

DNA-pohjainen luontotieto - menetelmät, käyttöönotto ja tiedonhallinta

Veera Norros ja Tiina Laamanen
FEO-webinaari 1.3.2024



Suomen ympäristökeskus
Finlands miljöcentral
Finnish Environment Institute

Muut molekyylibiologiset näytteet

- Näytteet suoraan eliöstä tai sen jätöksistä
 - Lajintunnistuksen varmistaminen, lajinsisäinen populaatorakenne tai geneettinen monimuotoisuus
- Lukuisia eri lajien yksilöitä sisältävä kokoomanäyte (esim. erilaisilla pyydyksillä)
- DNA:n sijaan tai lisäksi menetelmien perusteena voi olla RNA, jolloin saadaan tietoa **ilmentyvistä** geeneistä



Erilaisia lähestymistapoja

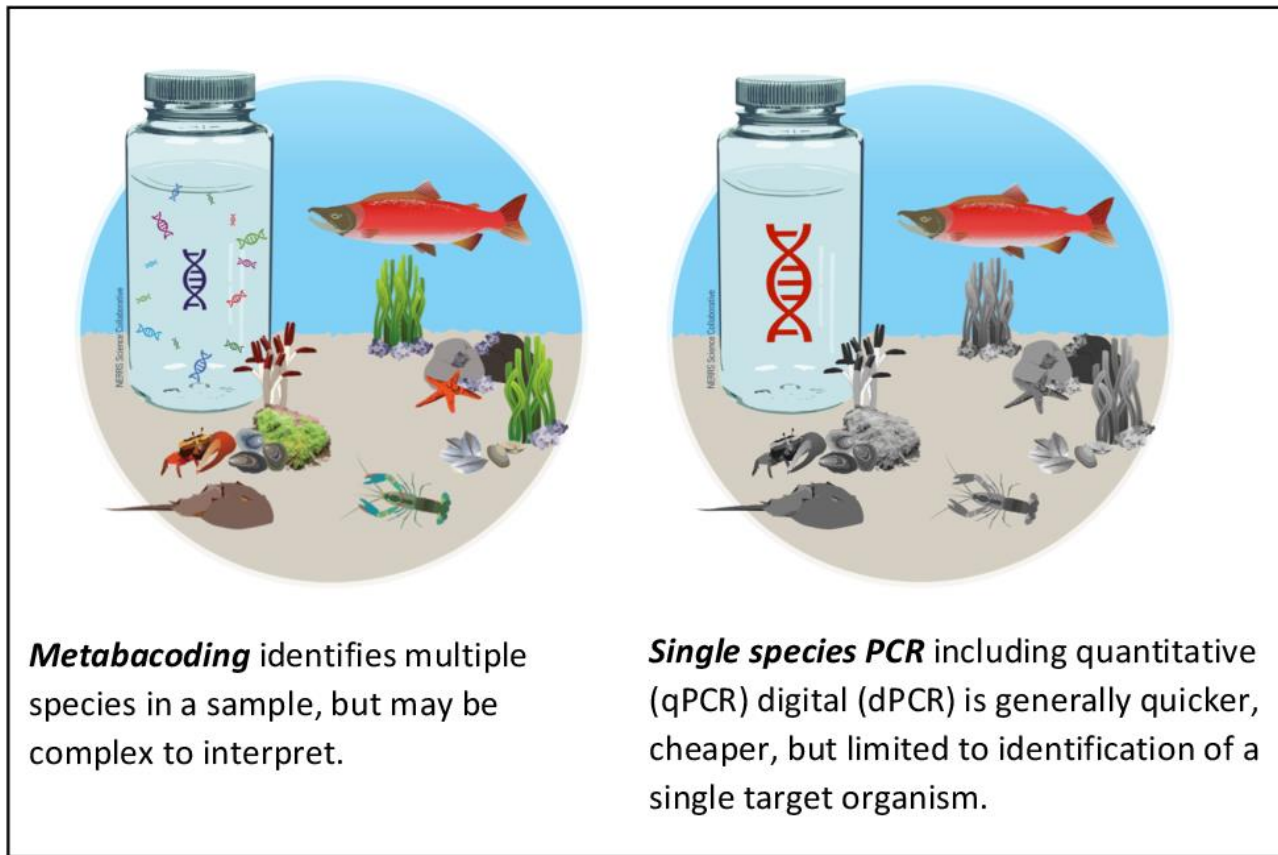
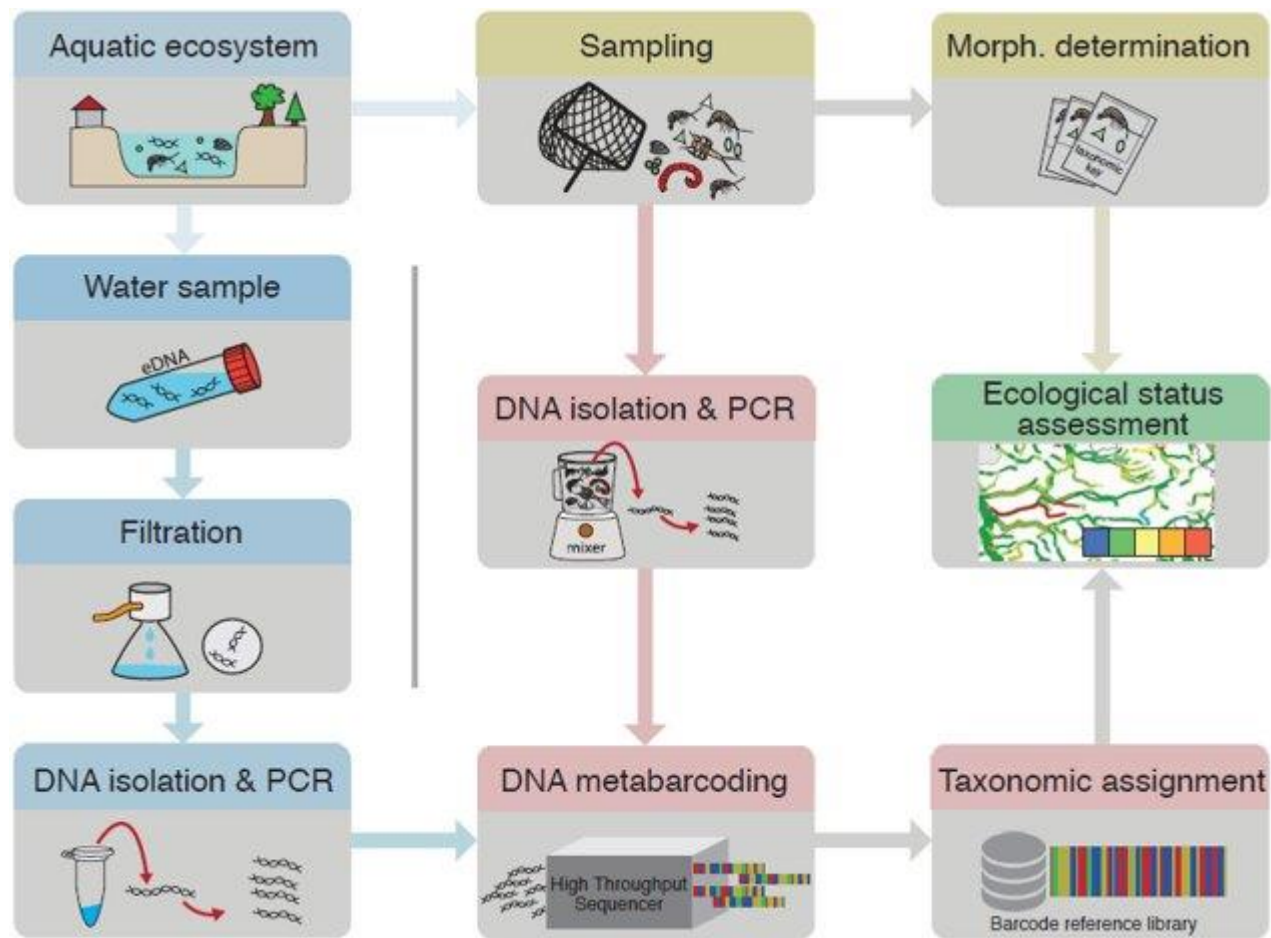


