

## **Liite lausuntoon: ”Kannanhoidollisen sudenmetsästyksen aloittaminen geneettiseltä kannalta”**

Maa ja metsätalousvaliokunta halusi kuulemistilaisuudessa lausunnon liitteenä esitettävän susikantojen joidenkin geneettisten tunnuslukujen vuosittaisia arvoja Suomesta ja lähimaista. Susista vuosittain saatavat näytemäärät ovat kuitenkin olleet tyypillisesti (etenkin ennen kannanarviollisen ulostekeruun aloittamista) niin pieniä, ettei niiden perusteella näitä tunnuslukuja voida luotettavasti laskea. Yleisesti kirjallisuudessa näitä arvoja on esitetty kolmen vuoden näytteiden keskiarvoina, mikä ajanjakso vastaa n. yhtä suden sukupolvea (3,4 vuotta; Aspi ym., 2006). Siten myös tässä liitteessä arviot on esitetty lähinnä kolmivuotiskausille. Taulukoituja arvoja geneettisistä tunnusluvuista on kuitenkin kirjallisuudessa saatavilla valitettavan vähän, koska kuvat ovat niiden ajallisen muuntelun esittämisessä paljon havainnollisempia kuin taulukot.

### *Efektiiviset populaatiokoot ( $N_e$ ):*

Efektiivisistä populaatiokoista on liitteessä esitetty lähinnä yhteen näytteeseen perustuvat geneettiset efektiivisen populaatiokoon arviot, koska ne ovat olleet yleisimmin tutkimuksissa esitettyjä.

Suomi:

Kattavin sarja varhaisemmista efektiivisten populaationkoon ( $N_e$ ) arvioista eri kolmen vuoden ajanjaksona on esitetty Jansson ym. (2012) artikkelissa. Taulukossa 1 on esitetty artikkelin kuvan 4 kahdella eri menetelmällä (LdNE ja OneSamp) lasketut efektiivisen populaatiokoon arviot ja näiden kahden menetelmän keskiarvot taulukkomuodossa.

Taulukko 1. Efektiiviset populaatiokoot ( $N_e$ ) arvioituna kahdella eri menetelmällä (LdNE ja OneSamp) Suomen susikannalle viitenä kolmivuotiskautena vuosina 1995-2009.

| Ajanjakso | $N_e$ (LDNE) | $N_e$ (OS) | Keskiarvo |
|-----------|--------------|------------|-----------|
| 1995-1997 | 67,2         | 35,8       | 51,5      |
| 1998-2000 | 27,1         | 29,3       | 28,2      |
| 2001-2003 | 30,3         | 31,7       | 31,0      |
| 2004-2006 | 37,4         | 51,5       | 44,5      |
| 2007-2009 | 20,4         | 30,4       | 25,4      |

Valtonen ym. (2021) raportissa on esitetty LUKE:n kannanseuranta-aineistosta susikannan efektiivinen populaatiokoko jokaiselle kannanseuranta-aineiston näytekeräyskaudelle vuosina 2014–2020 (Taulukko 2).

Taulukko 2. Suomen susikannan efektiivinen populaatiokoko jokaiselle kannanseuranta-aineiston näytekeräyskaudelle 2014–2020. Efektiivinen populaatiokoko arvioitiin kolmella menetelmällä, joiden vaihteluväli ja keskiarvo esitetään taulukossa.  $N_c$  = kannankoko,  $N_e$  = efektiivinen populaatiokoko,  $N_e/N_c$  = efektiivisen populaatiokoon ja kannankoon suhdeluku laskettuna käyttäen  $N_e$  keskiarvoa. Lähde: Luonnonvarakeskus.

| Keräyskausi | $N_c$ edellinen kevät | $N_e$     | $N_e$ keskiarvo | $N_e/N_c$ keskiarvo |
|-------------|-----------------------|-----------|-----------------|---------------------|
| 2014–2015   | 147,5                 | 36,9–41,0 | 39              | 0,264               |
| 2015–2016   | 232,5                 | 46,2–52,2 | 48,63           | 0,209               |
| 2016–2017   | 292,5                 | 42,0–52,2 | 45,5            | 0,156               |
| 2017–2018   | 223                   | 34,9–45,4 | 39,77           | 0,178               |
| 2018–2019   | 202,5                 | 37,6–52   | 44,47           | 0,220               |
| 2019–2020   | 215                   | 41,7–60,5 | 50,93           | 0,237               |

#### Venäjän Karjala

Aspi ym. (2009) artikkelissa on esitetty vuosille 1995–2000 Venäjän Karjalan susikannan efektiivinen populaatiokoko kahdella eri menetelmällä laskettuna:  $N_e$  (OneSamp) = n. 40;  $N_e$  (LdNE) = 47. Arvioitu susikannan koko samaan aikaan on ollut n. 350-500 yksilöä.

