



SAITTAJOEN TAIMENTEN JA HARJUSTEN GENEETTINEN KARTOITUS

Tuomas Leinonen 7.11.2024

Johdanto

Tämän tutkimuksen tavoitteena oli selvittää Saittajoen taimenkannan geneettinen rakenne ja mahdolliset geneettiset erot muihin lähivesien taimenkantoihin sekä yleisesti alueella käytettyihin istutuskantoihin. Selvitettiin myös muualta Sodankylän ja Lokka-Porttipahdan kalatalousalueiden alueelta saatujen taimennäytteiden mahdollinen alkuperä. Selvitettiin myös Saittajoen harjusten genetiikkaa.

Sodankylän kalatalousalue toimitti Jokiosiin Luken DNA-laboratorion analysoitavaksi yhteensä 33 taimennäytettä, jotka oli kerätty Saittajoelta, Pahtakoskelta, Korvasojan latvoilta ja Ahkiohaarasta. Vertailunäytteiksi valittiin Luken DNA-aineistosta Lokka-Porttipahdassa käytettyjä istutuskantoja sekä Luiro-Kitisen vesistöalueen taimenkantoja ja Kemijoen pääuoman taimenkantoja. Kemijoen ja Luiro-Kitisen vesistöjen vertailunäytteet ovat peräisin EMRA-hankkeesta.

Saittajoelta kerättyjä harjusnäytteitä toimitettiin Lukelle 20 kpl. Vertailunäytteitä harjukselle on selvästi taimenta vähemmän, joten mukaan otettiin käytännössä kaikki Luken DNA-aineistossa olevat suomalaiset harjusnäytteet.

Aineisto ja menetelmät

Laboratoriomenetelmät

Taimenen kudoksenäytteistä (rasvaevä, muu evä) analysoitiin 16 DNA-mikrosatelliittilokusta Luken ja HY:n yhteisesti kehittämällä menetelmällä. Taimenten kudoksenäytteiden DNA eristettiin Qiagen DNEasy Blood & Tissue-eristyskitillä. Näytteistä analysoitiin 16 DNA-mikrosatelliittigeenipaikan muuntelu. Käytetyt laboratoriomenetelmät olivat samat, joita on aiemminkin käytetty Luke:n (RKTL:n) taimenen geneettisessä tutkimuksessa (Koskiniemi ym. 2020). Määritetyt DNA-mikrosatelliittilokukset olivat BS131, SSos1311, SSos1417, SSos1438, Str15INRA, Str60INRA, Strutta58, OneU9, SSa197, SSa407, SSa85, Str73INRA, Str85INRA, SSa289, SSsp1605 ja SSsp2201. PCR-reaktiot analysoitiin Abi-kapillaarielektroforeesilaitteella ja laitteistoon kuuluvalla GeneMapper-ohjelmistolla. Laboratoriotyöt tehtiin Luken Jokioisten laboratoriossa.

Harjusten kudoksenäytteet analysoitiin kuten taimentenkin kudoksenäytteet, mutta 22 harjukselle kehitetyllä DNA-mikrosatelliittilokuksella: BFRO004, BFRO005, BFRO007,

BFRO009, BFRO010, BFRO012, BFRO015, BFRO016, BFRO017, BFRO018, Ogo2, One2, Tth207, Tth211, Tth214, Tth302, Tth305, Tth313, Tth403, Tth433, Tth446 ja Tth447.

Tilastolliset menetelmät - taimen

Yksittäisistä paikoista oli näytteitä niin vähän, Saittajoesta 22 kpl ja Lokka-Porttipahdan kalatalousalueelta 11 kpl, että taimenkantojen sisäistä perinnöllistä monimuotoisuutta kuvaavia määreitä, esim. tehollista populaatiokokoa (N_e), ei voitu luotettavasti arvioida. Samasta syystä myös taimenkantojen välisiä perinnöllisiä eroja kuvaaviin määreisiin tulee suhtautua varauksella. Vertailunäytteinä tässä tarkastelussa käytettiin yleisimpiä istutuskantoja, Luiro-Kitisen vesialueelta aiemmin analysoituja taimennäytteitä sekä Kemijoen päähaarassa esiintyviä taimenkantoja (Taulukko 1).

