

Arvio kansalaisaloitteessa (KAA 4/2020 vp) esitetystä kannanhoidollisen metsästyksen aloittamisesta

Esipuhe

Susi (*Canis lupus*) on maailman suurin luonnossa elävä koiraeläin ja luokiteltu Suomessa erittäin uhanalaiseksi. Susi oli alunperin yleisempi kuin yksikään toinen maanisäkäs maapallon pohjoisosissa mutta sutta on vihattu ja vainottu jo vuosisatoja minkä seurauksena susikannat eri puolilla Eurooppaa ovat vähentyneet lähes sukupuuton partaalle. Koska susi on ekosysteemin yläosassa, monet lajit ovat riippuvaisia susipopulaatioista. Esim. naali on Suomen uhanalaisin nisäkä joka asustaa Tunturi-Lapin alueella. Suden puuttumisen alueelta on arvioitu olevan todennäköisimmän syyn naalin uhanalaisuuteen. Vainojen jälkeen suden kanta on elpynyt Euroopassa ja susi on palannut takaisin esimerkiksi Saksaan. Euroopan maista juuri Saksassa sekä Latviassa, Liettuaassa, Virossa ja Puolassa on susia arvioiden mukaan enemmän kuin Suomessa. Siten kansalaisaloitteessa mainitulle ”susikannan säätely yhteiskunnallisesti siedettävälle tasolle” ei ole lukumäärien pohjalta mitään perusteita. Kannanhoidollisen metsästyksen perusedellytys on elinvoimainen eläinpopulaatio, sekä kokonsa että geneettisen vaihtelunsa perusteella.

Ruotsissa suden metsästys on aiheuttanut ongelmia nimenomaan EU:n ja luonnonsuojelujärjestöjen kanssa. EU:n alueella vain Eestillä on lupa kannanhoidolliseen metsästyksen ehdolla että susikanta pysyy elinvoimaisena, Eestissä on EU-alueen suurin susitiheys per neliökilometri. Euroopan yhteisöjen tuomioistuimien (ECJ) on tehnyt vuonna 2016 ennakkopäätöksen ihmisen asutusalueille Romaniassa tunkeutuneesta sudesta jolloin susi pyydystettiin ja vapautettiin luonnonsuojelualueelle. Suden suojelustatus pysyy vaikka eläin tulisi lähelle tai jopa asutusten sisälle. Tällä perusteella metsästyksen sijaan tulisi käyttää ensisijaisesti kiinniotto ja uudelleenvapautus taktiikkaa joihin oman haasteensa tuo kustannukset sekä suden tunnetusti laaja reviiri joka voi olla jopa 900 neliökilometriä.

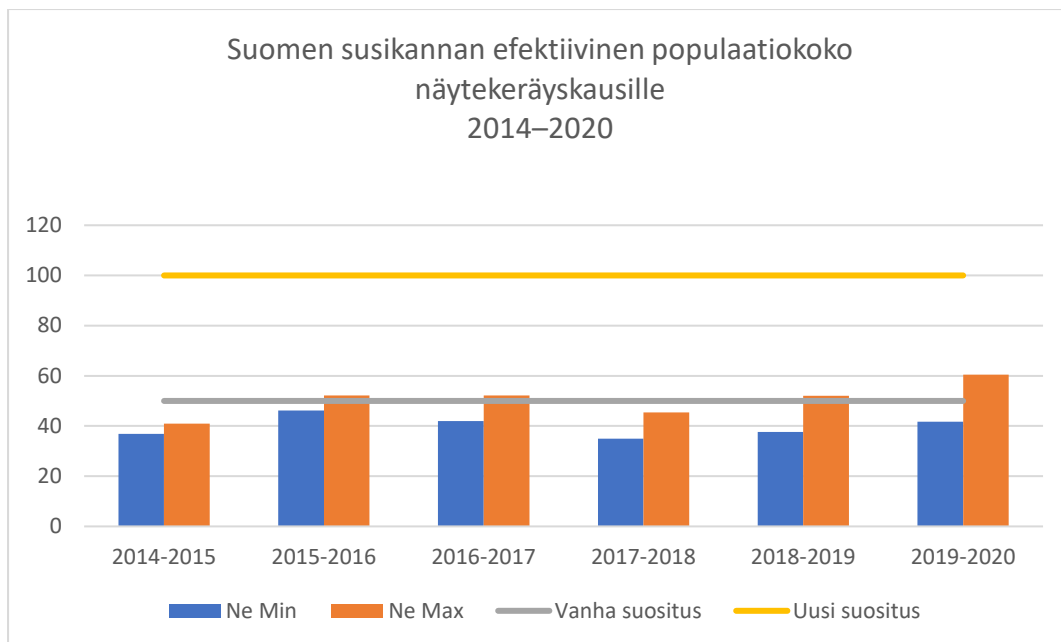
Susien kannanhoidollista metsästystä ei voida pitää oikeutettuna suden ihmiselle aiheuttaman uhkan vuoksi koska suden aiheuttamia ihmisvahinkoja i.e kuolemantapauksia ei tiettävästi ole lainkaan. Vertailun vuoksi ampiaisen ja mehiläisenpistoihin kuolee joka vuosi Suomessa ihmisiä, samoin hirvikolareissa on kuollut viimeisen 10 vuoden aikana jo 20 ihmistä. Tuotantoeläimille aiheutuvat vahingot sen sijaan voivat olla tuntevia mutta tässäkin on hyvä olla vertailukohtia. Esimerkiksi Hollannissa vaeltavien susien aiheuttamien korvausten suuruus oli 2017 vain 10 247 euroa. Samana vuonna pelkästään talitiaisten aiheuttamat vahingonkorvaukset nousivat yli 1.5 miljoonaan euroon ja villihanhiin yli 26 miljoonaan euroon (European Wilderness Society, 2018). 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).

