin kiinnitetään erityistä huomiota (Ruohonen-Lehto 1997, henkilökohtainen tiedonanto). Kun geenisiirtojen vaikutuksia testataan luonnossa kenttäkokeilla, testausten ja myöhemmän mahdollisen kasvatuksen aikana siirretyt geenit eivät saa levitä ympäristöön, mikä esimerkiksi tuulipölytteisellä koivulla tapahtuisi erittäin helposti. Jos testattavat koivut ovat steriilejä, tämä ongelma on poistettu. Tuomas Sopasen (Joensuun yliopisto) tutkimusryhmän biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvassa projektissa "Kukkimattomien koivujen kehittäminen yhdistelmä-DNA-tekniikalla" on tarkoitus kehittää menetelmä, jonka avulla mikä tahansa koivukloonin voidaan tehdä steriiliksi. Lisäksi eristettyjä geenejä käyttämällä saadaan ehkä uudenlaista tietoa koivujen geneettisestä muuntelusta, koivupopulaatioiden sukulaisuussuhteista ja evoluutiosta (Biodiversiteettikoordinaatio 1997).

Mikro-organismien levinneisyydestä ja niiden vuorovaikutussuhteista luonnossa on vain vähän tietoa, joten muunneltujen mikro-organismien seuranta ja valvonta on vaikeaa. Tarkat tutkimukset luonnon kaltaisissa mallisysteemeissä ovat välttämättömiä, jotta odottamattomilta seurauksilta geenitekniisesti muunneltujen mikro-organismien (GMMO) lisäyksen yhteydessä voitaisiin välttyä. Ympäristöön lisättyjen mikro-organismien erottamista voidaan helpottaa leimaamalla ne erityisillä merkkigeeneillä (Björklöf 1997). Geenitekniikalla muunneltujen mikro-organismien ympäristövaikutuksia tutkitaan mm. Helsingin yliopiston ja Suomen ympäristökeskuksen biodiversiteettitutkimusohjelmaan kuuluvassa projektissa (vastuullinen johtaja Timo Kairesalo) "Miten humus säätelee biodiversiteettiä metsämaassa ja järvässä". Siinä selvitetään, miten esimerkiksi puuntainenien istutusten yhteydessä levitettyt, geenitekniisesti muunnellut mikro-organismit vaikuttavat maaperän biodiversiteettiin

(Biodiversiteettikoordinaatio 1997). Pitkäjärven (1997) geenitekniikalla muunnettujen mikro-organismien ympäristövaikutuksia käsittelevä raportti antaa laajan yleiskuvan tämänhetkisestä mikro-organismien tutkimustilanteesta ja keskeisimmistä geenitekniikalla muunnettujen mikro-organismien ympäristövaikutuksia koskevista tekijöistä. Siinä korostetaan myös tutkimusvoimavarojen lisätarvetta geenitekniikan ympäristövaikutusten tutkimukselle.

7. JOHTOPÄÄTÖKSET JA YHTEENVETO

Perinnöllinen monimuotoisuus on olennainen osa biologista monimuotoisuuttamme, ja ennen kaikkea se on evoluution perusta. Eläinten ja kasvien levinneisyysalueiden pohjoisille äärirajoille geneettisesti sopeutuneet suomalaiset kannat ovat myös lajien biodiversiteetin kannalta arvokkaita. Maamme eliölajien geneettinen monimuotoisuus tunnetaan vielä huonosti. Taloudellisesti merkittäviä lajeja lukuunottamatta sitä on toistaiseksi tutkittu vähän, mutta useita Suomen luonnon geneettisen monimuotoisuuden tutkimuksia käynnistyy erityisesti Suomen Akatemian biodiversiteettitutkimisohjelmassa 1997 - 2002 yliopistoissa ja tutkimuslaitoksissa. Keskeisiä tutkimuskysymyksiä ovat mm. geneettisen muuntelun merkitys luonnonkantojen elinkyvylle sekä geenivarojen käyttö jalostuksessa ja viljelyssä.

Monet ympäristön muutokset, kuten saastuminen ja ekosysteemien pirstoutuminen, voivat johtaa perinnöllisen monimuotoisuuden vähenemiseen ja edelleen populaatioiden elinkyvyn heikentymiseen. Tutkimustuloksia elinympäristön muutosten vaikutuksesta populaatioiden geneettiseen rakenteeseen ei juurikaan maassamme ole. Esimerkiksi tutkimus metsien pirstoutumisen vaikutuksesta taigalajien (liito-orava ja kuukkeli) geneettiseen rakenteeseen on vasta käynnistymässä. Nopeasti muuttuvan ympäristön vaikutusta sylkikaskaan geneettiseen monimuotoisuuteen tutkitaan Itämeren saariston niityillä. Sylkikaskaan geneettisen monimuotoisuuden riippuvuus kasvilajistosta ja välillisesti ilmastosta on todettu tilastollisesti merkitseväksi. Uhanalaisten eläinten geneettisen monimuotoisuuden tutkimus on aloitettu saimaannorpalla, kiljuhanhella ja täpläverkkoperhosella. Lohikalajien geneettisen monimuotoisuuden väheneminen on saanut melko paljon huomiota.

