ASIANTUNTIJALAUSUNTO EDUSKUNNALLE SUOMEN SUSIKANNAN HOITOSUUNNITELMAA KOSKIEN

Lausunnon antajan taustatiedot

- Filosofian maisteri, biokemia (Helsingin Yliopisto)
- Geneettisen epidemiologian tohtori (Karolinska Institutet, Ruotsi)
- Työskennellyt maailman johtavissa yliopistoissa yli 30 vuoden ajan:
    - Oxfordin Yliopisto
    - Sanger Center (Cambridge)
    - Cancer Research UK
- Kymmeniä vertaisvertailtuja tieteellisiä artikkeleita
- Eri lähteiden mukaan tunnetuin suomalaistutkija/professori maailmanlaajuisesti
-

Koiralajin alkuperä

Suden ja koiran alkuperää on tutkittu eri puolilla maailmaa ja yksi alan tärkeimmistä raporteista on vuodelta 2012 joka julkaistiin eräässä biologian alan arvostetuimmista lehdistä, Proceedings of the National Academy of Sciences USA (Larson et al 2012). Julkaisussa mainitaan että muutamia aikaisempia tutkimuksia koiran erkanemisesta sudesta on kyseenalaistettu viime vuosina. Vuoden 1997 Science-lehdessä väitettiin koiran lajiutumisen tapahtuneen jo 135,000 vuotta sitten (Vila et al 1997). Sittemmin uudemmissa tutkimuksissa (Wang et al 2013; Skoglund 2015) arvio oli 100,000 vuotta nuorempi eli koiran uskottiin heidän mukaansa irtautuneen omaksi lajikseen 35,000 vuotta sitten. Savolainen tutki myös koirien lajiutumista käyttäen samaa mtDNA menetelmää kuin Vila ja raportoi lajiutumisen tapahtuneen yhdellä kertaa Itä-Aasiassa (Savolainen et al 2002). Myös tämän tutkimuksen tulos on asetettu yleisesti kyseenalaiseksi ja tällaista lajiutumismallia pidetään liian yksinkertaisena. Ristiriidassa tämän tutkimuksen kanssa on erityisesti tutkimus jossa oli käytetty 225 harmaasutta ja 912 koiraa, sekä 48,000 DNA-markkerialuetta. Larsonin

julkaisussa mainitaan että koiran ja suden lajiutuminen on edelleen epäselvää ja korostetaan että DNA tutkimuksilla voidan päästä parempaan tarkkuuteen kuin morfologisilla tutkimuksilla. He kirjoittavat mm seuraavaa: “Ymmartämyksemme koiran alkuperästä on rajoittunut koska olemme luottaneet rajoitettuihin DNA markkereihin jotka ovat vain häviävän pieni osa koiran DNA:sta jossa on noin 2.4 biljoonaa DNA emäsparia.” Heidän suosituksensa on käyttää niinsanottua seuraavan sukupolven sekvenointia jossa suden ja koiran genomia voidaan tutkia tarkasti. He mainitsevat että edes tutkimukset (mukaanlukien heidän omansa) jossa analysoidaan lähes 50,000 vaihtelevaa geenialuetta (ns. SNP-markkeria) eivät ole riittäviä tähän.

Tällähetkellä maailman huippututkijoiden mielipide on että varmaa tietoa lajiutumisesta ei ole koska viimevuosina on julkaistu muitakin tutkimuksia joissa edelleen erilainen lopputulos (Botigue et al 2017; Frantz et al 2016). Useissa viimeaikaisissa tutkimuksissa on itseasiassa havaittu että tietyissä susipopulaatioissa huomattavissa määrissä ykslöitä on koiran DNA:ta (arviot 25%, 33% ja jopa 62%) ja sisäsiittoisuuden vuoksi eräissä susikannoissa pitkiäkin segmenttejä suden DNA:ta on kokonaan kadonnut (Gómez-Sánchez et al 2018; Pilot et al 2018). Viimeksi mainitussa tutkimuksessa käytettiin 61,000 DNA-markkeria geenejä koodaavalta alueelta ja esitettiin että risteytymiset eivät ole tapahtuneet yhdellä kertaa vaan useammissa eri Euraasian osissa.