Arvio efektiivisen susikannan laskentamenetelmästä

Eduskunnan toimittamassa materiaalissa (liitteet KAA 4 2020 Aspi_1 ja KAA 4 2020 Aspi_2) oli Professori Jouni Aspin laskelma niinsanotuista N_e arvoista joista viimeisimmät (2019-2020). Lausunnossa KAA 4 2020 Aspi_1 oli käytetty termejä ”siirtämään geenejään populaatioon” ja ”merkkigeeneissä havaittujen geenimuotojen”. Siteerattu tutkimus kuitenkin käytti ainoastaan ns. mikrosatelliitti-DNA:ta, joka ei itse asiassa sisällä geenejä lainkaan, ainoastaa geenialueiden ulkopuolella olevia alueita. Oikeampi ilmaisu olisi siten esimerkiksi ”geneettistä materiaaliaan” ja ”merkkialueissa havaittuja DNA-vaihteluita”.

Efektiivinen populaatiokokoo arvioi eläinkannan elinvoimaisuutta ja on yleisesti hyväksytty laskentamenetelmä. Alkuperäistä, yli 30 vuotta vanhaa, ”50/500” sääntöä on kuitenkin kritisoitu, lähinnä siten että se on liian rajoitettu (Franklin 1980). Sen sijaan tulisi käyttää esimerkiksi ”100-1000” sääntöä (Frankham, Bradshaw, & Brook 2014). Odottamattomia poikkeuksia 50/500 säännöstä on kyllä havaittu, esimerkiksi erään Uusi-Seelantilaisen lintulajin (eng. South Island Saddleback, *Philestrunus c. Carunculatus*) kohdalla populaatio oli vahvempi kuin tunnusluvut olisivat antaneet odottaa (Jamieson & Lacy 2012). Mutta yleisesti populaation elinvoimaisuuden tarkkailuun 50/500 on edelleen käyttökelpoinen, tietyin rajoituksin mutta monet tutkijat ovat tiukempien kriteerien kannalla. Menetelmä on riippuvainen kenttähavainnoista ja ei siten ilman täydentäviä analyysejä sovellu hyvin lajeille jotka vaeltavat tai ovat vaikeasti havaittavissa. Liitteen KAA 4 2020 Aspi_1 loppuosassa (sivu 6, ”Suomen susikannan efektiivinen populaatiokokoo ja suden kannanhoidollinen metsästys”) taulukossa 2 on esitetty efektiiviset populaatiokoot vuosilta 2014-2020. Taulukon dataa ei ole ilmeisesti julkaistu vertaisvertailtuna koska lähteeksi annetaan pelkkä ”Luonnonvarakeskus”, ilman viitettä. Muutin kyseessä olevan taulukon kuvaajaksi joka mielestäni selventää aineistoa paremmin (Kuva 1, alla).