Taulukko 1. Analyyseissä käytetyt taimennäytteet ja niiden alkuperä.

Näyte	Määrä	Alkuperä
Saittajoki	22	Luonto
Korvasoja	5	Luonto
Ahkiوهاara	5	Luonto
Tuntematon (ARS)	1	Luonto
Vertailunäytteet		
Angeljoki	51	Luonto
Haapanaoja	14	Luonto
Hietajoki	53	Luonto
Kuisjoki	37	Luonto
Kuorajoki	14	Luonto
Lipatinaja	37	Luonto
Paino_oja	37	Luonto
Siikahaara	35	Luonto
Tossarinhaara	34	Luonto
JT-RAU	50	Laitos
JT-TSI	50	Laitos
JT-JUU	50	Laitos
JT-IVA	50	Laitos
PT-KEM	50	Laitos
MT-IJO	50	Laitos
Kemijoki Isohaara	66	Luonto

Saittajoen ja Korvasoja-Ahkiوهاaran taimenkantojen perinnöllistä rakennetta sekä suhdetta muihin lähivesistöjen taimenkantoihin ja istutuskantoihin arvioitiin pääkomponenttianalyysillä (PCA) ja pääkomponenttien erotteluanalyysillä (DAPC). Yksinkertaistettuna PCA pelkistää koko genotyyppiaineiston kahdelle ulottuvuudelle (akselille) ilman ennakkokäsityksiä näytteiden alkuperästä, kun taas DAPC pyrkii löytämään aineistosta muuntelun, joka erottelee ennalta määritellyt ryhmät (tässä näytteenottoaikat) toisistaan. DAPC-analyysissä erot ovat siten korostetumpia kuin PCA-analyysissä. DAPC-analyysillä voidaan myös tarkastella aineiston geneettistä rakennetta arvioimalla, kuinka

monta geneettisesti erilaista ryhmää voidaan aineistosta muodostaa (*k-means* algoritmi) (Jombart ym. 2008). Taimenkantojen perinnöllisiä eroja mitattiin F_{ST} – indeksillä.

Tilastolliset analyysit tehtiin R-ohjelmiston (R Core Team, 2019) *adegenet* (Jombart ym. 2008) ja *hierfstat* paketeilla. Ennen geneettisiä analyysejä tarkastettiin taimennäytteiden sukulaisuudet. Jos näytteissä on lähisukulaisia, saattaa se vääristää tuloksia.

Sukulaisuusanalyysit tehtiin Colony2-ohjelmalla (Jones & Wang 2010). Saittajoen taimennäytteistä neljä oli täyssisaruksia (todennäköisyydellä > 95 %). Analyysit tehtiin sekä ottamalla mukaan kaikki lähisukulaiset että ilman lähisukulaisia. Koska tulokset olivat käytännössä samat kummallakin menetelmällä, on alla esitetyissä tuloksissa mukana myös lähisukulaiset.

Analyysit tehtiin ensin siten, että mukana olivat kaikki näytteet. Ensimmäisen tarkastelun jälkeen analyyseistä poistettiin selkeimmin eroavat taimenkannat, jotta saataisiin näkyviin pienemmän mittakaavan perinnölliset erot.

Tilastolliset menetelmät - harjus

Myöskään harjuksille ei näytemäärän pienuudesta (20 kpl) johtuen laskettu populaation sisäisen perinnöllisen monimuotoisuuden suureita. Saittajoen harjusten suhdetta muihin harjuskantoihin arvioitiin pääkomponenttianalyysillä ja perinnöllisiä eroja muihin harjuskantoihin F_{ST} – indeksillä. Vertailunäytteinä Saittajoen harjukselle käytettiin Perämeren harjuskantaa Ulkokrunneilta sekä sisävesien laitos- ja luonnonkantoja (Taulukko 2).