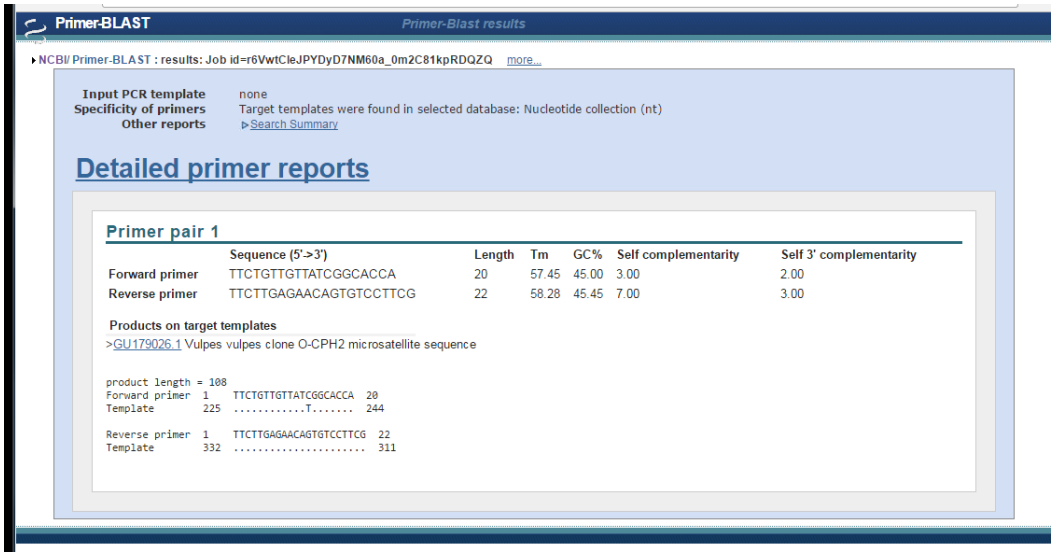
Suden geneetiinen tutkimus Suomessa

Suomalainen susitutkimus perustuu ns. mikrosatelliittialueisiin (STR) eli samoihin vaihteleviin geenialueisiin joilla määritetään ihmisten sukulaisuussuhteet ja myös tunnistetaan yksittäinen henkilö esimerkiksi rikostapauksissa. Ihmisen ja suden yksilöntunnistukseen nämä DNA-merkkialueet käyvät mainiosti ja niillä saavutetaan hyvin suuri todennäköisyys yksilöntunnistuksessa myös rikostapauksissa (yleensä yli 99.9%). Nämä STR (Short Tandem Repeat)-merkkialueet ovat yksinkertaisia toistuvia alueita joita esiintyy aina etanoista ihmisiin saakka. Esimerkkinä

yksinkertainen CA-toistoalue on CA-CA-CA-CA. Nämä DNA-segmentit ovat olleet mm. genetiikan apuvälineitä jo 35 vuoden ajan joten ne eivät todellakaan edusta alan viimeisintä kehitystä.

Vuoden 2006 tutkija Jouni Aspin julkaisu mainitsee että 11 STR-markkeria käytettiin Suomen susien analyysissä, joista yksi (CXX.109) pudotettiin pois. Sisäsiittoisuus oli odotettua alempi, joka viittaisi siihen että ulkopuolisia yksilöitä olisi liittynyt laumaan enemmän kuin normaalisti. Jouni Aspin 2009 lausunnon mukaan verrokkisusia on noin 400. Tätä aineistoa on kritisoitu muunmuassa siksi että sen on tiedetty sisältävän varmentamattomia yksilöitä (karva ja verinäytteitä toimitettu harrastajavoimin jne). Tätä aineistoa ovat kritisoineet myös Helsingin Yliopisto eläintieteellisen tutkinnon saaneet henkilöt.