Suurin osa tutkimuksista on aikaisemmin kohdistunut pääpuulajeihin, joten suomalaisista eliölajeista niiden perinnöllinen rakenne tunnetaan ilmeisesti parhaiten. Männyn, kuusen ja koivun kaikista tutkituista ominaisuuksista on löydetty runsaasti geneettistä muuntelua. Niitä tutkittaessa on osoitettu, että laajalle levinneillä lajeilla esiintyy adaptiivisissa ominaisuuksissa perinnöllistä erilaistumista siirryttäessä etelästä pohjoiseen. Eliölajien geneettisen monimuotoisuuden säilyttämiseksi ei siis riitä, että aiemmin laajalle levinnyt laji säilyy vain osassa Suomea. Viime aikoina myös sivupuulajit ovat olleet metsägeneettisen tutkimuksen kohteena. Suomessa hajanaisina pieninä esiintyminä kasvavat jalot lehtipuut ovat alustavien tutkimustulosten perusteella pääpuulajeja geneettisesti sekä vähemmän muuntelevia että huomattavasti erilaistuneempia, mikä on otettava huomioon niiden suojelussa ja viljelymateriaalin suunnittelussa. Jalopuumetsiköitä, jotka sopisivat *in situ* -suojeluun on vähän. Onkin ryhdytty selvittämään, miten sivupuulajien "elävät geenipankit" eli erityiset säilytyskokoelmat tulisi muodostaa. Pitääkö ottaa paljon puita muutamasta esiintymästä vai vähemmän puita mahdollisimman monesta esiintymästä? Muiden kasvien pienten ja

marginaalipopulaatioiden geneettisiä ongelmia tutkitaan vähän. Alueellisesti uhanalainen mäkitervakko on esimerkkilaji pienten populaatioiden geneettisiin ongelmiin liittyvässä tutkimuksessa. Sen päälevinneisyysalueen populaatioista on löydetty enemmän geneettistä muuntelua kuin levinneisyysalueen laitaosien populaatioista. Mäkitervakolla selvitetään myös geneettisen muuntelun ja yksilöiden elinvoimaisuuden välistä yhteyttä. Laajalle levinneen niittysuolaheinän isoentsyymitutkimuksissa löytyi kaikista tutkituista populaatioista runsaasti geneettistä muuntelua. Tämä sopii havaintoon, jonka mukaan laajalle levinneillä lajeilla on enemmän entsyymitasolla havaittavaa geneettistä muuntelua kuin rajoitetummalla alueella esiintyvillä lajeilla.

Suomen ympäristökeskuksen (SYKE) yöperhosseurannassa on kiinnitetty huomiota geneettiseen diversiteettiin. Seurannassa havainnoidaan perhosten erilaisia värimuotoja, joista eräiden genetiikka tunnetaan. Muualla geneettistä monimuotoisuutta on tutkittu toistaiseksi eniten isoentsyymimenetelmin. ***Geeniresurssien suojelun järkipäiselle toteuttamiselle on välttämättömänä edellytyksenä muuntelua koskevan tutkimuksen tehostaminen mm. hyödyntämällä nykyaikaisia DNA -menetelmiä.*** Näin on jo alettu tehdäkin. Geenituntomerkkejä käytetään hyväksi myös mm. lajiversiteetin kartoitustutkimuksissa ja tunnistettaessa Pohjolaan eri reittejä aikanaan saapuneita eliörotuja. Yhä enemmän sovelletaan DNA-tekniikoita myös ympäristöhallinnon laboratorioissa.

Koska geneettinen monimuotoisuus puskuroi eliöt ympäristön muutoksia vastaan, lajien ja populaatioiden pitkän aikavälin suojelusuunnitelmissa ja suotuisan suojelutason määrittämisessä pitäisi huomioida geneettiset tekijät. Kantojen suojelevarvon kannalta on tärkeä tietää sekä kantojen perinnöllinen potentiaali että niiden ainutlaatuisuus muihin saman lajin kantoihin verrattuna. Eliöitä ja niiden perimää tulee ensisijaisesti suojella niiden luontaisilla esiintymispaikoilla (*in situ* -suojaus) esim. rauhoituksin ja suojelealueita perustamalla ja vasta toissijaisesti *ex situ* -suojele keinoin. *Ex situ* -suojaus on eliölajien ja niiden geenivarojen ylläpitoa niiden alkuperäisten elinympäristöjen ulkopuolella esim. eläintarhoissa, kasvitieteellisissä puutarhoissa, akvaarioissa ja geeni-, alkio- tai siemenpankeissa. On selvää, että lajeille ominaista ja erityisesti luonnonoloihin sopeuttavaa geneettistä muuntelua ei pystytä säilömään esim. eläintarhoissa tai kalanviljelylaitoksissa.