Figure 1. Metabarcoding and single species PCR are common eDNA analytic methods.

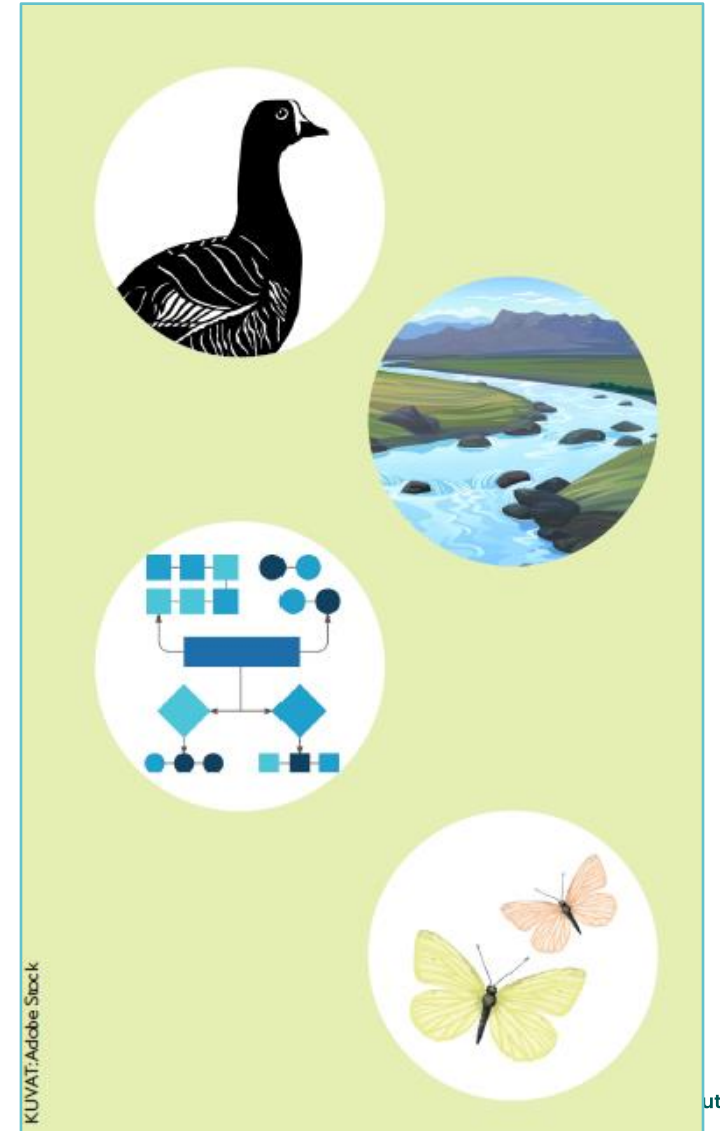
Erilaisia lähestymistapoja



Leese et al. 2017

Mahdollisuudet luonnon monimuotoisuuden seurannassa

- Uhanalaisten lajien tarkempi havaitseminen
- Vaikeasti havaittavien, huonosti tunnettujen ja/tai äärimmäisen monimuotoisten eliöryhmien seuranta
- Kokonaisten eliöyhteisöjen kustannustehokas seuranta
- Elinympäristön tilan seuranta eliöstön perusteella (myös ilman lajintunnistusta)
- Kohdelajien geneettisen monimuotoisuuden seuranta
- RNA → ekosysteemien toiminnan seuranta





Miksi tarvitsemme kansallisen ja kansainvälisen tason koordinointia menetelmien käyttöönotossa?

Menetelmät kehittyvät nopeasti ja niiden käyttöönotto osaksi ympäristöseurantoja on käynnistynyt maailmanlaajuisesti

Eri organisaatiot kehittävät omia menetelmiään – iso riski siihen etteivät menetelmät ja tulokset ole keskenään vertailukelpoisia

Matalan kynnyksen tiedonvaihto ja menetelmien standardointi erittäin tärkeää!