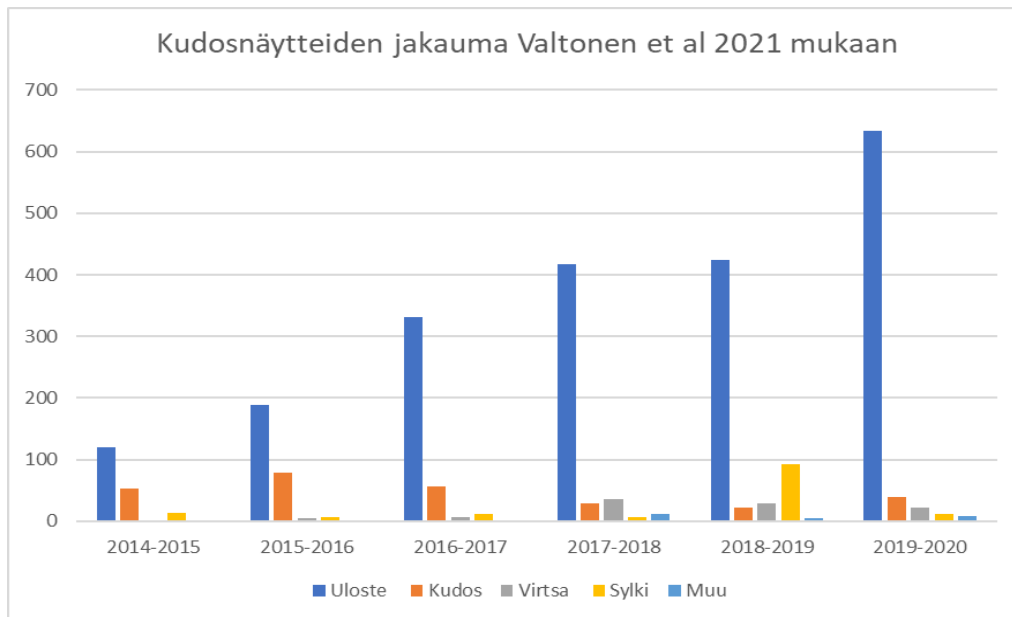
Kuva 1.

Kuvassa näkyy ”Ne Min”, joka on efektiivisen populaatiokoon minimiarvio ja vastaavasti ”Ne Max” joka on efektiivisen populaation maksimiarvo. Kuvaajassa on vaakaviivat sekä $Ne=50$ (”Vanha suositus”) sekä $Ne=100$ (”Uusi suositus”) kohdalla. Alkuperäinen aineisto ei ole tosin saatavilla mutta esitetyn tieteellisen datan perusteella suden kannanhoidollinen metsästys ei ole mahdollista ja siten yhdyin Professori Jouni Aspin loppupäätelmään liitteessä KAA 4 2020 Aspi_1.

Liite KAA 4 2020 Aspi_2 sisältää osittain samaa materiaalia mutta lisätynä mm. efektiivisiä populaatiokokoja ja DNA-vaihteluarvoja (alleelien heterotsygotia arvoja) vuosilta 1995-2009 ilman selkeää loppupäätelmää, ja siten nämä tiedot eivät muuta arviota.

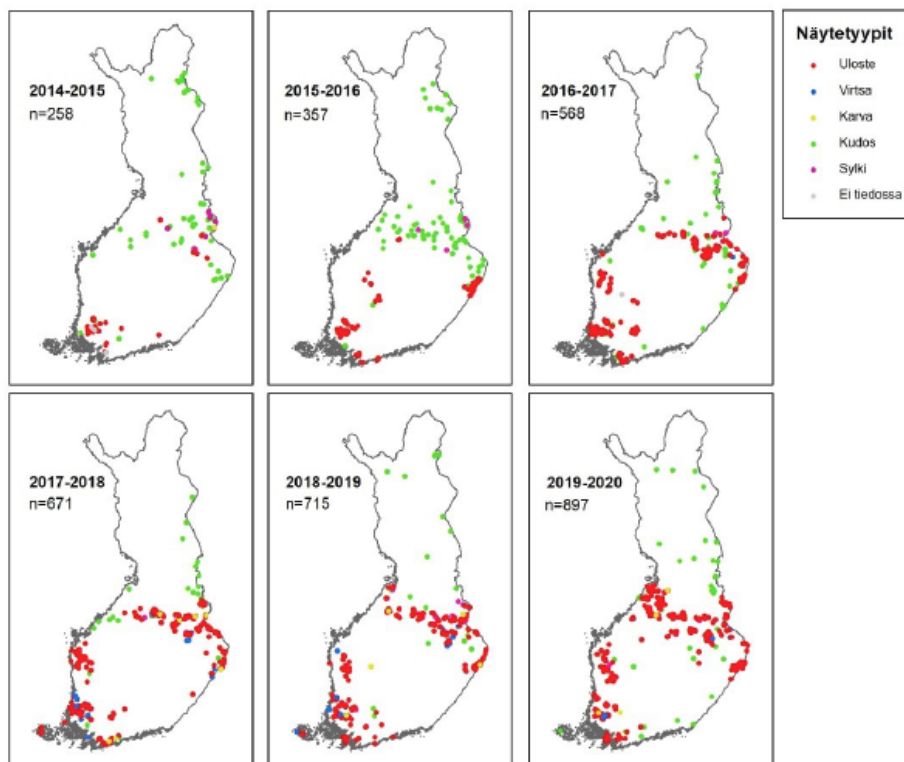
Arvio DNA-tutkimuksessa käytetystä otantamenetelmästä

