HE 21/2025 vp

Lisäselvitys / Luonnonvarakeskus / 7.5.2025

Alla Luken vastaus Edustaja Kalmarin kysymykseen ”Lukelta selvitys geneettisestä hajonnasta ja sen kehityksestä meillä ja Venäjällä sekä Ruotsissa, populaation alimman elinvoimaisen kannan raja-arvon kehitys”

Valitettavasti emme voi vastata tyhjentävästi kohtaan ”populaation alimman elinvoimaisen kannan raja-arvon kehitys” sillä emme täysin ymmärtäneet kysymyksen ko kohtaa. Vastasimme kuitenkin alla lyhyesti viitearvon mallintamiseen liittyvästä työstä ”pienin elinvoimainen populaatio” osalta.

yst.terv.

Katja Holmala

Ohjelmajohtaja, FT dos.

Viranomais- ja asiantuntijapalvelut

Luonnonvarakeskus (Luke)

Vastaus (sudesta):

Useat tutkimukset osoittavat että Venäjällä susipopulaation geneettinen variaatio on Euroopan korkeimpien lukujen rinnalla. Itäisen Suomen sudet edustavat samaa geneettistä perimää kuin itärajan takaisessa Venäjän Karjalassa ja kyseiset sudet ovat geneettisesti monimuotoisempia kuin Lounais-Suomen sudet tai Skandinavian sudet. Lukella ei ole tiedossa dataa Venäjän susien osalta sisäsiittoisuudesta tai Venäjällä esiintyvien susien mahdollisesta osapopulaatiorakenteesta.

Tästä tietoa mm. julkaisuissa Howling from the past: historical phylogeography and diversity losses in European grey wolves - PMC ja Wolf population genetics in Europe: a systematic review, meta-analysis and suggestions for conservation and management - Hindrikson - 2017 - Biological Reviews - Wiley Online Library

Lisäksi allaoleva taulukko raportista (siinä Liite C, s. 119): Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittäminen: Loppuraportti 2022

Taulukko C9. Näytemäärä (N), alleelirikkaus (A_R) ja sukusiitoskerroin (F_{IS}) Suomessa ja naapuripopulaatioissa. Lähde: Luonnonvarakeskus, Oulun yliopisto ja SLU.

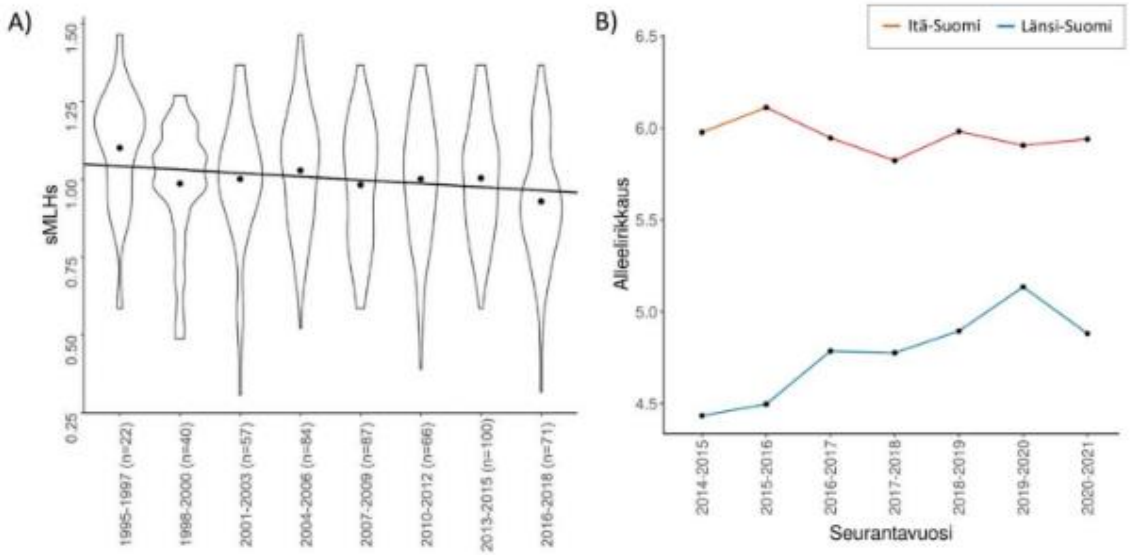
	N	A_R	F_{IS}
Suomen osapopulaatiot			
Länsi-Suomi	75	4,36	-0,05
Itä-Suomi	34	5,15	-0,02
Naapuripopulaatiot			
Itä-Suomi/Venäjän Karjala	64	5,86	-0,01
Venäjän Karjala	30	5,99	-0,08
Skandinavia	19*	4,51	0,03