Roadmap for implementing environmental DNA (eDNA) and other molecular monitoring methods in Finland

Vision and action plan for 2022–2025

Veera Norros, Tiina Laamanen, Kristian Meissner, Terhi Iso-Touru, Aapo Kahilainen, Sirpa Lehtinen, Katileena Lohtander-Buckbee, Henrik Nygård, Taina Pennanen, Marja Ruohonen-Lehto, Päivi Sirkkiä, Sanna Suikkanen, Mikko Tolkkinen, Eeva Vainio, Sannakajsa Velmala, Kristiina Vuorio and Petteri Vihervaara

+ Lisää kv-yhteistyötä ja koordinaatiota

+ Lisää organisaatioiden välistä yhteistyötä

Kansallinen eDNA-tiekartta

Kuvaa molekyylibiologisten seurantamenetelmien käyttöönoton tilannetta kansallisella tasolla

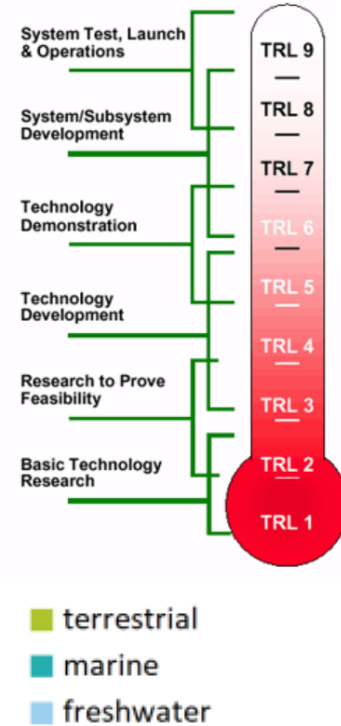
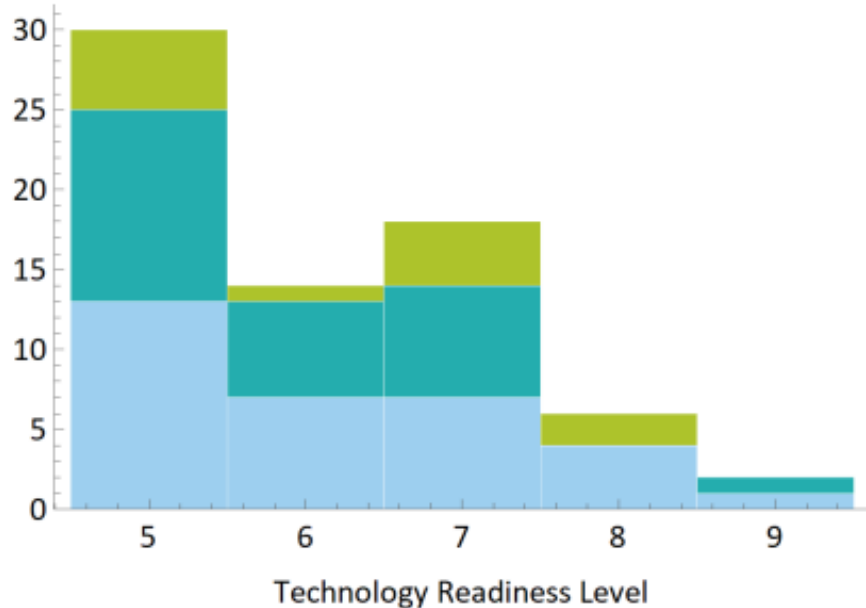
Tunnistaa tärkeimmät mahdollisuudet, haasteet ja kehitystarpeet

Määrittää keskipitkän ja lyhyen aikavälin tavoitteet

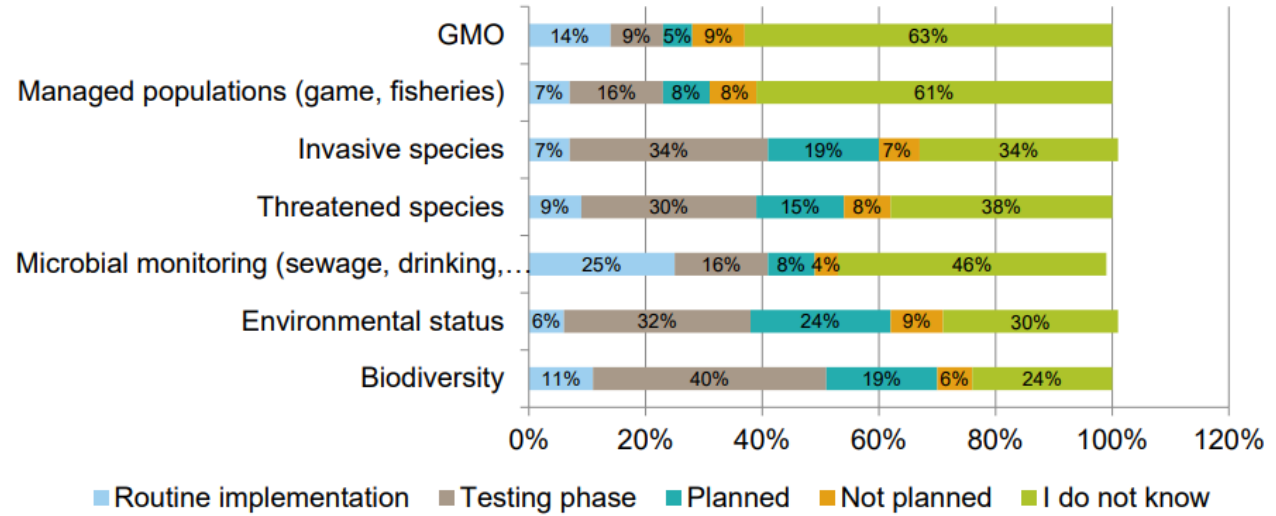
Luo konkreettisen toimintasuunnitelman seuraaville vuosille