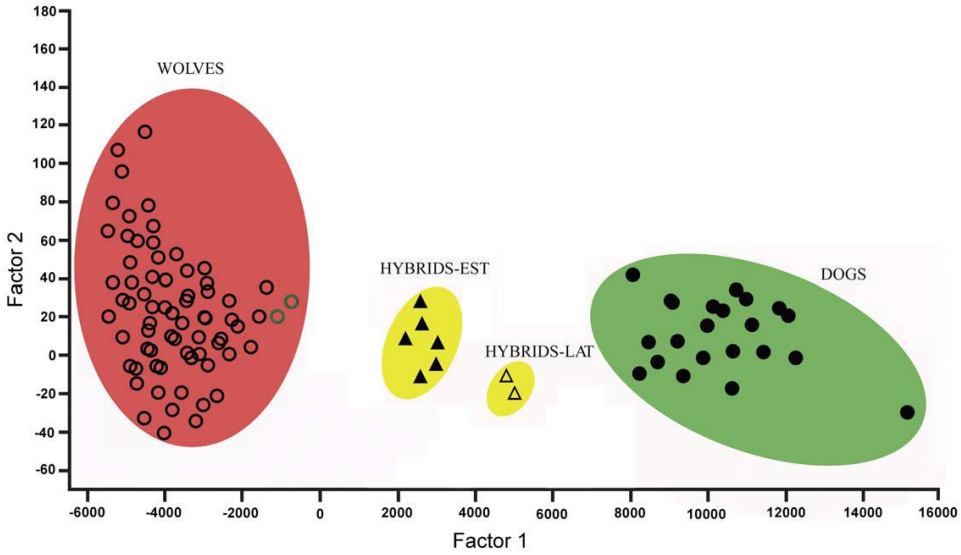
Vertailunäytteiden puhtaus, luotettavuus ja verifiointi ovat ensiarvoisen tärkeitä mm. siksi että käytetyt analyysimenetelmät toimivat myös muiden lähisukuisten lajien kanssa, kuten jopa ketun. Kuvassa 1 on esitetty yhden Suomen susitutkimuksissa käytetyn STR-markkerin täydellinen ristireagointi ketun (*Vulpes vulpes*) DNA:n kanssa



Kuva 1. Esimerkki STR-pohjaisten DNA-markkerien ristireagoinnista ketun (*Vulpes vulpes*) kanssa.

