

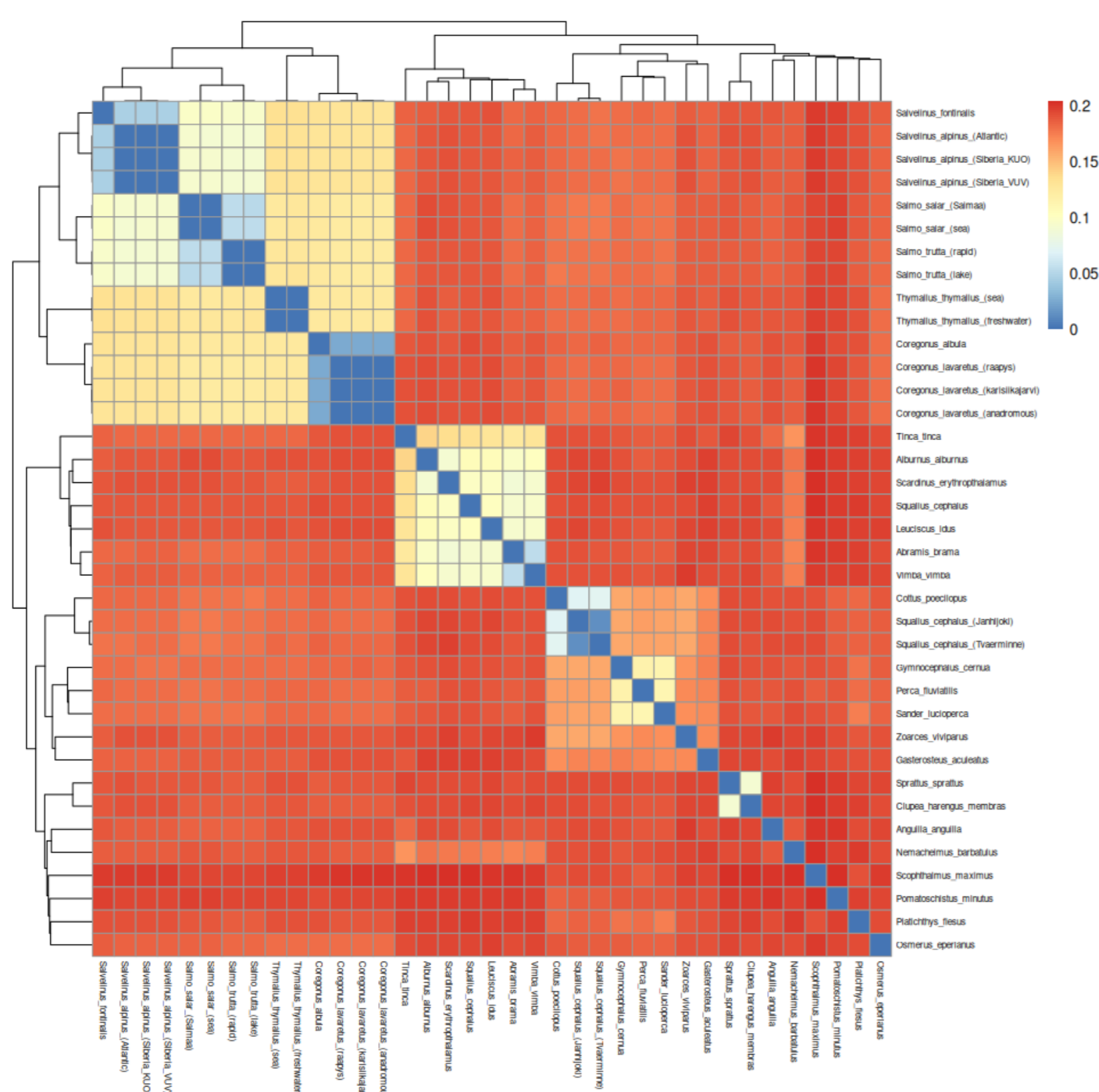
# Suomalaisten kalalajien mitokondriogenomien viitekirjasto eDNA-seurantaan

Terhi Iso-Touru, Miika Tapio, Tuomas Leinonen  
Luonnonvarakeskus (Luke)

**Ympäristö-DNA (eDNA) on nopeasti yleistynyt menetelmä biologisen monimuotoisuuden seurantaan. Menetelmä mahdollistaa lajien havaitsemisen ilman pyydystämistä. Tästä on hyötyä erityisesti harvinaisten ja vaikeasti havaittavien lajien seurannassa. Luotettava eDNA-analytiikka edellyttää kattavaa geneettistä viitekirjastoja. Tuotimme sekvensoimalla suomalaisten kalalajien ja kalakantojen täydellisiä mitokondriogenomeja. Tuloksina syntynyt viitekirjasto ja menetelmät parantavat eDNA-pohjaisen kalaseurannan tarkkuutta ja tukevat vesiekosysteemien tilan arviointia Suomen vesistöissä.**