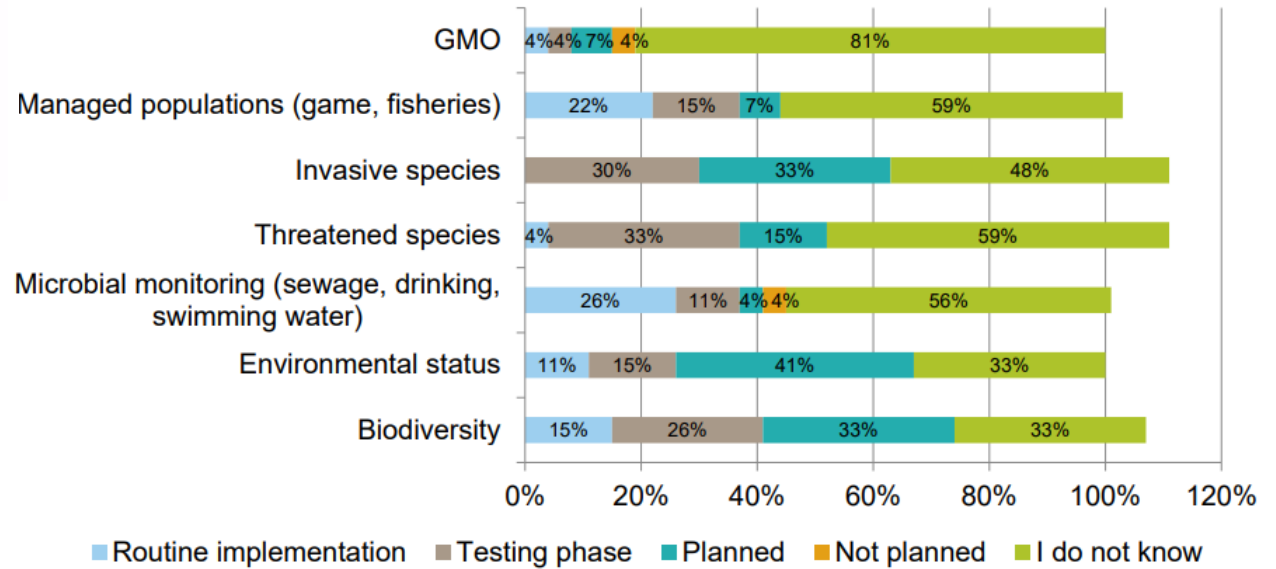
Menetelmiä on kehitetty laajasti eri eliöryhmille mutta niitä ei ole vielä otettu rutiinikäyttöön



A) International status of implementation (excluding Finland)

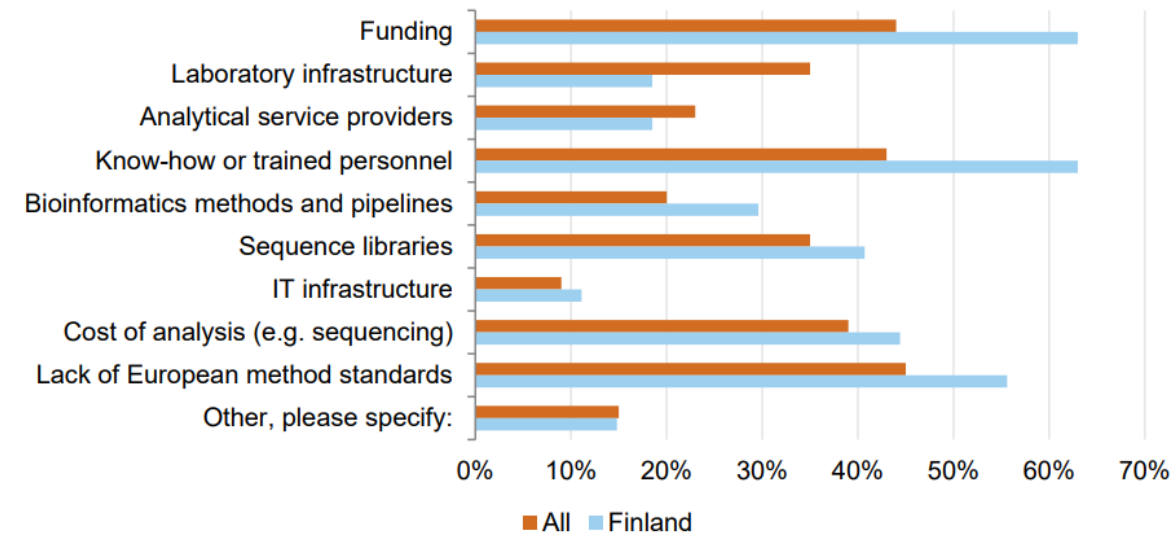
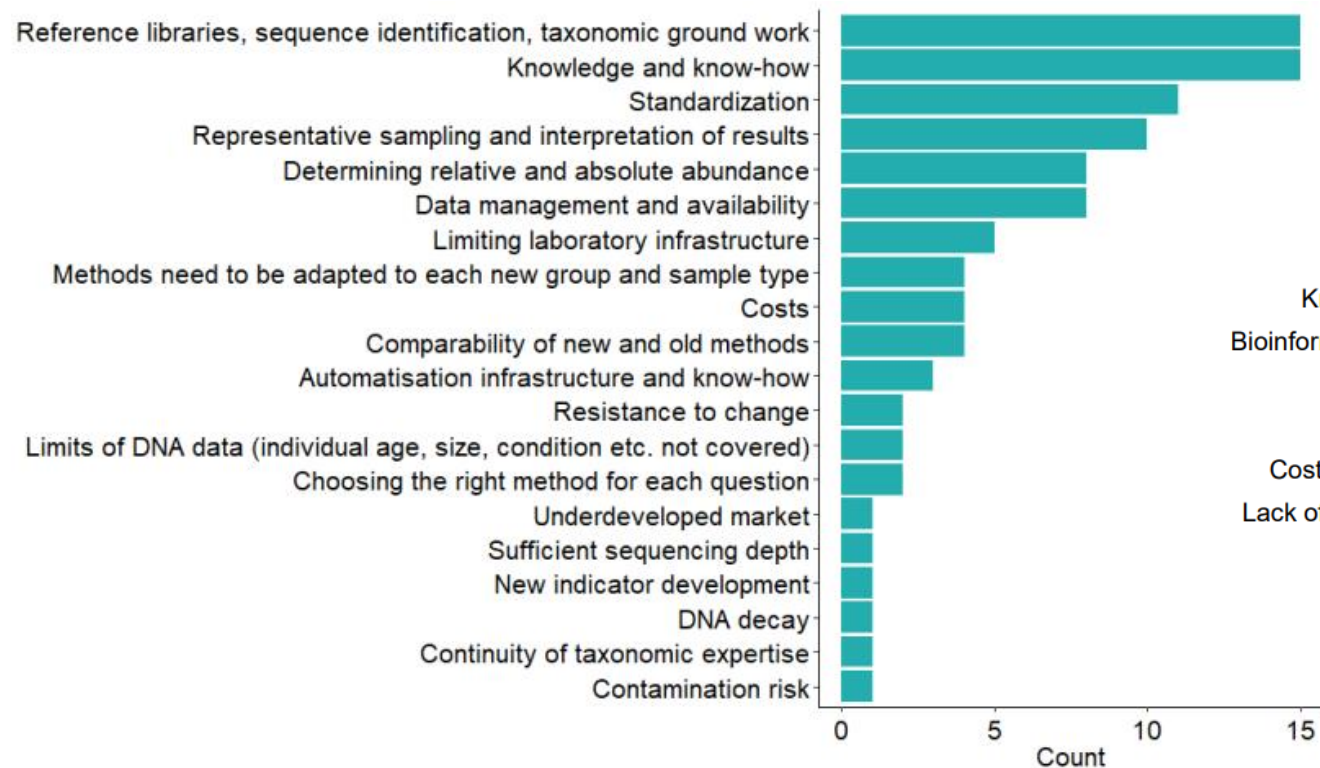