* Perustuu 110 yksilön otokseen.

Luken projektissa suden viitearvon määritykseen liittyen selvitettiin geneettistä monimuotoisuutta Suomen susikannassa ja koottiin vertailutietoa lähialueilta.

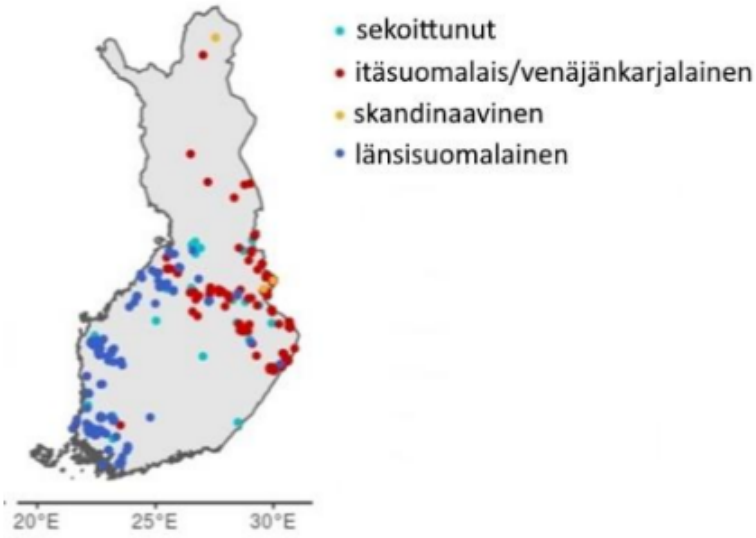
Kun geneettistä monimuotoisuutta verrataan maiden välillä käyttäen vertailukelpoista, vain aikuisista susista koostuvaa otantaa, alleelirikkaus on Itä-Suomessa verrattain hyvällä tasolla AR=5,15 (Liite C). Se on enemmän kuin Skandinaviassa AR=4.5 (Mäntyniemi et al 2022, tarkemmin raportin Liite C), jossa susikanta romahti täysin ja lähti liikkeellä yhdestä ainoasta susiparista vuonna 1983 (Wabakken ym. 2001, Vilá ym. 2003). Itä-Suomen alleelirikkaus on kuitenkin hieman pienempi kuin Venäjän Karjalassa AR=5,99 (Liite C). Länsi-Suomessa sen sijaan alleelirikkaus AR=4,36 (Liite C) on jopa pienempi kuin Skandinaviassa.

Huolestuttavaa on, että pitkällä aikavälillä kerätyn kudosnäyteaineiston perusteella suden geneettinen monimuotoisuus Suomessa on vähentynyt 1990-luvulta lähtien (Kuva 8a). Tarkastelemalla tuoretta kannanseuranta-aineistoa havaitaan, että vaikka muuntelua on enemmän Itä-Suomessa, myös sen määrä on vähentynyt vuosien 2016–2018 välillä kannan koon laskun myötä (Kuva 8b). Vaikka kanta onkin kasvanut viime aikoina, muuntelun määrä ei ole palautunut täysin ennalleen, vaan on jäänyt vuotta 2015–2016 alhaisemmalle tasolle.