## TULOKSET

- ✓ Käytetyn menetelmän avulla saatiin tuotettua korkealaatuisia mt-genomisekvenssejä 37 suomalaisesta kalalajeista tai -kannasta (Kuva 1).
- ✓ Sekvensoinnin syvyys vaihteli 7–788 välillä, keskiarvosyvyyden ollessa 178 (Taulukko 1).
- ✓ Tuotettuja mt-genomisekvenssejä voidaan käyttää uusien mt-DNA-merkkien kehitystyössä, jotta lajit tunnustuvat paremmin eDNA-analyseissa.
- ✓ eDNA-näytteistä saatujen sekvenssien laatu ei vastannut kudoksenäytteen laatuja. eDNA-näytteiden kohdalla laboratoriomenetelmien kehitystyötä tulee vielä jatkaa.
- ✓ Saatujen tulosten perusteella taimenkantojen tunnistus eDNA-näytteistä SNP-merkkien avulla on mahdollista, mutta tällä hetkellä Lukessa käytössä oleva 96-SNP markkerin paneeli ei vielä tähän riitä.



**Kuva 1.** Heatmap -kuvaaja, jossa nähdään eri kalalajien mitokondriogenomin saman-kaltaisuus. Mitä punaisempi kohtaamispaikassa oleva ruutu on, sitä kaukaisempia lajit ovat geneettisesti. Tummansininen ruutu tarkoittaa, että laji rinnastuu joko itseensä (poikkileikkaus) tai on identtinen jonkin toisen lajin tai alatyypin kanssa mitokondriogenomin suhteen.

## MENETELMÄT

- Mitokondriosekvensointia varten eri kalalajeista kerättiin kudoksenäytteitä Luken koekalastusten yhteydessä.
- Laboratorioanalyysit tehtiin mukaillen Ramón-Laca ym. 2023 protokollaa käyttäen Oxford Nanoporen sekvensointitekniikkaa.
- Sekvenssianalyysien varten kehitettiin bioinformatiikan analyysiputki, jonka avulla voidaan tunnistaa kootuista mt-genomeista geenit, säätelyalueet ja muut toiminnalliset rakenteet.

## LISÄKSI

- Testattiin, miten eDNA-näytteet soveltuvat koko mt-genomin sekvensointiin.
- Testattiin menetelmää, jossa eDNA-näytteistä tyypitetään yksittäisiä perimän markkereita (SNP) eri taimenkantojen tunnistamiseksi.

**Taulukko 1.** Sekvensoidut kalalajit, tuotettujen mt-genomien pituus (bp), sekvensoinnin kesimääräinen syvyys sekä vastaavuus (%) lajin lähimpään tietokannoissa olevaan mt-genomiin.

Laji	Pituus (bp)	Syvyys	Vastaavuus-%
ahven	16538	40	99.72
ankerias	16688	300	99.58
harjus (järvi)	16657	39	99.86
harjus (meri)	16658	85	99.98
hietatokko	16396	31	99.91
jarvilohi (Saimaa)	16670	59	99.92
kampela	17663	34	99.74
karisiika	16737	170	99.88
kiiski	16594	86	99.45
kilohaili	16669	229	99.55
kirjoväsimpli	16522	80	94.52
kivenuoliainen	16633	126	94.62
kiviniikka	16831	168	99.61
kivisimpli (järvi)	16532	193	98.37
kivisimpli (meri)	16517	125	98.60
kolmipiikki	16550	7	99.83
kuha	16541	73	99.95
kuore	16609	192	99.92
lahna	16607	173	99.87
merilohi	16670	425	99.96
muikku	16855	201	97.42
nieriä (meri)	16654	583	99.96
nieriä (Siberia KUO)	16657	66	99.93
nieriä (Siberia VUV)	16656	172	99.92
piikkikampela	17844	95	99.84
pohjasiiika	16738	221	99.86
puronieria	16622	49	99.99
purotaimen	16675	77	99.98
salakka	16605	151	99.81
silakka	16700	788	99.74
sorva	16607	252	99.97
suutari	16614	65	99.96
säyne	16601	188	99.66
taimen (järvi)	16676	488	99.96
turpa	16608	278	95.32
vaellussiiika	16738	75	99.93
vimpa	16602	14	99.72