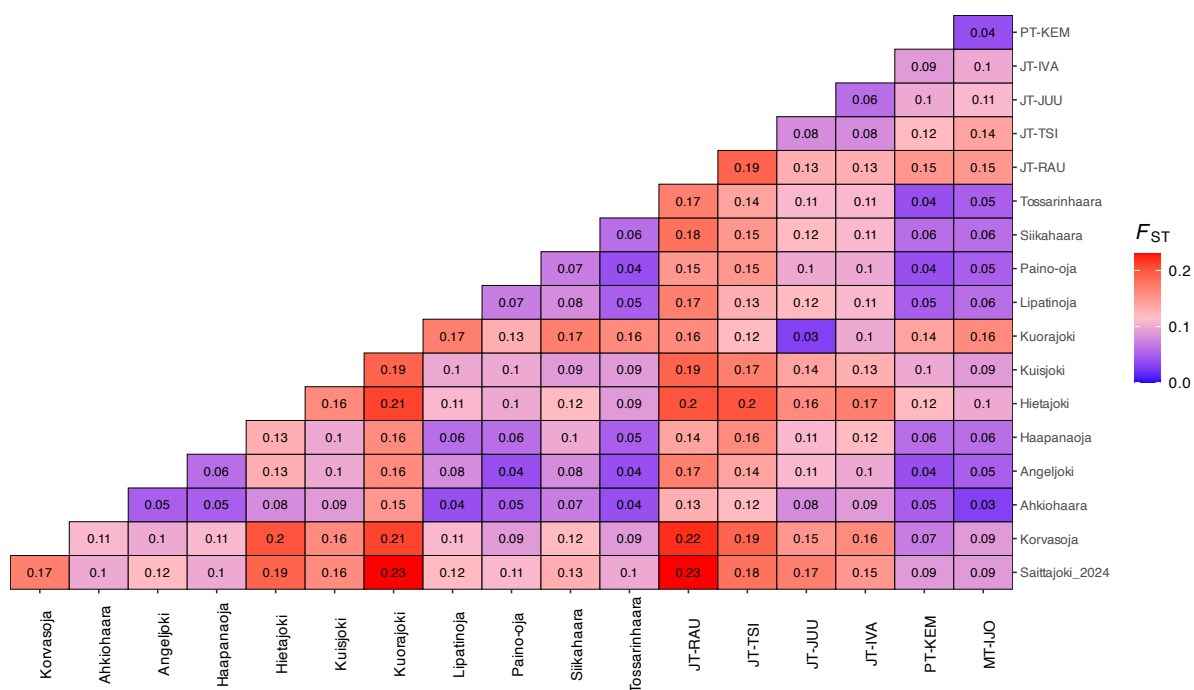
Taulukko 2. Analyyseissä käytetyt harjusunäytteet ja niiden alkuperä.

Näyte	Määrä	Alkuperä
Saittajoki	20	Luonto
E-Saimaa	29	Luonto
Lieksanjoki	26	Luonto
Puruvesi_LU	13	Luonto
Puruvesi_LA	19	Laitos
Rautalamminreitti_LA	17	Laitos
Perämeri	29	Luonto