Suojelestrategioiden suunnittelun tueksi geneettisen monimuotoisuuden tutkimusten tulisi pikaisesti laajentua nykyistä enemmän uhanalaisiin eliöihin, ääripopulaatioihin ja pieniin erillisiin populaatioihin. Populaation väliaikaisellakin pienenemisellä voi olla haitallinen vaikutus sen perinnölliseen rakenteeseen. Mahdollisten sattumanvaraisten geenifrekvenssien muutosten lisäksi pienestä populaatioiden yksilömäärästä seuraa myös sukusiitoksen lisääntyminen. Onko jokin eliö mahdollisesti menettänyt geneettistä diversiteettiään siinä määrin, että lajin tai populaation eloonjääminen on sen tähden vaarantunut? ***Koska erityisesti uhanalaisten eliöiden seuranta on SYKEN omia biodiversiteettiseurannan kehittämisalueita*** (Niemi 1997), ***SYKEssä pitäisi pohdita ympäristöhallinnon roolia mm. muualla vähän tutkittujen uhanalaisten putkilokasvien geneettisen monimuotoisuuden tutkimisessa.*** Tiedot populaatioiden geneettisestä rakenteesta voivat olla hyödyllisiä myös populaatioiden välisten vertailujen tekemisessä, jossa on ollut ongelmia uhanalaisten putkilokasvien populaatioiden seurannassa (Niemi 1997). Ympäristöhallinnon olisi hyvä pysyä ajantasalla myös yliopistojen ja tutkimuslaitosten geneettisen diversiteetin tutkimusten

tuloksista ja selvittää niiden soveltuvuus niin uhanalaisten eliöiden seurantaan kuin muuhunkin SYKEN biodiversiteettiseurantaan. Koska kaikkea ei voida teoreettisestikaan tutkia ja seurata, *olisi selvitettävä esimerkiksi SYKEssä, mitkä eliölajit ovat hyviä geneettisen diversiteetin indikaattoreita, ja miten jo muussa seurannassa olevat lajit soveltuvat geneettisen monimuotoisuuden seurantaan. Ympäristönäytepankkia kehitettäessä SYKE voisi pohtia minkälaisia näytteitä pitää ottaa geneettisen monimuotoisuuden nykyisen tilanteen taltioimiseksi ja siinä mahdollisesti tapahtuvien muutosten seuranta varten. SYKEssä tulisi olla ainakin yksi geneettisen muuntelun tutkimusmenetelmät tunteva henkilö, joka ottaisi kantaa geneettiseen diversiteettiin liittyviin kysymyksiin.*

Sekä luonnonvaraisen lajistomme geneettisen monimuotoisuuden ylläpitämiseksi, suojelutarpeen selvittämiseksi että geenivarojemme tunnistamiseksi ja säilyttämiseksi tarvitsemme lisää tietoa suomalaisten eliölajien perinnöllisen muuntelun määrästä ja jakautumisesta sekä laji- että populaatiotasolla. Perinnöllisen muuntelun nykyisen tason määrittäminen ja siihen vaikuttavien tekijöiden tunteminen on välttämätöntä, jotta eri syistä aiheutuneet muutokset diversiteetissä voitaisiin havaita. Olisi selvitettävä antropogeenisten tekijöiden vaikutus geneettiseen muunteluun, jotta voitaisiin arvioida ihmistoiminnan aiheuttama riski. Esimerkiksi geenitekniikalla muunnettujen organismien (GMO) ympäristöriskien tunnistamisessa ollaan vasta alussa. *SYKEssä olisi valmistauduttava ottamaan kantaa geneettiseen monimuotoisuuteen kohdistuviin mahdollisiin uhkiin, joita voi aiheutua GMO-sovelluksista, joilla on Suomessa luonnonvaraisia sukulaisia (esim. havupuut, koivu ja mesimarja).*

On muistettava, että Suomen luontoon kohdistuva geneettisen diversiteetin tutkimusta, seuranta ja suojelua voidaan tehdä vain Suomessa - kukaan muu ei sitä puolestamme tee. Geneettisen vaihtelun vähetessä menetetään samalla mahdollisuuksia geenivarojen hyödyntämiseen. Turvaamalla niin luonnonvaraisten eliöiden kuin kotieläinten ja viljelykasvien geneettisen muuntelun säilymisen mahdollistamme lajien säilymisen, kehittymisen ja sopeutumisen muuttuvissa olosuhteissa.

SUMMARY

The purpose of this report was to collect information on research done on genetic diversity in nature in Finland with the ultimate goal to gather information which is meaningful for e.g. developing biodiversity monitoring. The environmental administration needs a holistic picture of genetic diversity in Finnish nature, its threats, maintaining processes and conservation needs in order to take necessary steps to conserve, preserve and monitor it. This report is based mainly on material collected in the spring of 1997 and was obtained from e.g. research reports, research plans, media information, reports of the environmental administration, www-pages and from personal discussions with experts. In addition to genetic diversity in nature, it also briefly deals with the importance of maintaining genetic diversity in domestic animals and cultivated plants. It also touches on research which deals with the prevention of the potentially diminishing effect of genetically modified organisms on genetic diversity.