B) National status of implementation



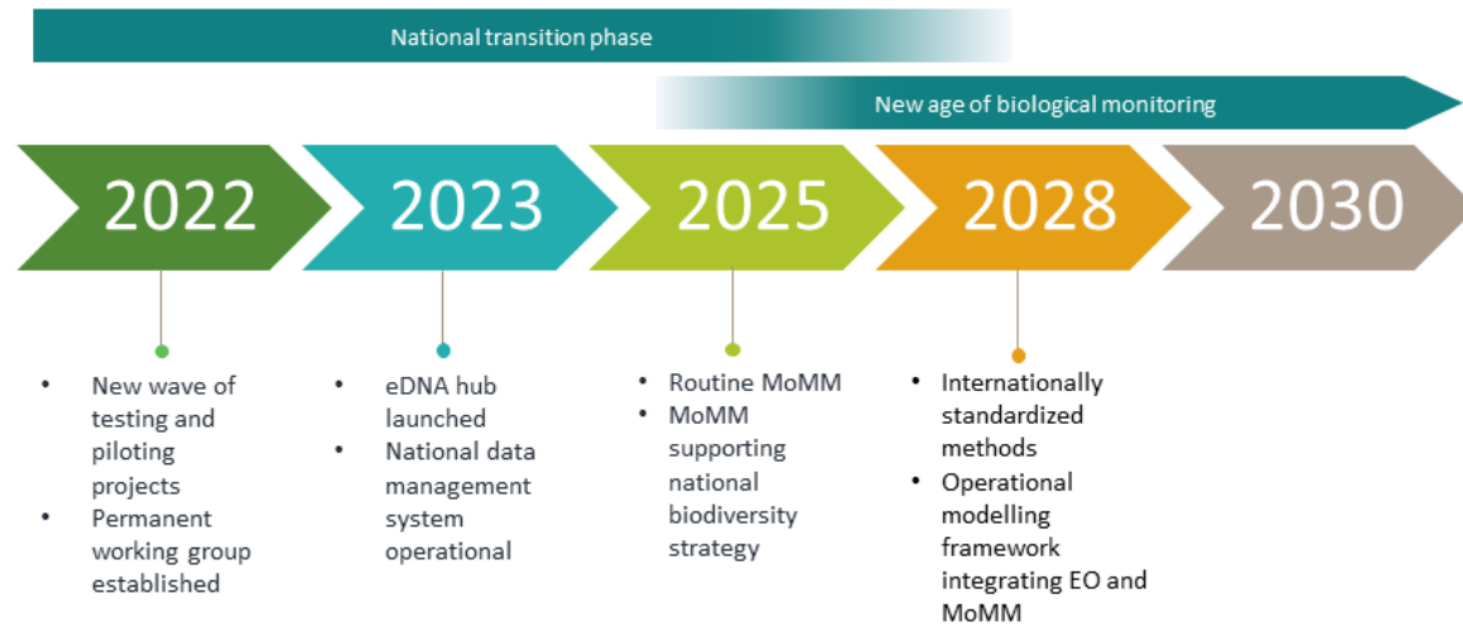
Tärkeimmät haasteet: rahoitus, osaaminen ja standardien/laadunvarmistuksen puute

- Lisäksi: referenssikirjastot, runsaustiedon saaminen, aineiston ja tulosten tulkinta (esim. epävarmuus DNA:n alkuperästä laimenemisen ja leviämisen takia)



Visio: molekyylibiologiset menetelmät osana rutiiniseurainta

- DNA-menetelmät ovat välttämättömiä kattavamman biodiversiteettiseurannan mahdollistamiseksi
 - Eivät kuitenkaan korvaa perinteisiä menetelmiä!
- ”Siirtymäaikana” tarvitaan entistä laajamittaisempaa ja koordinoidumpaa kehitystyötä sekä standardointia



Suomessa menetelmät ovat enimmäkseen kokeiluasteella – riistaeläinten ja vesieliöiden seuranta pisimmällä