Liitteenä toimitetuissa näytteissä ei ollut nimeksikään tietoa otantamenetelmästä mutta ne löytyivät viitteenä annetusta LUKEn väliraportista (Valtonen et al, 2021). Selkeästi aineiston runsain näytetyyppi ovat ulostenäytteet, joita Luken työntekijät ja vapaaehtoiset työntekijät ovat keränneet. Ulostenäytteet ovat täysin hyväksyttävä näytteenottotapa mikäli ollaan varmoja seurannan tai muun arvioinnin vuoksi että kyseessä on luonnonvarainen susi. Koska näyte on non-invasiivinen, se ei myöskään aiheuta häiriöitä eläinten hyvinvointiin. Myös muita näytteitä on kerätty ja näistä kaikkein luotettavimmat ovat kudoksenäytteet jolloin voidaan myös morfologisesti varmistaa lajinmääritys. Ulostenäytteiden kasvava määrä on parhaiten nähtävissä graafisesti joka perustuu LUKEn 2021 raporttiin (Kuva 2, alla)



Kuva 2.

DNA-näytteiden määrä sekä näytteiden-keräysalueiden laajuus ovat kasvaneet vuosien aikana mutta eivät kata tasaisesti koko maata mikä viittaa susien paikallisesti runsaanpaan esiintymiseen (Kuva 3 alla, LUKE raportin kuva 39).

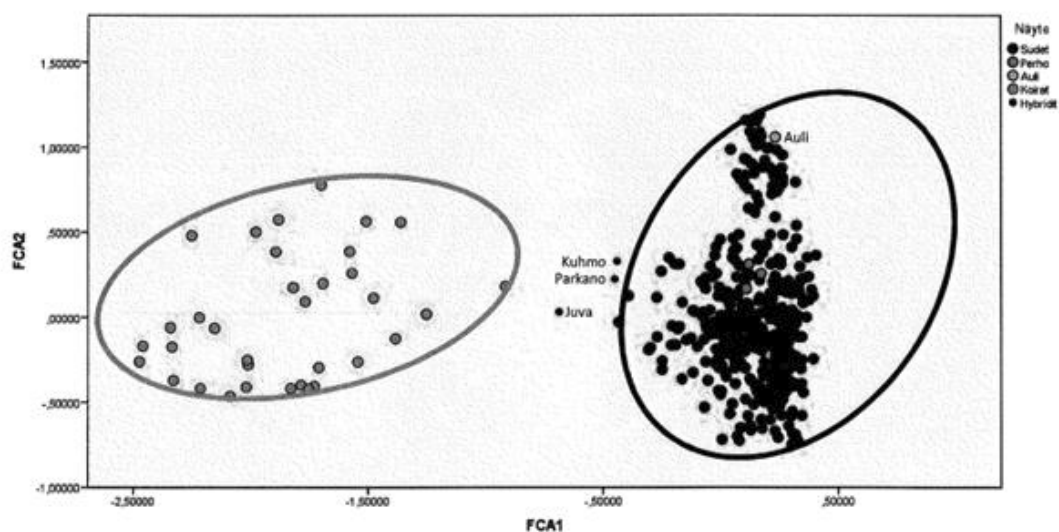


Kuva 3.