Genetic diversity refers to the variety of genes and their alleles within species, covering distinct populations of a specific species or genetic variation within a population. Basic knowledge on genetic diversity in nature is dispersed in Finland. Genetic diversity is largely unknown in Finnish organisms in nature and except for some commercially important species, little effort has been made to clarify this in the past. Several projects are, however, just about to begin in universities and research institutes, particularly in the research programme for biodiversity 1997 - 2002 of the Academy of Finland. Most attention in traditional nature conservation has been paid to species diversity. This does not, however, guarantee conservation of genetic diversity which is the basis of evolution. It has offered variability which is the basis for present adaptation of populations to their environment. Breeding progresses neither, without genetic variation of the given traits. The importance of genetic variation is crucial in changing conditions. Thus, genetic diversity of e.g. cultivated plants and domestic animals may in the future prove to be of vital importance if global changes in climate make new demands to food production.

Finnish stocks of species which have genetically adapted to the Northern margin of their range are valuable to biodiversity. The fundamental questions are the importance of genetic variation to vitality and the use of gene resources in breeding and cultivation. Many environmental changes as pollution and fragmentation of ecosystems can lead to a decrease in genetic diversity and subsequently, to weakening of vitality of populations. Research based results on the effects of changes in environment to genetic structure of populations are in Finland almost non-existent. For instance, investigation on the effect of forest fragmentation on the genetic structure of animals (flying squirrel, snowy egret) in boreal forests is only about to begin and research on genetic diversity of endangered species like ringed seal, lesser white-fronted goose and butterfly *Glanville fritillaria* has just started. The loss of genetic diversity of salmonids has aroused more attention.

In Finland, research on genetic diversity has mainly focused on the predominating forest tree species. In Scots pine, Norway spruce and silver birch, the range of genetic variation is large in all examined traits. Furthermore, the findings indicate that adaptive traits of widespread species are genetically differentiated from each other as we move from south to north. Thus, it is not enough for a previously widespread organism to survive only in a limited area of Finland. Recently, genetic research has also focused on

noble hardwoods. Their natural range is narrow and restricted. The present populations are found in small and fairly isolated patches. Preliminary results indicate that these trees have less genetic variation and they are genetically more differentiated than predominating forest tree species. This should be taken into account in conservation strategies and in cultivation plans. One of the crucial questions today is how "living gene banks" - archives - should be established: is it better to take as many trees as possible from a couple of stands or fewer trees from as many stands as possible. Studies on genetic problems of small and marginal populations of other plants are scarce. Sticky catchfly which is regionally endangered is an example of species in which genetic problems arise in small populations. More genetic variation was found from the population of its main distribution area than from populations at the edge of its distribution. Moreover, sticky catchfly is also an example of species in which association between genetic diversity and vitality is being investigated.

The Finnish moth monitoring scheme of the Finnish Environment Institute pays attention to genetic diversity. Different colour forms are observed in the monitoring process and the genetics of some of these are known. Elsewhere, most knowledge of the genetic diversity of species and the genetic structure of populations in nature is based on enzyme genetic studies. Neutral genetic markers like isoenzymes are in many cases a good starting point for establishing conservation strategies but ***a prerequisite for rational implementation of conservation of gene resources is more efficient research of genetic diversity by e.g. utilising modern DNA-technology.*** Advantage is taken from gene markers also in e.g. mapping species diversity and in identifying races of organisms which have arrived in the North through different routes. Recently DNA-methods are applied in increasing numbers also in the laboratories of the environmental administration.

Genetic factors should be taken into account in long-term conservation plans of species and populations and in determining an adequate protection level because genetic diversity is crucial in the changing environment. In terms of protection value, it is important to know the genetic potential and uniqueness of a given stock compared to other stocks of the same species. Organisms and their genetic diversity should primarily be protected in their natural habitats (*in situ* -protection) e.g. by protecting by law or by setting up protectorates. Secondary form is *ex situ* -protection, protection outside of the species' natural habitats, e.g. in zoos, botanical gardens, aquariums and gene-, embryo-, gamete- or seedbanks. It is self-evident that conservation of all genetic variation characteristic to the species (particularly variation which assists in adapting to natural conditions) is impossible in zoos or in a fishery.