Kuvat: Katariina Kauhala, Kristiina Vuorio

- Suomessa molekyylibiologisia seurantamenetelmiä on kehitetty ja pilotoitu yliopistoissa ja kaikissa ympäristön seuranta koordinoivissa laitoksissa
 - SYKE, Luke, Luonnontieteellinen keskusmuseo, Metsähallitus, Ilmatieteen laitos, Terveyden ja hyvinvoinnin laitos, Ruokavirasto
- Rutiinikäytössä menetelmät ovat vasta yksittäisten riista- ja kalalajien seurannassa (susi, kanadan- ja euroopanmajava sekä lohi)
- Laajoja tutkimuspilotteja erityisesti vesieliöillä kuten plankton- ja päällykslevillä, pohjaeläimillä ja kaloilla parhaillaan käynnissä

Menetelmästandardointi etenee

- CEN standardi EN 17805:2023 Water quality - Sampling, capture and preservation of environmental DNA on julkaistu Kristian Meissnerin johdolla
- ISO/TC 147/SC 5/WG13 "Environmental DNA and RNA methods", jota Kristian Meissner johtaa on juuri perustettu
- International eDNA Standardization Task Force perustettiin lokakuussa GEOBON konferenssin yhteydessä Montrealissa.
 - Task forcea vetävät Mehrdad Hajibabaei, John Darling, Florian Leese ja Kristian Meissner



iESTF Workshop, Montreal, October 14, 2023



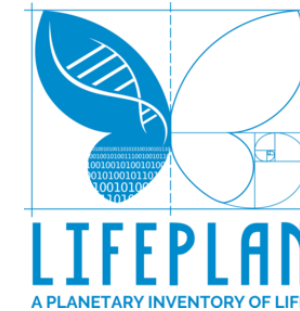
International
Organization for
Standardization



Suomen ympäristökeskus
Finlands miljöcentral
Finnish Environment Institute

Miten menetelmien käyttöönottoa ollaan edistämässä?

- Lukuisia kansallisia ja kansainvälisiä tutkimus- ja kehityshankkeita on käynnissä yliopistoilla ja tutkimuslaitoksilla (esim. BIOMON-ohjelma, Suomen Akatemia, ERC, Horizon Europe, Biodiversa+)
- Mukana uudessa ympäristön seurannan strategiassa, toimeenpanoa edistävät työryhmät aloittaneet toimintansa
- Suomen ekosysteemiobservatorio hanke julkaisee kevään aikana **Luontotieto**-sivuston, jonne tulossa tietoa myös DNA-menetelmistä
- Lajitietokeskuksen FIRI-kehittämisprojekti (2021-2026) valmistelee DNA-pohjaisten lajihavaintojen tiedonhallintaa
- Sykessä käynnissä ja käynnistymässä lukuisia hankkeita, mm. eDNA-Monitor, eDNAqua-Plan, DNAquaIMG, SPORELIFE, OBSGESSION, TIMED



Ympäristön tilan seurannan strategia 2030

Ympäristöministeriön julkaisu
2022:28



International Organization for Standardization

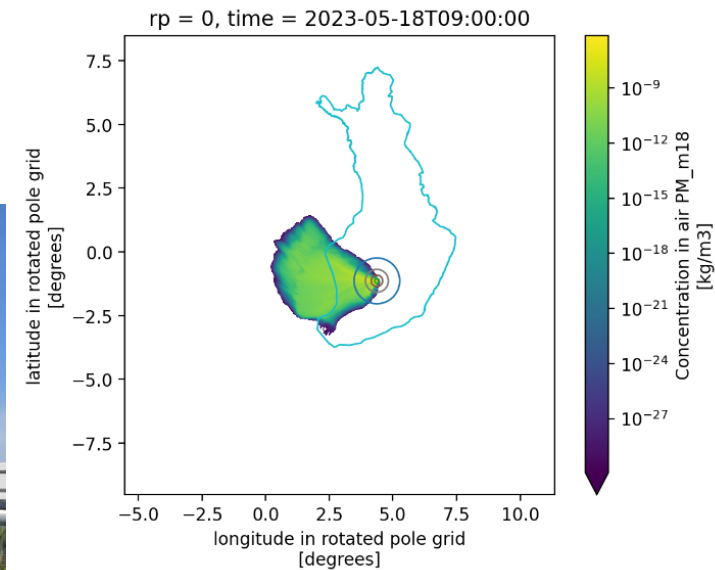
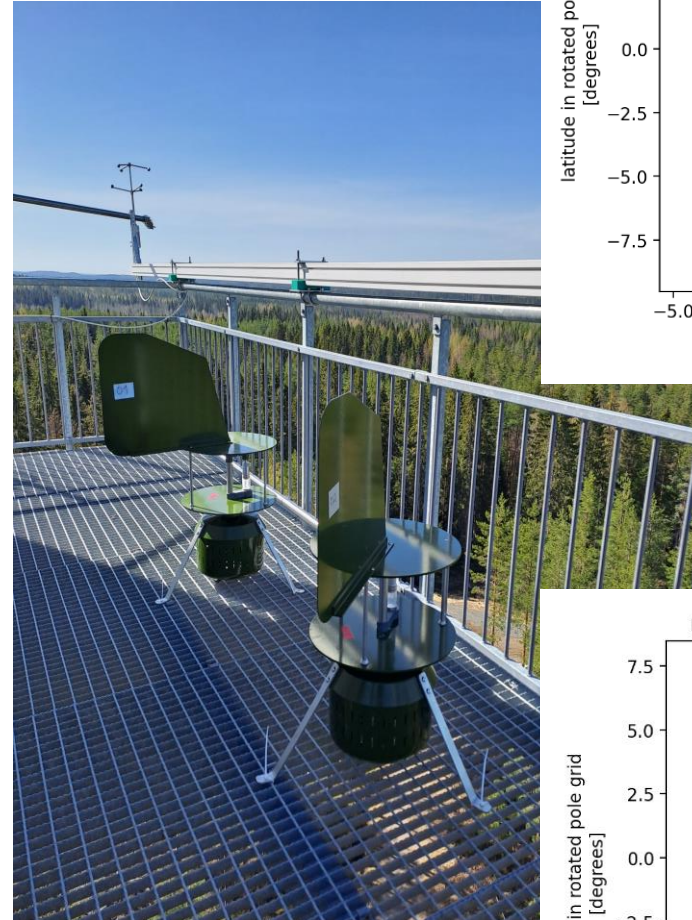