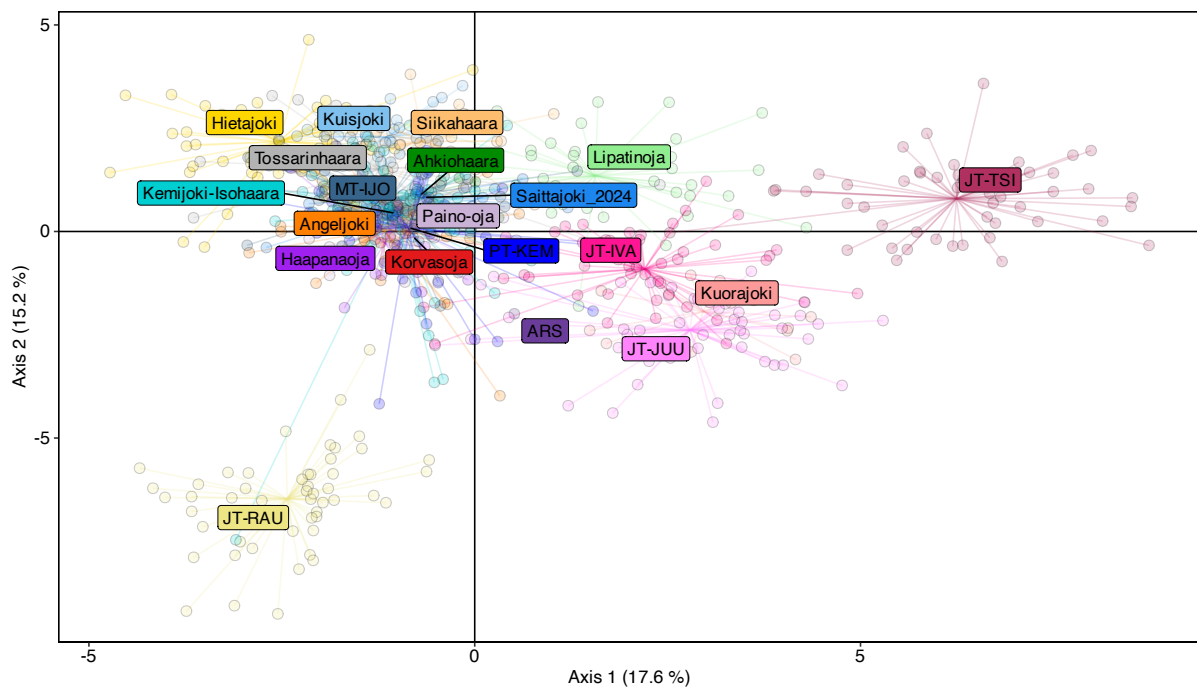
Tulokset – taimen

Perinnölliset erot sekä Saittajoen että Korvasojan ja Ahkiohaaran taimenten ja vertailukantojen välillä olivat kohtalaisen pieniä (Kuva 1). Saittajoen taimenet erottuivat selkeämmin omana ryhmänään, kun taas Korvasoja-Ahkiohaaran taimenet erottuivat vähemmän muista vertailukannoista. Korvasojan näytteet erosivat kuitenkin selkeämmin vertailukannoista ja istutuskannoista kuin Ahkiohaaran näytteet. Geneettisiä tunnuslukuja tarkasteltaessa on kuitenkin otettava huomioon, että erityisesti Lokka-Porttipahdan kalatalousalueen näytteitä oli niin pieni määrä, etteivät esim. F_{ST} -arvot ole luotettavia.

Istutuskannoista Lokka-Porttipahdan kalatalousalueella yleisimmin käytetyt Rautalamminreitin (JT-RAU) ja Juutuanjoen (JT-JUU) järvitaimenkannat erosivat selvästi Saittajoen ja Korvasoja-Ahkiohaaran taimenista (Kuva 2). Merkilläpantavaa on, että Kuorajoen taimennäytteet, jotka kerättiin osana EMRA-hanketta vuonna 2021, ovat käytännössä Juutuanjoen istutuskantaa (Kuva 2).