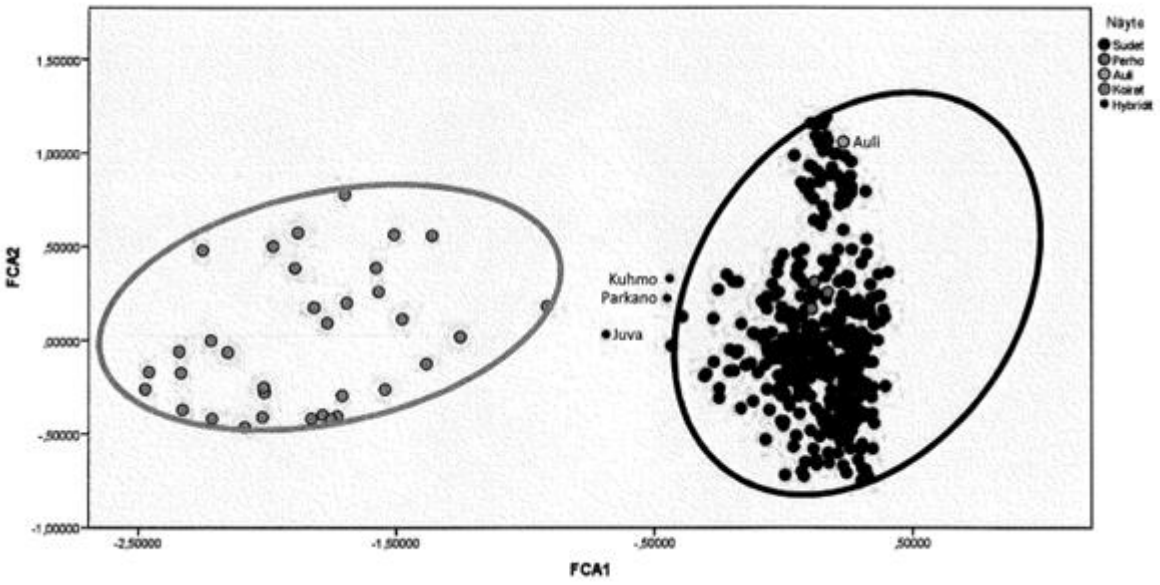
Uusimmat suomalaiset tutkimukset ovat tutkija Jouni Aspin mukaan tehty käyttäen 17 STR-markkeria. Näitä DNA-merkkialueita kutsutaan joskus mediassa geenimarkkereiksi joita ne eivät kuitenkaan koskaan ole. Nämä merkkialueet eivät kerro mitään eläimen ominaisuuksista koska ne sijaitsevat niinsanotulla ei-koodaavalla alueella. Toisinsanoen STR-DNA:lla ei voida sanoa yhtään mitään eläimen karvojen, silmien, kynsien tai ihon väristä, sukupuolesta, käytöksestä, ravintometaboliasta tai muista ominaisuuksista. Tämä siis johtuu yksinkertaisesti siitä että näiden DNA-alueiden informaatiota ei käytetä lainkaan proteiinien tuotantoon. Tämä sääntö on nimeltään ”central dogma of biology”, se pätee kaikissa eliöissä aina etanoista ihmisiin ja on tunnettu jo useita vuosikymmeniä.

Käytettävien STR-markkerien valinnalla on ratkaiseva merkitys niiden toimivuuteen lajinmäärityksessä. Vuoden 2014 tutkimuksessa havaittiin että huonoiten toimi itseasiassa laajin 39 STR-markkerin analyysipaneeli (Randi et al 2014). Eestiläinen Hindrikson (2012) on osoittanut että jopa 11 STR-markkerilla voidaan erottaa koira, koirasusi ja susi. Tässä artikkelissa mainitaan että he valitsivat käytettävissä olevat STR-markkerit analyysiä varten. Kuvassa 2 on heidän tuloksena esitettynä faktoriaalianalyysinä (eng. Factorial Component Analysis).



Kuva 2. Hindrikson et al 2012 esittää että hybridit erottuvat selvästi koirista ja erityisesti susista.

Eri oikeusasteissa myös suomalaiset susitutkijat ovat esittäneet todisteena vastaavan kuvaajan (Kuva 3).



Kuva 3. Koirasusien ampumisoikeudenkäynneissä käytetty kaavio.

Kuvassa on koirien populaatio vasemmalla vihreän ellipsin ympärillä ja oikealla sudet sinisen ellipsin sisällä. Käytetty laskentamenetelmä piirtää ellipsit. Suomalaisia susitutkijoita käräjä- ja hovioikeuksissa edustanut kalatutkija Craig Primmer sanoi että kuvassa näkyy kohdassa ”Kuhmo”, ”Parkano” ja ”Juva” kolme Suomessa tiedettyä koirasutta. Viimeisimmässä oikeudenkäynnissä Turussa tammikuussa 2019 Primmer mainitsi että nämä ovat toisen polven hybrideitä. Kun häneltä kysyttiin missä olisivat kolmannen sukupolven susihybridit, hän joutui myöntämään että ne olisivat keskellä susipopulaatiota. Siten eläin jossa on 87.5% sutta ja loput koiraeläintä on tämän määrityksen mukaan puhdas susi. Esimerkiksi LUKE:n tekemä analyysi oikeudelle analysoi yhden susiellipsin sisällä olevan eläimen 99.9% sudeksi joka on selvässä ristiriidassa kolmannen polven hybridiarvion kanssa. LUKEn antama prosenttiluku ei itseaisassa liity suoranaisesti lajinmääritykseen vaan siihen kuuluuko ko. eläin kyseiseen populaatioon. Kyseisestä kuvaajasta voi myös huomata että Suomen susipopulaation ei ole