Esitetyt DNA-otantamenetelmät ovat yleisessä käytössä ja oikeaoppisesti myös kudoksenäytteitä käytetään verrokkeina, tätä ei tosin mainittu LUKEn raportissa mutta olettaisin näin olevan koska se on yleinen käytäntö. Mikäli tehdään perinteisiä mikrosatelliitti-DNA määrityksiä, vähän DNA:ta tai ympäristössä hajonnutta DNA:ta sisältävissä ulostenäytteissä on vaara vääriin tulkintaan (eng. allelic dropout). Pelkkien ulostenäytteiden käyttöä ei siten suositella tähän tarkoitukseen, tai ainakin analyysi pitää toistaa tarpeeksi usein ja mielellään satunnaisten referenssinäytteiden kanssa. Yhteenvetona voisi todeta että otantamenetelmä on täysin hyväksyttävä mikäli näytteiden alkuperä ja laatu on varmistettu.

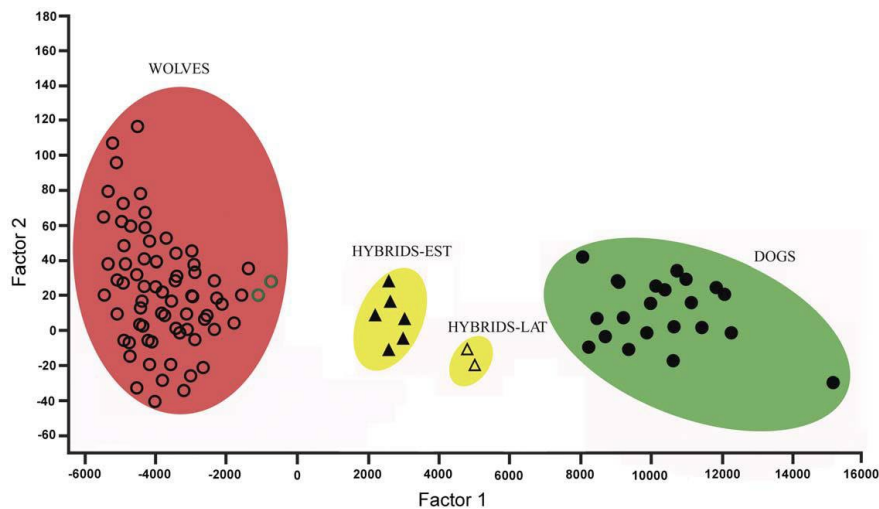
Arvio onko Suomen susikannassa koirasutta mukana

DNA-näytteet ovat tähän mennessä analysoitu vanhentuneella mikrosatelliittimenetelmällä Turun yliopistossa. Koirasusi-hybridien olemassaoloa on tästä datasta analysoitu ns. PCA-analyysimenetelmällä (eng. Principal Component Analysis) jonka tuloksia esitettiin esm. Perhon susioikeudenkäynnissä. Kuva 4 (alla esittää Turun yliopiston analysoimaa ja oikeudessa esittämää PCA-susidataa, ympyröitynä Suomen suden ja koirien verrokkiaineisto.



Kuva 4.

Seuraavassa kuvassa (kuva 5) on Hindriksonin maineikkaasta PlosOne-julkaisusta lainattu kuvaaja jossa samalla menetelmällä on analysoitu vastaavasti puhtaita susia ja koiria mutta myös hybridejä. Samassa oikeudenkäynnissä osoitin käyttäen syyttäjän esittelemää tieteellistä aineistoa että on osa täysin 100% puhtaista susista voi itseasiassa olla vain 87.5% genomiltaan susia. Syyttäjän asiantuntija Turun yliopistosta lopulta tunnusti myös asian oikeudenkäynnin aikana.



Kuva 5.

Suden ja koiran genomi sisältää noin 2.4 biljoonaa emäsparia kumpikin. Suomen susitutkimuksissa tähän asti 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.