In order to support the protection plans and conservation strategies, investigation should quickly expand from the present state to endangered organisms, marginal populations and small, isolated populations. Even a temporary decrease in a population can have harmful effects on its genetic structure because it can lead to inbreeding in addition to random changes in gene frequencies. It is not known at present whether a loss of genetic diversity in some species or a rearrangement of the natural genetic structure in populations leads to endangering their survival. ***The Finnish Environment Institute should clarify the possibilities of the environmental administration to investigate e.g. genetic diversity of endangered and little investigated vascular plants for the support of conservation strategy planning because monitoring of endangered species is a major theme in the biodiversity monitoring programme of the Institute.*** The environmental administration should remain updated on the results obtained in

genetic diversity research programmes of universities and research institutes and to clarify their adaptability to monitoring of endangered species as well as to other biodiversity monitoring of the Institute. It is, however, unfortunately impossible to study everything and therefore *the Finnish Environment Institute should focus on clarifying which organisms are good indicators and how the species used in other monitoring programmes are suited for monitoring of genetic diversity. There should be at least one individual with knowledge of methods used in the research of genetic diversity in the Institute. The knowledge of this person should be exploited when issues in genetic diversity arise.*

The determination of the amount and distribution of genetic diversity at a given moment is a prerequisite for observing changes in genetic diversity. We should know influences of antropogenic factors to genetic diversity to perform a risk assessment of the consequences of human activities. For instance, the assessment of impacts of genetically modified organisms on genetic diversity of organisms is taking its first steps. *Necessary steps should be taken in the Finnish Environment Institute to prepare for assessing the risk to genetic diversity set by applications of genetically modified organisms (GMO) with natural relatives in Finland* (e. g. coniferous trees, silver birch, arctic bramble).

We should remember that research, protection and monitoring of genetic diversity in Finnish nature can only be done in Finland - nobody does it for us. With the decrease in genetic diversity, we simultaneously lose possibilities of taking advantage of gene resources. By conservation of the genetic diversity as well in the organisms in the wild as in livestock species and cultivated plants we enable species to survive, to develop and to adapt to cope successfully with the unknown future.

KIRJALLISUUS

- Ahokas, H. 1971. Notes on polyploidy and hybridity in *Vaccinium* species. *Ann. Bot. Fennici* 8:254-256.
- Ahokas, H. 1973. Historiikki viljellyistä mansikoista. *Savon Luonto* 5:31-34.
- Ahokas, H. 1990. Absence of variation in endospermal proteins studied by electrophoresis in marginal populations of *Leersia oryzoides* (Poaceae), a threatened species in Finland. *Ann. Bot. Fennici* 27:309-316.
- Ahokas, H. 1992. Endospermal protein diversity, as revealed by electrophoresis and Ig binding on blotted membranes, in *Leymus arenarius* from non-littoral, roadside niches. *Ann. Bot. Fennici* 29:295-304.
- Ahokas, H. 1995. *Fragaria virginiana* and *F. viridis* on the southern coast of Finland. *Ann. Bot. Fennici* 32:29-33.
- Ahokas, H. 1996. Is the polyploid cranberry (*Vaccinium* sp.) in Finland tetraploid or hexaploid? *Nord. J. Bot.* 16:185-189
- Ahokas, H. 1997. Hybrids, partial hybrids and monoploids from interspecific crosses of the Triticeae species attained by *in vitro* embryo culture. 15 s. Yliopistopaino, Helsinki 1997.
- Antonius, K. ja Ahokas, H. 1996. Flowcytometric determination of polyploidy level in spontaneous clones of strawberries. *Hereditas* 124:285.
- Arnason, U., Bodin, K., Gullberg, A., Ledje, C. ja Mouchaty, S. 1995: A molecular view of Pinniped relationships with particular emphasis on the true seals. *Journal of Molecular Evolution* 40:78-85.
- Biodiversiteettikoordinaatio 1997. Turun yliopiston lehdistötiedote 14.5.1997
- Björklöf, K. 1997. Merkkigeenien käyttö geeniteknisesti muunnettujen mikro-organismien seurantaan ympäristössä. Suomen ympäristö 104, Suomen ympäristökeskus. 56 s. Helsinki.
- Elo, K. 1996. Intra- and interspecific gene flow and phylogenetic relationships in the family Salmonidae as revealed by protein and DNA analyses. Joensuun yliopiston luonnontieteellisiä julkaisuja 37. 51 s. + liite.
- Eriksson, G. 1996. Evolutionary genetics and conservation of forest tree genetic resources. Julkaisussa: Turok, J., Eriksson, G., Kleinschmidt, J. ja Canger, S. (toim.). Noble hardwoods network. Report of the first meeting 24-27 March 1996 Escherode, Germany. International Plant Genetic Resources Institute, Rooma, Italia. s. 159-167.
- Geburek, T. 1988. Genetische differenzierung anhand biochemisch-genetischer polymorphismen in der familie der cervidae. *Zeitschr. Jagdwiss.* 34:217-231.