Kuva 8. A) Suomalaisten susien geneettisen monimuotoisuuden lasku vuosien 1995–2018 välillä. Kuvassa kudosnäyteaineiston yksilöiden heterotsygotia-aste (sMLHs,) sukupolvittain (N=527). Sukupolvet on muodostettu syntymävuosien perusteella. Trendiviiva on sovitettu kauden keskiarvopisteiden perusteella. B) Toinen geneettisen monimuotoisuuden mittarin, alleelirikkauden, kehitys kannanseuranta-aineistossa Itä- ja Länsi-Suomen osapopulaatioille vuosien 2014–2021 välillä. Lähde: Luonnonvarakeskus ja Oulun yliopisto.

Viitearvon määrittelyyn liittyvässä tutkimuksessa todettiin v. 2022 uutena tuloksena, että suomalainen susikanta on jakautunut selkeästi kahteen toisistaan geneettisesti eriytyneeseen osapopulaatioon, itäiseen ja läntiseen (alla kuva 9). Nämä osapopulaatiot eroavat toisistaan myös muuntelun määrän suhteen. Levittäytymishistoriasta tiedämme, että sudet asuttivat Länsi-Suomen uudelleen vasta vuosituhannen alkupuolella, jolloin susia oli alkuun vain lounaisessa osassa aluetta. Myöhemmin kanta levittäytyi lounaasta pohjalaismaakuntiin. Muuttoliike Länsi- ja Itä-Suomen välillä on kuitenkin melko vähäistä, joten lännen sudet pariutuvat enimmäkseen keskenään, mikä näkyy geneettisenä erilaistumisena ja vähäisempänä muunteluna (Kuva 8b). Itä-Suomessa on ollut vakiintunut susikanta jo 1990-luvun puolestavälistä lähtien. Itä-Suomen sudet ovat geneettisesti samankaltaisia Venäjän Karjalan susien kanssa (alla kuva 9) ja voidaan todeta näiden olevan samaa valtioiden rajan ylittävää kantaa. Itä-Suomen osapopulaation yhteys suurempaan susikantaan näkyy korkeampana perimän muuntelun määränä verrattuna läntiseen osapopulaatioon.