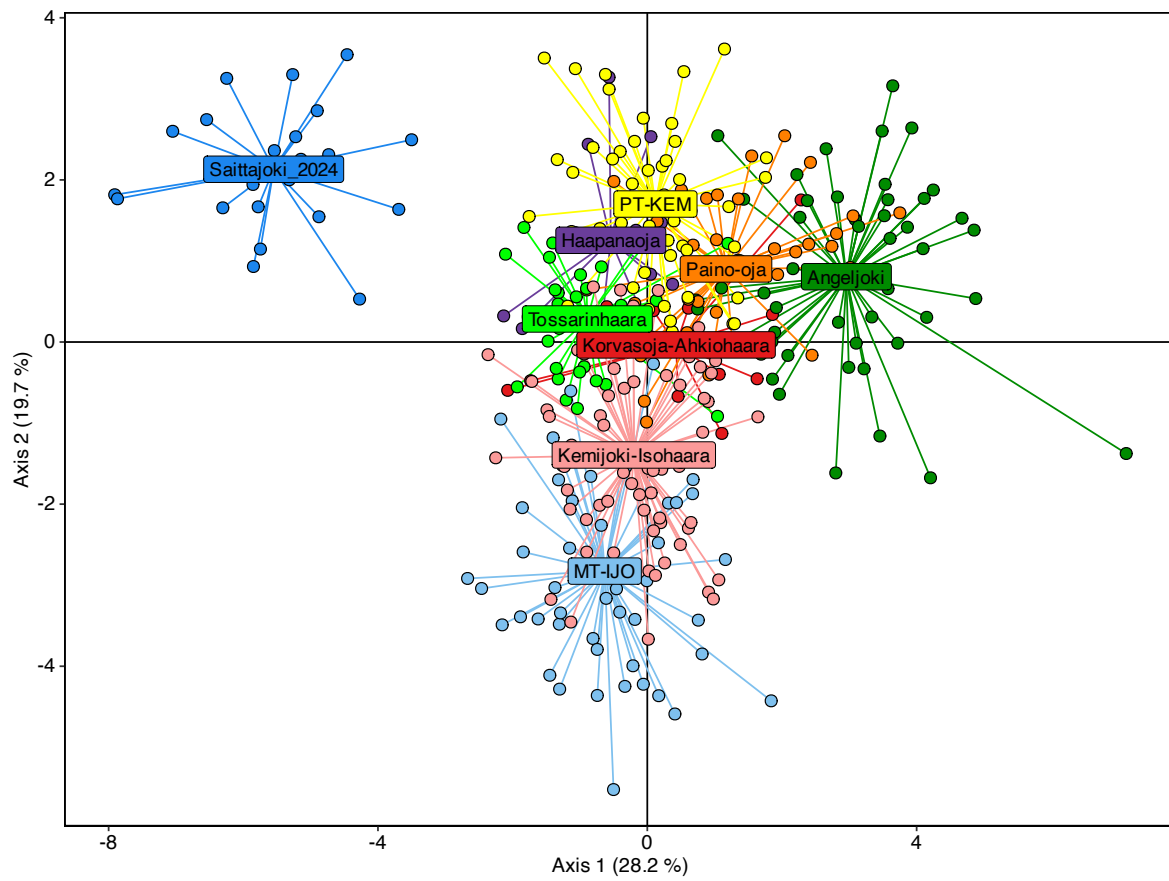
Kuva 1. Taimenkantojen väliset perinnölliset erot F_{ST} -indeksillä mitattuna.



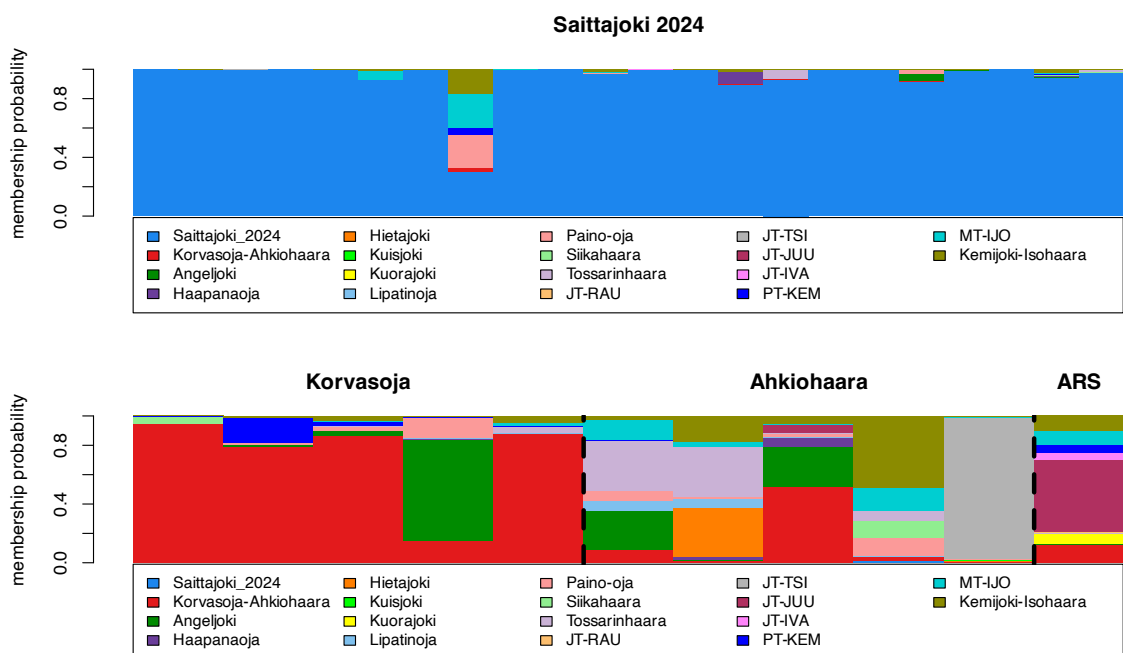
Kuva 2. Pääkomponenttien erotteluanalyysi, jossa mukana kaikki analysoidut taimennäytteet. Kukin piste vastaa yhtä taimennäytettä ja taimenkantojen (tai näyte-erien) nimet ovat ryhmien keskiarvon kohdalla (tai päällekkäisyyksien kohdalla keskiarvoon osoittaa musta viiva).