lainkaan niin yhtenäinen kuin aiemmin uskoteltu vaan sudeksi luokitellut eläimet näyttäisivät jakaantuvan kahteen erilliseen eläinpopulaatioon.

Suden ja koiran genomi sisältää noin 2.4 biljoonaa emäsparia kumpikin. Susitutkimuksissa käytettyjen 17 STR-markkerin (jokainen noin 200-300 emäsparia) osuus koko genomista on noin 0.0002%. Toisin sanoen mikäli STR-menetelmää käytetään jää yli 99.9% DNA-alueista analysoimatta.

Suomalaiset maastohavainnot

Suomessa havaintoja ulkonäöltään poikkeavista tai poikkeavasti käyttäytyvistä susieläimistä on tullut vuosien varrella runsaasti useilta metsästäjiltä ja luonnossa liikkujilta, ja aikaisimmat jo viime vuosituhannelta. Esimerkiksi Pohjanmaan riistanhoitopiirin riistapäällikkö Jukka Bisi on kommentoinut jo 1994 (16.3.1994) Ilkka-lehdessä ja kertoi lehdessä syksyllä 1993 että ainakin yhdessä laumassa oli havaittu koiria tai risteymiä jotka käyttäytyivät uhkaavasti ja mukana oli ollut susi jolla oli ollut poikkeava ulkonäkö. Hän myös raportoi alueelle jääneen muutamia villikoiria.

Hiljattain on tullut havaintoja suden tapaisista elämistä joilla mm. normaalista sudesta poikkeavan värinen turkki ja kynnet, erimuotoinen häntä ja korvat, mieltymys tärkkelyspitoisiin ruokajätteisiin, sekä täysin poikkeava sosiaalinen käyttäytyminen ihmisten ja asumusten lähellä. Monet luonnossa liikkujat ovat raportoineet suden kaltaisista eläimistä joilla mieltymys omenoihin joita sudet eivät normaalisti pysty sulattamaan elimistössään hyvin. Näitä havaintoja on tehty jopa eteläisimmässä Suomessa.

Maastohavaintojen korrelaatio uusimpaan tieteelliseen tutkimukseen

Tieteellisissä tutkimuksissa huomattiin jo 2014 että hybridit ja sudet voidaan erottaa turkin värin geenin alueen puuttumisesta ja myöhemmin mm. käytökseen liittyvistä geeneistä. Nämä tulokset selittävät hyvin suomalaiset havainnot oudon värisistä ja oudosti käyttäytyvistä susista. Ykis tutkimuksista on esitelty erittäin arvostetussa Nature-tiedelehdessä jossa Axelssonin vertaisvertailtu artikkeli julkaistiin. Heidän tutkimusryhmänsä löysi 36 geenin eron joista yllättäen kymmenen geeniä liittyi juuri tärkkelyspitoiseen ruokavalioon ja rasva-aineenvaihduntaan (Axelsson et al 2013).