- Geenitekniikkalaki (377/95) ja geenitekniikka-asetus (821/95).1995. Suomen säädöskokoelma.
- Geist, V. 1987. On the evolution and adaptation of *Alces*. Swedish Wildl. Res., Suppl. 1:11-24.
- Greipsson, S., Ahokas, H. ja Vähämiko, S. 1997. A rapid adaptation to low salinity of inland-colonizing populations of the littoral grass *Leymus arenarius*. Int. J. Plant Sci. 158:73-78.
- Halkka, L., Söderlund, V., Skarén, U. ja Heikkilä, J. 1987. Chromosomal polymorphism and racial evolution of *Sorex araneus* L. in Finland. Hereditas 106:257-275.
- Hamrick, J.L. ja Godt, M.J. 1990. Allozyme diversity in plant species. Julkaisussa: A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler ja B.S. Weir (toim.). Plant population genetics, breeding, and genetic resources. Sinauer, Sunderland, MA. s. 43-63.
- Hamrick, J.L., Godt, M.J. ja Sherman-Broyles, S.L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plants. New Forests 6:95-124.
- Hongell, K. 1996. Chromosome survey of seals in the Baltic Sea in 1988-1992. Arch. Environ. Contam. Toxicol. 31, 399-403.
- Jurgens, G., Lindström, K. ja Saano, A. 1997. Novel group within the kingdom *Crenarchaeota* from boreal forest soil. Appl. Environ. Microbiol. 63:803-805.
- Kallio-Nyberg, I. 1988. Lohikalojen hoito ja suojele geneettisen tietämyksen pohjalta. Suomen Kalatalous 53:153-164.
- Kolehmainen, P., Elo, K. ja Hyvärinen, H. 1995-96. Norpan perinnöllinen muuntelu selviämässä. Savon Luonto 26-27:28-30.
- Koljonen, M.-L. 1984. Ihmisen toiminnan vaikutus lohien perinnölliseen rakenteeseen. RKTL Monistettuja julkaisuja 18. 39 s.
- Koljonen, M.-L. 1989. Uudenmaan meritaimenkantojen geneettinen tutkimus. Suomen kalastuslehti 3:128-131.
- Koljonen, M.-L. 1993. Perimän muuttuminen on otettava huomioon kalakantojen hoidossa. Suomen kalastuslehti 2:10-13.
- Koljonen, M.-L. 1994. Perinnölliset erot kertovat lohikantojen saalisosuuksista. Suomen kalastuslehti 1:22-24.
- Koljonen, M.-L. 1995a. Distinguishing between resident and migrating Atlantic salmon (*Salmo salar*) stocks by genetic stock composition analysis. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 52:665-674.
- Koljonen, M.-L. 1995b. Itämeren luonnonvaraiset lohikannat ovat edelleen monimuotoisia. Suomen kalastuslehti 5:16-19.

- Korpelainen, H. 1994. Sex ratios and resource allocation among sexually reproducing plants of *Rubus chamaemorus*. *Annals of Botany* 74:627-632.
- Korpelainen, H. 1995a. Geographical differentiation in allozyme variation in *Rumex acetosella* subspecies *acetosella* and *angiocarpus*. *Weed Research* 35:413-419.
- Korpelainen, H. 1995b. Mating system and distribution of enzyme genetic variation in bracken (*Pteridium aquilinum*). *Can. J. Bot.* 73:1611-1617.
- Korpelainen, H. ja Kolkkala, M. 1996. Genetic diversity and population structure in the outcrossing populations of *Equisetum arvense* and *E. hyemale* (Equisetaceae). *American Journal of Botany* 83:58-62.
- Koski, V. 1995. Conservation of Norway spruce gene resources in Finland. Julkaisussa: Turok, J., Koski, V., Paule, L. ja Frison, E. (toim.). *Picea abies* Network. Report of the first meeting, 16-18 March 1995, Tatra National Park, Stará Lesná, Slovakia. International Plant Genetic Resources Institute, Rooma, Italia. s. 12-15.
- Kärkkäinen, K., Koski, V. ja Savolainen, O. 1996. Geographical variation in the inbreeding depression of Scots pine. *Evolution* 50:111-119.
- Lahtinen, M.-L., Pulkkinen, P. ja Helander, M.L. 1996. Occurrence and dispersal of English oak (*Quercus robur* L.) pollen: is there any gene flow between stands in Finland? Proc. Nordic Meeting for forest geneticists and tree breeders, Estonia, June 3-7. Painossa.
- Lemmetyinen, R., Portin, P. ja Vuolanto, S. 1974: Polymorphism in relation to the substrate in chicks of *Sterna paradisaea* Pontopp. *Ann. Zool. Fennici* 11:265-270.
- Luonnonsuojelulaki 1096/96.1996. Suomen säädöskokoelma.
- Mattila, A. 1994. Jalojen lehtipuiden tutkiminen isoentsyymi- ja DNA-tekniikoin. Metsänjalostussäätiön työraportteja Helsinki. 13. 55 s.
- Mattila, A., Pakkanen, A., Vakkari, P. ja Raisio, J. 1994. Genetic variation in English oak (*Quercus robur*) in Finland. *Silva Fennica* 28(4):251-256.
- Mattila, A., Vakkari, P., Pulkkinen, P. ja Raisio, J. 1996. Tammella on kysyntää - mistä viljelymateriaali? Julkaisussa: Napola, J. (toim.). Metsänjalostussäätiö 1995. Vantaa. s. 22-29
- Mattila, A. ja Vakkari, P. 1997. Genetic variation of *Quercus robur* and *Ulmus laevis* in Finland. Proc. Nord. Meet. for geneticists and tree breeders, Estonia, June 3-7, 1996. Painossa.
- METLA 1997. < URL: <http://www.metla.fi/tutkimus> >. 5/97.
- Mikkelsen, T., Andersen, B. and Jorgensen, R. 1996. The risk of crop transgene spread. *Nature* 380: 31.
- MTT 1997.< URL: <http://www.mtt.fi/kel/eja> >. 5/97.