#### Kuolan niemimaa

Laikren ym. (2016) artikkelissa Kuolan niemimaan efektiiviseksi populaatiokooksi demografisella menetelmällä on esitetty  $N_e$  = 25. Arvioitu populaatiokoko on (2010) ollut noin  $N_c$  = 100.

#### Venäjän Pohjois-Euroopan puoli (Northern European Russia)

Saestre ym. (2011) artikkelissa on esitetty kahdella eri menetelmällä vuosille 1995–2000 Venäjän Pohjois-Euroopan puolen efektiivinen populaatiokoko kahdella eri menetelmällä laskettuna:  $N_e$  (NeEstimator) = 314;  $N_e$  (LdNE) = 132.

#### Skandinavia

Laikren ym. (2016) artikkelissa Skandinavian efektiiviseksi populaatiokooksi demografiselle menetelmällä on esitetty  $N_e$  = 100. Arvioitu populaatiokoko on (2013-2014) on ollut noin  $N_c$  = 400.

### *Populaatiotason geneettinen monimuotoisuus ja sukusiitosaste*

#### Suomi

Kattavin sarja varhaisemmista geneettisen monimuotoisuuden tunnusluvuista kolmen vuoden ajanjaksoina on esitetty Jansson ym. (2012) artikkelissa (Taulukko 3).

Taulukko 3. Näytteiden lukumäärä (N), odotettu (He) ja havaittu (Ho) heterotsygotia, sisäsiitoskertoimet ( $F_{IS}$ ), alleelien määrä (A) ja alleelirikkaus (AR) viidessä ajallisessa näytteessä

| Ajanjakso | N  | He    | Ho    | FIS      | A    | AR   |
|-----------|----|-------|-------|----------|------|------|
| 1995-1997 | 43 | 0,709 | 0,749 | -0.044 * | 6,53 | 5,88 |
| 1998-2000 | 51 | 0,684 | 0,673 | 0,028    | 5,88 | 5,41 |
| 2001-2003 | 83 | 0,695 | 0,686 | 0,03     | 6,47 | 5,79 |
| 2004-2006 | 87 | 0,687 | 0,693 | -0,002   | 6,24 | 5,55 |
| 2007-2009 | 33 | 0,677 | 0,615 | 0.108 *  | 6,00 | 5,73 |

\*sukusiitoskerroin poikkeaa tilastollisesti merkitsevästi odotetusta ( $p < 0.05$ )

LUKE:n kannanseuranta-aineistosta on Valtosen ym. (2021) raportissa esitetty vastaavat tunnusluvut vuosille 2014-2020 (Taulukko 4).

Taulukko 4. Suomen susikannan geneettisen monimuotoisuuden ja sukusiittoisuuden tunnusluvut uudelleenotanta-aineiston (N = 840) perusteella laskettuna. Lähde: Luonnonvarakeskus.

| Keräyskausi | Yksilömäärä (N) | Heterotsygotia ( $H_s$ ) | Alleelien määrä (A) | Alleelirikkaus ( $A_R$ ) | Sukusiitoskerroin ( $F_{IS}$ ) |
|-------------|-----------------|--------------------------|---------------------|--------------------------|--------------------------------|
| 2014–2015   | 65              | 0,699                    | 6,353               | 6,208                    | 0,048                          |
| 2015–2016   | 109             | 0,679                    | 6,824               | 6,280                    | 0,003                          |
| 2016–2017   | 124             | 0,681                    | 6,588               | 6,130                    | -0,026                         |
| 2017–2018   | 119             | 0,674                    | 6,412               | 6,014                    | -0,012                         |
| 2018–2019   | 214             | 0,682                    | 6,706               | 6,083                    | -0,004                         |
| 2019–2020   | 209             | 0,676                    | 6,706               | 6,041                    | 0,020                          |

## Venäjän Karjala ja Arkangeli

Aspi ym. (2009) artikkelissa on arvioitu vuosille 1995–2000 Venäjän Karjalan ja Arkangelin susikantojen geneettisen monimuotoisuuden tunnuslukuja sekä sukusiitoskerroimet (Taulukko 5).

Taulukko 5. Odotettu ( $H_E$ ) ja havaittu ( $H_O$ ) heterotsygotia, alleelien lukumäärä ( $A$ ) ja sukusiitoskerroin ( $F$ ) venäjän Karjalan ja Arkangelin populaatioissa.

|       | Karjala ( $N = 29$ ) |       |     |        | Arkangeli ( $N = 14$ ) |       |     |       |
|-------|----------------------|-------|-----|--------|------------------------|-------|-----|-------|
| Locus | $H_E$                | $H_O$ | $A$ | $F$    | $H_E$                  | $H_O$ | $A$ | $F$   |
| Mean  | 0.709                | 0.656 | 5.7 | 0.094* | 0.636                  | 0.634 | 4.7 | 0.051 |

\*sukusiitoskerroin poikkeaa tilastollisesti merkitsevästi odotetusta ( $p < 0.05$ )

## Venäjän Pohjois-Euroopan puoli (Northern European Russia)

Saestre ym. (2011) artikkelissa on esitetty vuosille 1995–2000 Venäjän Pohjois-Euroopan susikannalle laskettu alleelien keskimääräinen lukumäärä ( $A = 8,9$ ), alleelirikkaus ( $AR = 8,82$ ), odotettu heterotsygotia ( $H_O = 0,663$ ) ja havaittu heterotsygotia ( $H_E = 0,782$ ) sekä sukusiitoskerroin ( $F_{IS} = 0.14$ ; 95% CI 0.07–0.20), joka poikkeaa tilastollisesti merkitsevästi odotetusta.