Katsottaessa taimenkantoja pienemmässä mittakaavassa (perinnöllisten erojen näkökulmasta) eli ainoastaan niitä taimennäytteitä, jotka eivät selkeästi eronneet, kun analyysissä oli mukana kaikki taimennäytteet, havaitaan, että Saittajoen taimenet eroavat selkeästi muista taimenkannoista, kun taas Korvasojan ja Ahkiohaaran taimenet eivät edusta selkeästi mitään yksittäistä taimenkantaa (Kuva 3).

Selkeimmin Korvasojan ja Ahkiohaaran taimenten sekoittuminen näkyy ns. uudelleenmääritysanalyysissä, jossa jokaiselle taimennäytteelle on laskettu todennäköisyys, jolla se on jostain analyysissä mukana olevista taimenkannoista (Kuva 4). Saittajoen taimennäytteistä yhtä lukuun ottamatta kaikki yksilöt ovat Saittajoen kantaa. Korvasojan taimenet (Kuvassa 4 viisi vasemmanpuoleista pylvästä) erottuvat hieman paremmin omana kantanaan kuin Ahkiohaaran taimenet, joita ei yhtä näytettä lukuun ottamatta pystynyt varmuudella määrittämään tiettyyn taimenkantaan. Tämä yksittäinen näyte oli perinnöllisesti lähimpänä Siittajoen istutuskantaa. Tuntematon, näytetiedoissa 'ARS'-merkinnällä ollut näyte oli todennäköisimmin Juutuanjoen istutuskantaa.



Kuva 3. Pääkomponenttien erotteluanalyysi, josta poistettu selkeimmin erottuneet vertailunäytteet (vrt. Kuva 2). Kukin piste vastaa yhtä taimennäytettä.



Kuva 4. Yksittäisten taimennäytteiden todennäköinen alkuperä perustuen uudelleenmäärittelyanalyysiin (re-assignment analysis). Kukin pylväs kuvaa yksittäistä taimenta ja pylvään korkeus todennäköisyyttä, jolla yksilö on peräisin jostain analysoidusta taimenkannasta.