- Nick, G. ja Lindström, K. 1994. Use of repetitive sequences and the polymerase chain reaction to fingerprint the genomic DNA of *Rhizobium galegae* strains and to identify the DNA obtained by sonicating the liquid cultures and root nodules. *System. Appl. Microbiol.* 17:265-273.
- Niemi, M., Hyvärinen, T., Ahtiainen, J. ja Vanhala, P. 1996. Mikrobieen diversiteetti metsän maaperän tilan kuvaajana. Alustavien kokeiden tulokset. Suomen ympäristökeskuksen moniste 19, Suomen ympäristökeskus. 48 s. Helsinki.
- Niemi, J. (toim.) 1997. Valtakunnallinen ympäristöseurannan ohjelma 1997 - 1999. Suomen ympäristökeskus ja alueelliset ympäristökeskukset. Suomen ympäristökeskuksen moniste 62, Suomen ympäristökeskus. 48 s. Helsinki.
- Nordisk Ministerråd. TemaNord 1994:534 Miljö: Bevaring af genetisk diversitet i Norden. Rapport. 117 s. Köpenhamn.
- Nuotio, E. ja Koskiniemi, J. 1995. Varsinais-Suomen purotaimenselvitys. Kala- ja riistahallinnon julkaisuja 16:22-61.
- Nygrén, K. ja Portin, P. 1993. Genetic analysis of nasal region polymorphism in European moose (*Alces alces* Linnaeus). *Ann. Zool. Fennici* 30:265-269.
- Onnela, J. 1996. Selvitys maatiaisten ja vanhojen viljelykasvilajikkeiden esiintymisestä. Kasvintuotannon tarkastuskeskus 17.12.1996. 125 s.
- Pamilo, P., Tengö, J., Rasmont, P., Pirhonen, K., Pekkarinen, A. ja Kaarnama, E. 1996. Pheronomal and enzyme genetic characteristics of the *Bombus lucorum* species complex in northern Europe. *Entomologia Fennica* 7:187-194.
- Pitkäjärvi, J. 1997. Geeniteknikalla muunnettujen mikro-organismien ympäristövaikutukset. Suomen Ympäristö 98, Suomen ympäristökeskus. 116 s. Helsinki.
- Rusanen, M. 1996. Noble hardwoods genetic resources and their conservation in Finland. Julkaisussa: Turok, J., Eriksson, G., Kleinschmidt, J. ja Canger, S (toim.). Noble hardwoods network. Report of the first meeting 24-27 March 1996 Escherode, Germany. International Plant Genetic Resources Institute, Rooma, Italia. s. 155-158.
- Rusanen, M., Mattila, A. ja Vakkari, P. 1996: Jalojen lehtipuiden geneettinen monimuotoisuus - säilytä ja käytä. Metsäntutkimuslaitoksen tiedonantoja 605:45-52.
- Ryman, N., Reuterwall, C., Nygrén, K. ja Nygrén, T. 1980. Genetic variation and differentiation in Scandinavian moose (*Alces alces*): Are large mammals monomorphic? *Evolution* 34:1037-1049.
- Ryynänen, L. 1995. Geenipankki pakkasessa: esimerkkinä koivun kryopreservatio. Metsäntutkimuslaitoksen tiedonantoja 574:27-34.
- Saano, A. 1995: Metsämaamikrobieen monimuotoisuuden tutkimus DNA-tekniikalla. *Folia Forestalia* 4:329-331.