Muutos on ilmeisesti tulossa sillä Luke kertoo tuoreessa 2021 raportissaan tarkistavansa varmuuden vuoksi koirasusien mahdollisen esiintymisen analysoimalla kaikki näytteet uudella, entistä tarkemmalla SNP-analyysimenetelmällä mahdollisimman pian, mutta viimeistään ensi vuonna (2022). Sama asia mainitaan Professori Aspin lausunnossa: ”Tarkemmat arviot vaatisivat suurempia näytemääriä susista Venäjän Karjalasta sekä suurempaa määrää geneettisiä markkereita hyödyntäviä uusia DNA-pohjaisia menetelmiä kannanseurannassa. Tällaista SNPmarkkereita hyödyntävää menetelmää ollaan juuri kehittämässä Oulun yliopiston ja Luonnonvarakeskuksen yhteistyönä. Uusi menetelmä perustuu samanlaiselle tekniikalle kuin vasta julkaistu susien ja koirien hybridien tunnistamiseen yhteiseurooppalaisena yhteistyönä kehitetty menetelmä (Harmoinen et al 2021).” Tämä on erinomaista kehitystä koska itse asiassa suosittelin tämän nimenomaisen menetelmän käyttöönottoa jo vuonna 2019 (13.02.2019) asiantuntijalausunnossani Eduskunnalle. Tällä hetkellä täyttää varmuutta susihybridien esiintymisestä Suomen luonnossa ei ole mutta uusi menetelmä toivottavasti tuo tähän lisävaloa. Susihybrideitä on löydetty useista Euroopan maista, mm. Eestistä ja Latviasta (Hindrikson et al 2014). Jo vuonna 2016 suuri kansainvälinen tutkimusryhmä arvioi että jopa 25% Euraasian susien alkuperäisestä genomista osoittaa merkkejä koiran DNA:sta (Fan et al 2016). Gopalakrishnan et al 2017 suositteli suden koko genomin käyttöä mikäli pyritään tarkkaan suden ja koiran lajinmäärittämiseen, eräiden asiantuntijoiden mukaan edes SNP-analyysi ei poista täysin epäilyksiä. Mitään näistä menetelmistä ei kuitenkaan parhaan tietoni mukaan ole vielä

rutiinikäytössä Suomessa. He suosittelivat myös kolmannen lajin, kuten sakaalin, vertailunäytteen mukaanottamista. Tämä saattaisi olla myös paikallaan koska kultasakaali on jo ilmeisesti levinnyt Suomeen. Koko genomin analyysi on vielä tarkempi kuin LUKEn suunnitteilla oleva SNP-analyysi. Suden koko genomin analyysin hinta-arvioiksi olen saanut noin 500 euroa per eläin kysyessäni asiaa eri alan kaupallisilta toimijoilta vuonna 2020. Yhteenvedona voi todeta että koirasusien arviointia Suomen susikannasta ei voida varmuudella tehdä ennen uusien menetelmien käyttöönottoa vuonna 2022 ja siten tätä(kään) seikkaa ei voida käyttää perusteena suden kannanhoidolliselle metsästykselle Suomessa.

Yhteenveto

Aloite vaikuttaa tehdyn pääosin metsästysharrastajien toiveita palvelemaan. Aloitteessa on kuitenkin monia hyviä aspektoja kuten uuden DNA-tunnistetekniikan käyttö, joka kuitenkin LUKEn ja Professori Aspin lausuntojen mukaan on jo kehitteillä ensi vuodeksi. Tällä hetkellä tieteellinen aineisto ei tue suden kannanhoidollisen metsästyksen aloittamista.

Viiteluettelo

European Wilderness Society, 2018. <https://wilderness-society.org/comparing-wildlife-damages-in-the-netherlands/>

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

Frankham, R., Bradshaw, C. J. A. & Brook, B. W. 2014. Genetics in conservation management: Revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation* 170: 56–63.

Franklin, I.R. (1980) Evolutionary change in small populations. In *Conservation Biology: an Evolutionary–Ecological Perspective* (Soule´ , M.E. and Wilcox, B.A., eds), pp. 135–150, Sinauer Associates

Godinho, R. et al. Genetic evidence for multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in the Iberian Peninsula. *Mol. Ecol.* 20, 5154–5166 (2011).

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

Harmoinen, J., von Thaden, A., Aspi, J. et al. 2021. Reliable wolf-dog hybrid detection in Europe using a reduced SNP panel developed for non-invasively collected samples. BMC Genomics 22, 473 (2021).

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.

Jamieson, I.G. and Lacy, R.C. (2012) Managing genetic issues in reintroduction biology. In Reintroduction Biology: Integrating Science and Management (Ewen, J.G. et al., eds), pp. 441–475, Blackwell Publishing

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