Vuonna 2014 julkaistiin vertaisvertailtu artikkeli erittäin arvostetussa Plos One tiedelehdessä (Randi et al 2014). Tutkimuksessa käytettiin 39 autosomaalista ja neljää Y-markkeria (uros), eläimen turkin värin määräävää beta-defensin CBD103 geeniä ja mtDNA-markkereita. Aineistona oli 30 epäiltyä hybriditapausta Italiasta ja 73 tsekkoslovakialaista koirasutta, sekä koiranäytteitä Italiasta. Turkin värin määrittävä DNA muutos löytyi ainoastaan koirapopulaatiosta ja epäillyistä hybrideistä. Yllättäen Suomessakin käytettyjen STR-markkereiden lisääminen aineistoon huononsi analyysitulosta. Italian aineistosta kävi ilmi että hybridisaatio oli tapahtunut jo useita sukupolvia aikaisemmin.

Hiljattain julkaistiin vertaisverailtu artikkeli koskien Tsekkoslovakian koirasusia. Tutkimuksessa käytettiin 170,000 DNA-markkerialuetta (Pendleton et al 2018). Tutkimuksessa löydettiin yli 2000 geeniä koiran genomiin liittyen ja yli 300 geeniä jotka ovat selvästi suden perimään liittyviä. Näiden geenien toiminnan kuvailtiin liittyvän sosiaalisuuteen, oppimiseen, muistiin sekä vuorokausirytmiin. Toinen tuore tutkimus löysi 79 ns. epigeneettistä aluetta jotka liittyivät susien ja koirien käytökseen geenitasolla (Banlaki et al 2017).

Yhteenvetona voisi todeta että nämä geneettiset tutkimukset tukevat erinomaisesti suomalaisia maastohavaintoja poikkeavista susista jotka voisivat siis edelläolevan perusteella olla koirasusia.

Suomessa näitä ilmentymiseen liittyviä, geenejä koodaavia alueita ei ole siis analysoitu lainkaan vaan ainoastaan ei-koodaavia STR-markkereita jotka eivät toimi kovin hyvin lajinmäärityksessä eivätkä kerro eläimen ulkoisista tai muista ominaisuuksista mitään. Eri oikeusasteissa suomalaisia susitutkijoita edustanut kalatutkija Craig Primmer myönsi tämän lopultakin Turun Hovioikeudessa tammikuussa 2019.

Yhteenveto

Kannanhoidollisesti on edellä käsitellyissä ja muissa tieteellisissä julkaisuissa todettu että ulkonäöltään epätyypillisten yksilöiden poistaminen ei aina ole se paras ja toimivin ratkaisu suden suojelemiseksi itsenäisenä lajina. Eräässä tutkimuksessa laskettiin että eliminoinnilla saatiin poistettua vain 44% koirasusista (Godinho et al 2015).

Suomessa susia tutkitaan vain STR-aluesiin perustuvilla DNA-mikrosatelliiteilla. Eli eläimien keskinäistä sukulaisuus-suhdetta selvitetään mutta ei itseasiassa sitä onko eläimistä osa hybridejä tai onko meillä kokonaisia hybridisusiperheitä. Useissa tutkimuksissa on osoitettu että STR-mikrosatelliittimarkkerien oikealla valinnalla on suuri merkitys siihen pystytäänkö hybridit erottamaan (Randi, Hindrikson). Suomen tutkimusten hybridien erotuskyky näyttää olevan huono tai verrokkiaineistossa ei ole edustava susille (koirasusia laskettu esim. susiksi). Susitutkijoita edustanut henkilö (Craig Primmer) on jo alkuvuodesta 2019 myöntänyt hovioikeudessa että kolmannen polven hybridit on luokiteltu heidän käyttämällään menetelmällä puhtaiksi susiksi. Tämä tarkoittaa että susissa on 12.5% koiran perimää ja vain 87.5% suden DNA-materiaalia Aikaisemmin tutkija Jouni Aspi on oikeudessa valan alla todistanut että tällä menetelmällä voidaan erottaa jopa viidennen sukupolven hybridit.