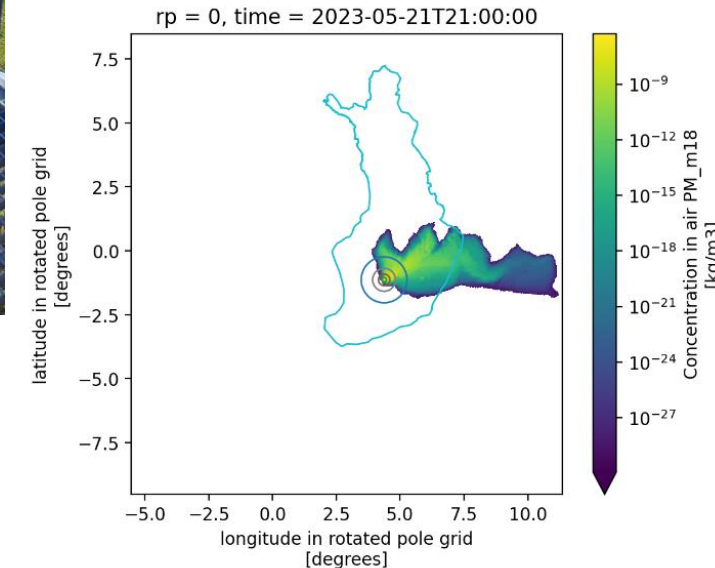
DNA-pohjaisen tiedon hallinta

Minkälaista DNA-pohjainen luontotieto on? (1/2)

- Tiedon ominaispiirteet ja luotettavuus riippuvat menetelmästä, joskus pienistäkin yksityiskohdista (esim. DNA-eristyksessä käytetyt kemikaalit, näytteiden säilöntä ym.)
- Keskeisimpiä tietoja ovat näytteen ja näytteenoton tiedot: minkälainen näyte, missä, milloin, minkälainen näytteenotin jne.
- Ympäristö-DNA on epäsuoraa tietoa itse eliöstä – DNA:n havaintoaika- ja -paikka tiedetään, mutta DNA on voinut kulkeutua monesta eri lähteestä
- Tiedonkeruulle ja tulkinalle on vielä vähän yhtenäisiä käytäntöjä tai standardeja → **metatiedot eli tiedot havaintopaikasta, ajasta ja menetelmästä ensiarvoisen tärkeitä!**



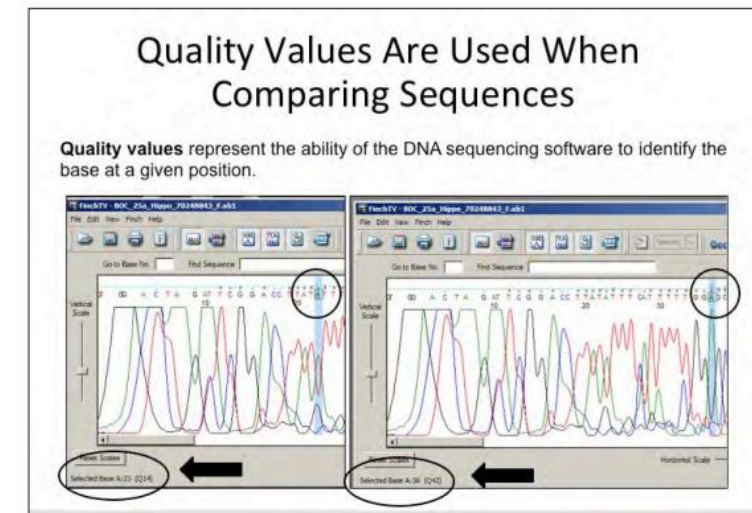
Kahden eri aikaan kerätyn ilma-eDNA-näytteen mahdolliset lähdealueet



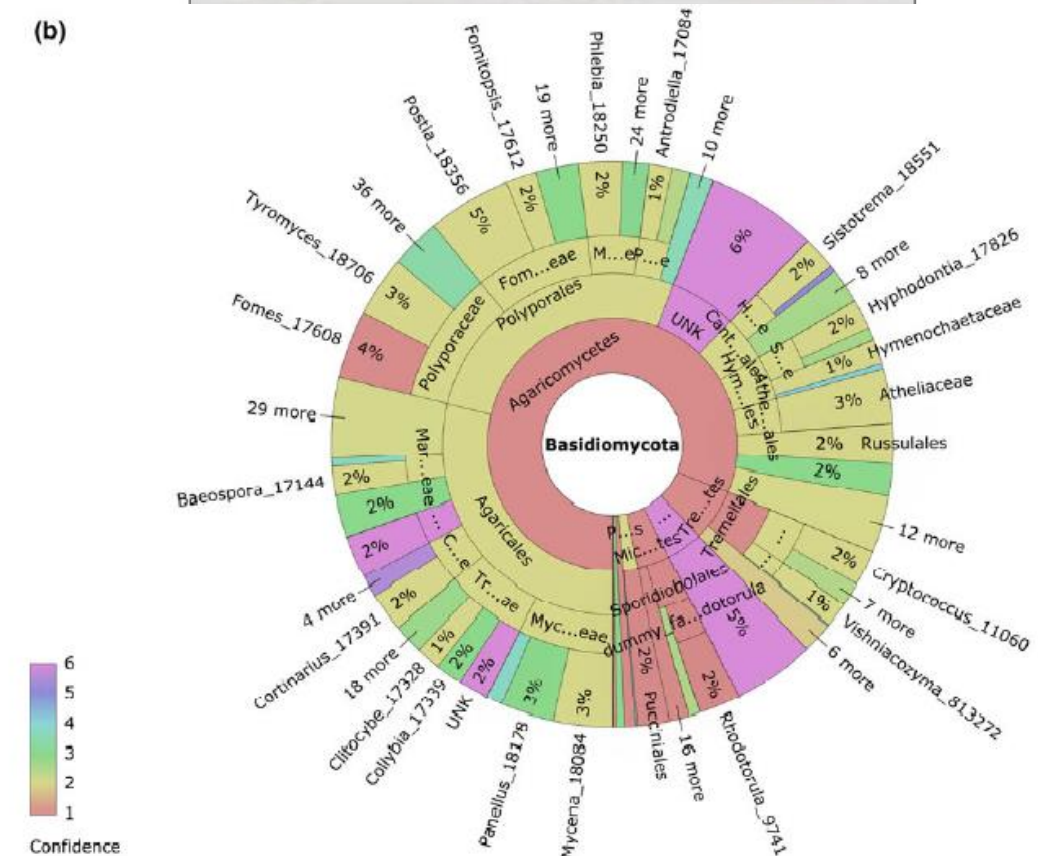
Minkälaista DNA-pohjainen luontotieto on? (2/2)