- Savolainen, O. ja Hedrick, P.W. 1995. Heterozygosity and fitness: no association in Scots pine. *Genetics* 140: 755-766.
- Savolainen, O. 1996. Ylläkselläkö ylidominanssia - yhteistyöstä ytyä. Metsäntutkimuslaitoksen tiedonantoja 605: 7-12.
- Suomen Akatemia 1996. Biodiversiteettitutkimusohjelma 1997 - 2002. Hakuasiakirjan luonnos. Moniste. 10 s. Helsinki.
- Suomen Akatemia 1997. < URL: <http://www.aka.fi/fin/tutkimus.htm> >. 5/97.
- Söderman, G., Lundsten K.-E., Leinonen, R. ja Grönholm, L. 1997. Valtakunnallisen yöperhosseurannan 3. vuosiraportti - 3 Nocturna Annual Newsletter. Suomen Ympäristö 62, Suomen ympäristökeskus. 68 s. Tampere.
- Tas, É., Saano, A., Leinonen, P. ja Lindström, K. 1995. Identification of *Rhizobium* spp. in peat-based inoculants by DNA hybridization and PCR and its application in inoculant quality control. *Appl. Environ. Microbiol.* 61:1822-1827.
- Tas, É., Leinonen, P. Saano, A., Räsänen, L.A., Kaijalainen, S., Piippola, S., Hakola, S. ja Lindström, K. 1996. Assessment of competitiveness of rhizobia infecting *Galega orientalis* on the basis of plant yield, nodulation, and strain identification by antibiotic resistance and PCR. *Appl. Environ. Microbiol.* 62:529-535.
- Tommerås, B.Å., Johnsen, O., Skroppa, T., Hindar, K. Holten, J. ja Tufto, J. 1996. Long-term environmental impacts of release of transgenic Norway spruce (*Picea abies*). NINA-NIKU Project report 003: 1-48.
- Työryhmän mietintö 1994:3. Suomen metsäluonnon monimuotoisuuden turvaaminen. Muistio 3/1994. Ympäristöministeriö, alueidenkäytön osasto. 84 s. Helsinki.
- Työryhmän mietintö 1995:4. Biodiversiteettityöryhmän mietintö - Tehtäväalueet ja toimialavastuu biologista monimuotoisuutta koskevan yleissopimuksen kansallisessa toimeenpanossa. Työryhmän raportti 4/1995. Ympäristöministeriö, alueidenkäytön osasto. 106 s. Helsinki.
- Työryhmämuistio 1996:1. Uusiutuvat luonnonvarat ja biologinen monimuotoisuus. MMM:n biodiversiteettityöryhmän ehdotus biologisen monimuotoisuuden kestävästä käytöstä. Maa- ja metsätalousministeriön biodiversiteettityöryhmä. Selvitysosa ja toimenpideosa. Helsinki.
- Varvio, S.-L., Koehn, R.K. ja Väinölä, R. 1988: Evolutionary genetics of the *Mytilus edulis* complex in the North Atlantic region. *Marine Biology* 98, 51-60.
- WRI, IUCN ja UNEP 1995 (Suom. toim. Jäppinen, J.-P., Väisänen, R. ja Asanti, T.). Maapallon biodiversiteetti - Toimintaohjelma luonnon monimuotoisuuden ylläpitämiseksi. Vesi- ja ympäristöhallitus & Gaudeamus Kirja. 223 s. Helsinki.
- Vuorinen, J. 1987. Muikkukantojen geneettiset erot ja niiden merkitys kantojen hoidossa. Kuopion yliopiston julkaisuja. Tilastot ja selvitykset 1/1987: 5-7

- Vuorinen, J. 1988. Siikojen lajikysymys geneettisten tutkimusten valossa. Savon Luonto 19:39-41.
- Wülker, W.F. 1991. *Chironomus fraternus* sp. n. and *C. beljaninae* sp. n., sympatric sister species of the *aberratus* group in Fennoscandian reservoirs. Entomol. Fennica 2:97-109.
- Väinölä, R. 1986. Sibling species and phylogenetic relationships of *Mysis relicta* (Crustacea: Mysidacea). Ann. Zool. Fenn. 23: 207-221.
- Väinölä, R. ja Varvio, S-L. 1989. Biosystematics of *Macoma balthica* in northwestern Europe. s. 309-316. Julkaisussa: Ryland, J.S. ja Tyler, P.A. (toim.). Reproduction, Genetics and distribution of marine organisms. Denmark.
- Väinölä, R. ja Hvilsom, M.M. 1991. Genetic divergence and a hybrid zone between Baltic and North Sea *Mytilus* populations (Mytilidae: Mollusca). Biological Journal of the Linnean Society 43:127-148.
- Väinölä, R., Riddoch, B.J., Ward, R.D. ja Jones, R.I. 1994. Genetic Zoogeography of the *Mysis relicta* Species Group (Crustacea: Mysidacea) in Northern Europe and North America. Can. J. Fish. Aquat. Sci. 51:1490-1505.
- Ympäristöministeriö ja ulkoasiainministeriö 1993. UNCED. YK:n ympäristö- ja kehityskonferenssi, Rio de Janeiro 3. - 14.6.1992. 239 s. Helsinki.
- Åkerman, S., Tammissola, J., Regina, M., Kauppinen, V. ja Lapinjoki, S. 1996. Segregation of AFLP markers in *Betula Pendula* (ROTH). Forest Genetics 3:117-123.

ISBN 952-11-0150-4
ISSN 1455-0792