Vertaisvertailluissa tutkimuksissa on havaittu susien ja hybridien erojen olevan juuri turkin värin, ruoansulatuksen ja käyttäytymisen määräävissä geeneissä. Nämä ovat juuri niitä asioita joihin erämiehet, metsästäjät ja

luonnossa liikkujat ovat kiinnittäneet huomiota kun puhutaan hybridiepäilyistä.

Ulkomaisissa tutkimuksissa huomattiin jo 2014 että hybridit ja sudet voidaan erottaa turkin värin geenin alueen puuttumisesta ja myöhemmin mm. käytökseen liittyvistä geeneistä. Nämä tulokset selittävät varsin hyvin havainnot oudon värisistä ja oudosti käyttäytyvistä susista. Suomessa näitä ei ole käytetty siis ollenkaan vaan ainoastaan STR-mikrosatelliitteja jotka eivät raportoidusti toimi lajinmäärityksessä eivätkä kerro ominaisuuksista mitään, ja niillä jätetään yli 99.9% eläimen DNA:sta analysoimatta. Gopalakrishnan et al 2017 suositteli suden koko genomin käyttöä mikäli pyritään tarkkaan suden ja koiran lajinmääritykseen. Mitään näistä menetelmistä ei kuitenkaan vielä ole käytössä Suomessa. He suosittelivat myös kolmannen lajin, kuten sakaalin, vertailunäytteen mukaanottamista.Tämä saattaisi olla myös paikallaan koska kultasakaali on jo ilmeisesti levinnyt Suomeen.

Jari Louhelainen

_____

FT Jari Louhelainen

Tieteelliset viitejulkaisut

Axelsson E et al. (2013) The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet. Nature Mar 21;495(7441):360-4

Banlaki Z et al (2017) DNA methylation patterns of behavior-related gene promoter regions dissect the gray wolf from domestic dog breeds. Mol Genet Genomics Jun;292(3):685-697

Botigué LR. et al. (2017) Ancient European dog genomes reveal continuity since the Early Neolithic. Nature Commun. 8, 16082

Fan Z et al (2016) Worldwide patterns of genomic variation and admixture in gray wolves. Genome Research Feb;26(2):163-73

Frantz LA et al (2016) Ancient European dog genomes reveal continuity since the Early Neolithic. Science Jun 3;352(6290):1228-31

Gómez-Sánchez D et al. (2018) On the path to extinction: Inbreeding and admixture in a declining grey wolf population. Molecular Ecology Sep;27(18):3599-3612

Gopalakrishnan S et al. (2017) The wolf reference genome sequence (Canis lupus lupus) and its implications for Canis spp. population genomics. Jun 29;18(1):495

Hindrikson M et al (2012) Bucking the trend in wolf-dog hybridization: first evidence from europe of hybridization between female dogs and male wolves. PLoS One 7(10):e46465.

Larson G et al. (2012) Rethinking dog domestication by integrating genetics, archeology, and biogeography. PNAS June 5, 109 (23) 8878-8883.

Pendleton AL et al. (2018) Comparison of village dog and wolf genomes highlights the role of the neural crest in dog domestication. BMC Biology 16:64

Pilot M et al (2018) Widespread, long-term admixture between grey wolves and domestic dogs across Eurasia and its implications for the conservation status of hybrids. Evolutionary Applications 11:662–680.

Randi E et al. (2014) Multilocus Detection of Wolf x Dog Hybridization in Italy, and Guidelines for Marker Selection. PLoS ONE 9(1): e86409

Savolainen P et al (2002) Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. Science 298:1610–1613

Skoglund P et al. (2015) Ancient Wolf Genome Reveals an Early Divergence of Domestic Dog Ancestors and Admixture into High-Latitude Breeds. Current Biology 25, Issue 11, 1 June, Pages 1515-1519

Vilà C et al. (1997) Multiple and ancient origins of the domestic dog. Science 276:1687–168

Wang GD et al. (2013) The genomics of selection in dogs and the parallel evolution between dogs and humans. May 14, 4:1860