- Myös DNA-pohjaisen lajintunnistusmenetelmän (bioinformatiikan) yksityiskohdat vaikuttavat tulokseen
 - Miten sekvensointilaitteen tuottamaa raakasekvenssiä on siivottu?
 - Mitä referenssikirjastoa vastaan havaittua DNA-sekvenssiä on verrattu? Kuinka kattava kirjasto on?
 - Kuinka todennäköisesti samankaltaisissa sekvensseissä on kyse samasta lajista?
- Referenssikirjastot ja bioinformatiikan menetelmät kehittyvät jatkuvasti

→ Tärkeää säilyttää sekvenssitiedon käsittelyn koko polku ja tehdä lajintunnistuksen päivitys myöhemmin mahdollisimman helpoksi!



(b)



Miten DNA-pohjaista tietoa voi tällä hetkellä jakaa?

- Kuten kaiken muunkin luontotiedon, DNA-tiedon tulisi olla mahdollisimman **FAIR** (löydettävää, saavutettavaa, yhteiskäytettävää ja uudelleenkäytettävää)
- Valtaosa DNA-pohjaisesta tiedosta julkaistaan tällä hetkellä kansainvälisissä sekvenssitietokannoissa (esim. NCBI Genbank, European Nucleotide Archive, viivakoodisekvensseille BOLD, UNITE jne.)

- **F**indability / Löydettävyys?
- **A**ccessibility / Saavutettavuus?
- **I**nteroperability / Yhteiskäytettävyys?
- **R**eusability / Uudelleenkäytettävyys?

Tutkijoille hyvä,
muille ei

Usein puutteellinen
(virheet, puuttuvat
metatiedot, erillään
muusta luontotiedosta)



BARCODE OF LIFE DATA SYSTEM v4

Advancing biodiversity science through DNA-based species identification.

EXPLORE THE DATA

unite
community

a non-profit association



DNA-tiedonhallinnan edistäminen kansainvälisesti

- DNA-viivakoodit: edellytys DNA-pohjaisen datan hyödyntämiselle
 - Barcode of Life / iBOL Europe / FinBOL
- **DNA-pohjaiset lajihavainnot yleisiin biodiversiteettitietokantoihin** - GBIF ja OBIS kehittäneet yhteisen mallin
 - Erittäin kattavat ohjeet ja metatietosapluuna
 - Saatavilla ja kehitteillä käyttäjäystävällisiä työkaluja datan syöttämisen helpottamiseksi
 - Tiedon kulkua tietokantojen välillä edistetään (esim. OBIS → GBIF, BOLD → GBIF)
- DNA-pohjaisen datan hallinta ja hyödyntäminen perinteisen luontotiedon rinnalla mukana monissa kv-hankkeissa
 - Esim. Horizon Europe –hankkeet DNAqua-Plan, OBSGESSION



Publishing DNA-derived data through biodiversity data platforms

Kessy Abarenkov • Anders F. Andersson • Andrew Bissett • Anders G. Finstad • Frode Fossey
• Marie Grosjean • Michael Hope • Thomas S. Jeppesen • Urmas Kõljalg • Daniel Lundin •
R. Henrik Nilsson • Maria Prager • Pieter Provoost • Dmitry Schigel • Saara Suominen •
Cecilie Svenningsen • Tobias Guldberg Frøslev

Version 1.3.0, 7 June 2023



DNA-tiedonhallinnan edistäminen Suomessa

- Suomessa ei ole vielä kansallista, yhteisesti hyväksyttyä mallia DNA-pohjaisen tiedon hallintaan
- Tiedonhallinnan kehittäminen yksi eDNA-tiekartan toimenpidesuosituksista, jota Syke on pyrkinyt edistämään yhteistyössä mm. Luomuksen kanssa (Lajitietokeskus, Syken tietokannat)



Käytettävyys - osa luontotiedon kokonaisuutta

Metatiedot – miten tieto on kerätty ja miten sitä on käsitelty?

Mahdollisuus päivittää lajintunnistus

GBIF-OBIS –yhteensopivuus

Yksi luokku → kv-sekvenssietokanta, kansalliseen lajitietokantaan (Lajitietokeskus), kv-lajitietokanta (GBIF, OBIS)

Kiitos kaikille eDNA-tiekartan kirjoittajille:



eDNA-tiekartta

Kristian Meissner, Terhi Iso-Touru, Aapo Kahilainen, Sirpa Lehtinen, Katileena Lohtander-Buckbee, Henrik Nygård, Taina Pennanen, Marja Ruohonen-Lehto, Päivi Sirkiä, Sanna Suikkanen, Mikko Tolkkinen, Eeva Vainio, Sannakajsa Velmala, Kristiina Vuorio ja Petteri Vihervaara



FinBOL



FinBIF-FIRI-hanke



© Tiina Laamanen



[veera.norros\(at\)syke.fi](mailto:veera.norros@syke.fi), [tiina.laamanen \(at\)syke.fi](mailto:tiina.laamanen@syke.fi)