## Skandinavia:

Skandinavian susikannalle taulukkomuodossa olevia geneettisen monimuotoisuuden tunnuslukujen arvoja on hyvin vähän löydettävissä. Åkesson ym. (2016) artikkelin liitteen taulukosta S1 on laskettavissa vuosina 1983-2012 tutkittujen yksilöiden keskimääräiset alleelien lukumäärät ( $A = 4,5$ ), odotettu heterotsygotia ( $H_E = 0,614$ ) ja havaittu heterotsygotia ( $H_O = 0,573$ ).

## Yksilötason heterotsygotia-aste

### Suomi

Yksilötason havaittu heterotsygotia-aste syntymävuosittain on arvioitu vuosina 1995-2009 Jansson ym. (2012) artikkelissa. Taulukossa 6 on esitetty nämä arvot ( $H_O$ ) ja niiden keskihajonta viidelle kolmivuotiskaudelle (vrt. artikkelin kuva 4).

Taulukko 6. Suomen susikannan yksilöiden heterotsygotia-aste kolmivuotiskausittain 1995-2009.

| Ajanjakso | $H_O$ | Keskihajonta |
|-----------|-------|--------------|
| 1995-1997 | 0,699 | 0,151        |
| 1998-2000 | 0,702 | 0,122        |
| 2001-2003 | 0,693 | 0,135        |
| 2004-2006 | 0,663 | 0,181        |
| 2007-2009 | 0,656 | 0,124        |

Valtonen ym. (2021) raportissa on esitetty myös standardoitu yksilökohtainen heterotsygotia-aste kahdeksalle kolmivuotiskaudelle vuosille 1995–2018 (Kuva 11) ja vuosittain vuosille 2014-2020 (Kuva 13). Näitä arvoja ei ole kuitenkaan esitetty taulukkomuodossa. Standardoidut arvot eivät ole samoja kuin Jansson ym. (2012) havaitut arvot, eivätkä siis niihin verrattavissa. Muista susien lähikannoista en ole löytänyt yksilökohtaisia heterotsygotia-asteita taulukkomuodossa.

## Käytetty kirjallisuus

- Aspi, J., Roininen, E., Ruokonen, M., Kojola, I. & Vilà, C. 2006. Genetic diversity, population structure, effective population size and demographic history of the Finnish wolf population. *Molecular Ecology* 15: 1561–1576.
- Aspi, J., Roininen, E., Kiiskilä J., Ruokonen, M., Kojola, I., Bljudnik, L., Danilov, P., Heikkinen, S., Pulliainen, E. 2009. Genetic structure of the northwestern Russian wolf populations and gene flow between Russia and Finland. *Conservation Genetics* 10: 815–26.
- Jansson, E., Ruokonen, M., Kojola, I. & Aspi, J. 2012. Rise and fall of a wolf population: Genetic diversity and structure during recovery, rapid expansion, and drastic decline. *Molecular Ecology* 21: 5178–5193.
- Laikre, L., Olsson, F., Jansson, E. et al. 2016. Metapopulation effective size and conservation genetic goals for the Fennoscandian wolf (*Canis lupus*) population. *Heredity* 117: 279–289. <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.44>
- Sastre N, Vilà C, Salinas M, Bologov VV, Urios V, Sánchez A et al. 2011. Signatures of demographic bottlenecks in European wolf populations. *Conservation Genetics* 12: 701–712.
- Åkesson, M., Liberg, O., Sand, H., Wabakken, P., Bensch, S. & Flagstad, Ø. 2016. Genetic rescue in a severely inbred wolf population. *Molecular Ecology* 25: 4745–4756.
- Valtonen, M., Helle, I., Harmoinen, J., Nivala, V., Kojola i., Mäntyniemi S., Johansson H, Ponnikas, S., Herrero, A., Heikkinen S., Kvist, I., Aspi, J. ja Holmala, K. 2021. Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittäminen. Väliraportti. 2021. Luonnonvara- ja biotalouden tutkimus 66/2021. 97 s.
- Åkesson, M., Liberg, O., Sand, H., Wabakken, P., Bensch, S. & Flagstad, Ø. 2016. Genetic rescue in a severely inbred wolf population. *Molecular Ecology* 25: 4745–4756.