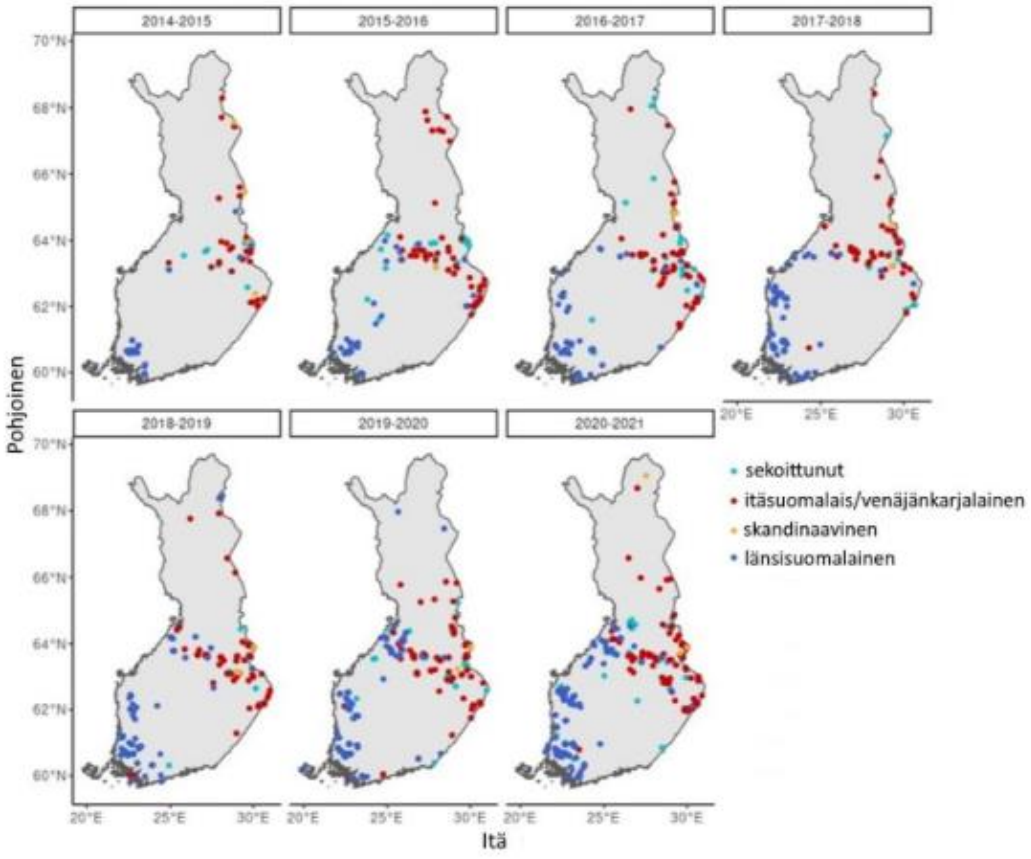
Kuva 9. Eri osapopulaatioista peräisin olevien susiyksilöiden sijainnit Suomessa seuranta-vuonna 2020–2021. Yksilöt on tunnistettu kuuluviksi johonkin neljästä luokasta: länsisuomalainen, itäsuomalais/venäjänkarjalainen, skandinaavinen tai sekoittunut genotyyppi. Jos vastaavuus kaikkiin tutkimuksessa käytettyihin populaatioihin jäi alle käytettyjen raja-arvojen (ks. Liite C, kappale 3.2), yksilö katsotaan genotyypiltään sekoittuneeksi. Lähde: Luonnonvarakeskus ja Oulun yliopisto.

Vaikka Itä-Suomen susikannalla on selvä toimiva yhteys Venäjän susikantaan, geenivirta ei kuitenkaan ole ollut riittävää kumoamaan viimeaikaista geneettisen monimuotoisuuden laskua. Myös Suomen sisäinen muuttoliike on ollut riittämätöntä ehkäisemään osakantojen eriytymistä, mikä lisää läntisen kannan sukusiittoisuuden riskiä entisestään tulevaisuudessa.

Tunnuslukuja ja historiaa susien geneettisestä eriytymisestä

Taulukko C6. Fennoskandian susikannan geneettinen eriytyminen viiden eri alueen välillä. FST-arvot alemmassa ja p-arvot ylemmässä kolmiomatriisissa. Lähde: Luonnonvarakeskus.

	Itä-Suomi	Pohjalais-maakunnat	Venäjän Karjala	Lounais-Suomi	Skandinavia
Itä-Suomi	-	0,001	0,001	0,001	0,001
Pohjalais-maakunnat	0,050	-	0,001	0,001	0,001
Venäjän Karjala	0,040	0,063	-	0,001	0,001
Lounais-Suomi	0,081	0,014	0,103	-	0,001
Skandinavia	0,081	0,109	0,102	0,134	-



Kuva C4. Eri osapopulaatioista peräisin oleviksi susiksi tunnistettujen yksilöiden sijainnit Suomessa seurantavuosilta 2014–2021. Yksilöt on tunnistettu kuuluviksi yhteen neljästä luokasta: länsisuomalainen, itäsuomalais/venäjänkarjalainen, skandinaavinen tai sekoittunut genotyyppi. Jos vastaavuus kaikkiin tutkimuksessa käytettyihin populaatioihin jäi alle käytettyjen raja-arvojen (ks. Luku 3.2), yksilö katsotaan genotyypiltään sekoittuneeksi. Lähde: Luonnonvarakeskus ja Oulun yliopisto.

Pienin elinvoimainen populaatio Luken viitearvo-mallinnuksessa

Pienin elinvoimainen populaatio demografisten ominaisuuksien kannalta katsottuna riippuu sen määrittämisessä käytetyistä kriteereistä eli valitusta tarkasteluajanjaksosta ja hyväksytystä populaation häviämistodennäköisyydestä.

Kun tarkasteluajaksi on valittu 100 vuotta ja tulomuuton Venäjältä oletetaan pysyvän samalla tasolla kuin edelliset 10 vuotta, maaliskuun yksilömääränä määritetty PEP vaihtele välillä 60–240, jos hyväksytty häviämisriski vaihtelee 1 ja 10 prosentin välillä. Jos tarkasteluajaksi valitaan 200 vuotta, asettuu PEP samoilla riskitasoilla välille 90–355. Mikäli PEP määritetään olettamalla, että tulomuuttoa Venäjältä ei ole, nousevat PEP-tasot noin kolminkertaisiksi 100 vuoden tarkastelujaksolla.

Viitearvo- raportissa (2022) esitetty malli tarkastelee populaation elinvoimaisuutta ainoastaan populaation demografisten ominaisuuksien perusteella, eli malli ei huomioi lainkaan perinnöllisiä eli geneettisiä tekijöitä. Geneettisillä tekijöillä on kuitenkin huomattava merkitys populaation elinvoimaisuudelle ainakin kahdella tapaa. Geneettisen monimuotoisuuden tulee olla tarpeeksi korkealla tasolla, jotta populaatiolla voidaan katsoa olevan evolutiivista potentiaalia eli kykyä sopeutua pitkällä aikavälillä tulevaisuudessa

tapahtuviin ympäristömuutoksiin. Tämä näkökanta on kirjattu myös luontodirektiivin tulkintaohjeisiin (DG Environment 2017). Lyhyemmälläkin aikavälillä monimuotoisuus on

tärkeää, jotta populaatio voi esimerkiksi välttyä sukusiitoksen haitallisilta vaikutuksilta (esim. Kardos ym. 2021). Populaation demografia ja genetiikka ovat siis yhteydessä toisiinsa: populaatiokoon pienenemisen myötä populaatiosta voi poistua geenimuotoja, joita jäljelle jäävillä yksilöillä ei ole mutta jotka voisivat tulevaisuudessa olla hyödyllisiä. Pienessä populaatiossa toisilleen sukua olevat yksilöt, joiden perimä on osittain yhteistä, myös päätyvät helpommin lisääntymään keskenään. Tällöin on suurempi todennäköisyys, että jälkeläiset perivät vanhemmiltaan saman geenimuodon, mikä voi olla ongelmallista, jos yleistyvä geenimuoto on jollain tapaa haitallinen eliölle. Sukusiitoksen lisääntymisestä johtuva sukusiitosheikkous on Skandinavian susipopulaatiossa yhdistetty mm. luuston epämuodostumiin (Räikkönen ym. 2006) ja pentujen suurempaan talvikuolleisuuteen (Liberg ym. 2005). Geneettiset tekijät siis voivat vaikuttavat populaation demografiaan kuten lisääntymiseen, ja samalla demografiset tekijät vaikuttavat populaation geneettisiin ominaisuuksiin. Tässä työssä esitetty populaatiomalli ei sisällä geneettisiä tekijöitä, joten sillä ei voida tutkia esimerkiksi sitä, kuinka suuri populaatio olisi elinvoimainen, jos myös geneettiset seikat huomioitaisiin. Populaatio voi siis vaikuttaa demografisilta ominaisuuksiltaan elinvoimaiselta, mutta samalla se voi olla liian pieni välttääkseen sukusiitosheikkoudesta johtuvia ongelmia, jotka alkavat heikentää myös populaation demografisia ominaisuuksia.

Vastauksen kuvat ja tiedot: Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittäminen: Loppuraportti 2022

Raportit (väliraportti ja loppuraportti) löytyvät sivulta: Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittely | Luonnonvarakeskus