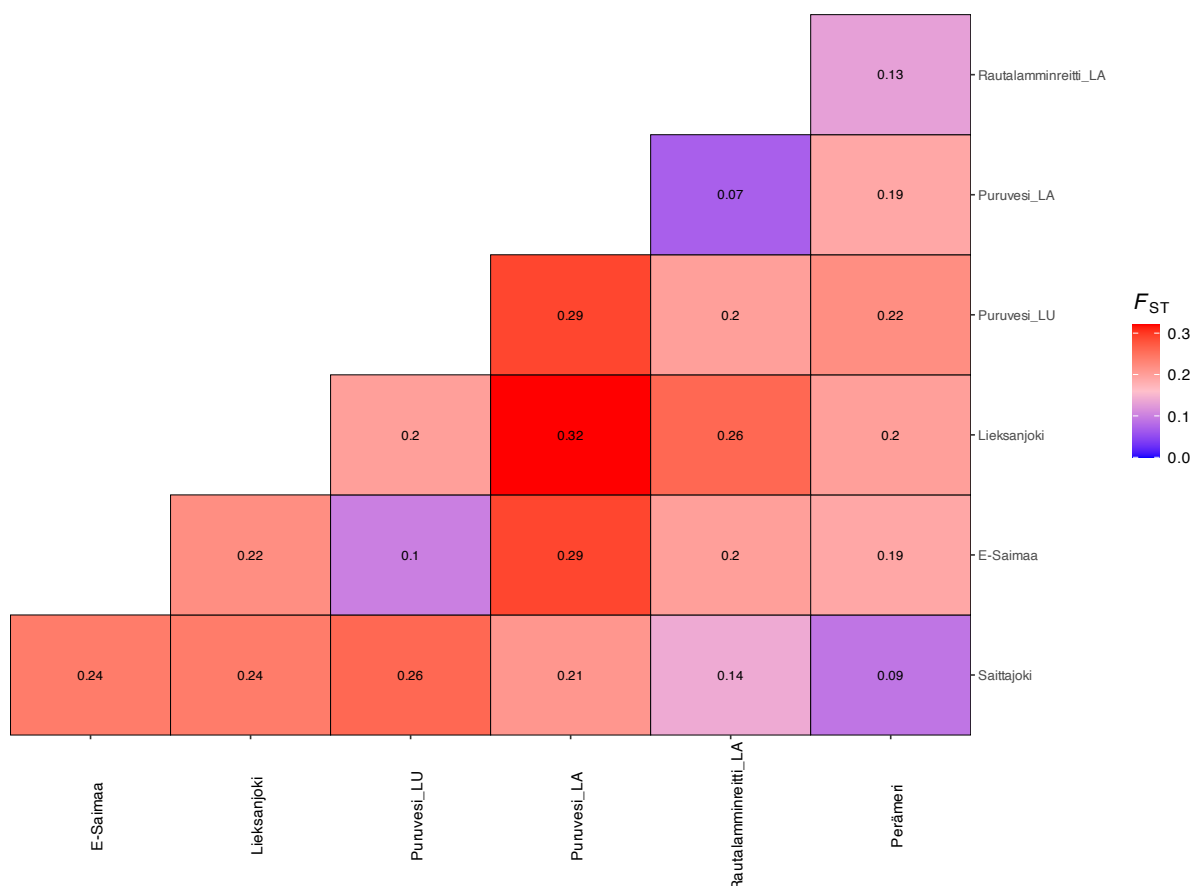
Yhteenveto – taimen

Geneettisten analyysien perusteella Saittajoen taimenet eroavat selkeästi muista tarkastelluista taimenkannoista. Myös Korvasojan taimenet näyttävät eroavan hieman selkeämmin muista taimenkannoista kuin Ahkiohaaran taimenet. Perinnölliset erot ovat kuitenkin verraten pieniä ja tässä analyysissä käytetty näytemäärä sen verran pieni, ettei varmuudella voi sanoa, onko Saittajoen ja Korvasojan taimenkannoissa sekoittumista muiden taimenkantojen kanssa. Lokka-Porttipahdan kalatalousalueella istutuksiin yleisesti käytetyllä Rautalamminreitin järvitaimenella ei näytä olevan mitään vaikutusta alueen taimenkantoihin. Kuten EMRA-projektin tuloksista selvisi, olivat Kuorajoen taimennäytteet Juutuanjoen istutuskantaa. EMRA-hankkeen näytteet kerättiin vuonna 2021, mikä saattaa selittää sen, etteivät Ahkiohaaran taimenet olleet kuitenkaan selkeästi Juutuanjoen kantaa. Tulosten perusteella Ahkiohaaraan, kuten Kuorajokeenkin nousee istutusperäistä taimenta tai ainakin taimenta, joka ei ole selkeästi omaa, paikallista taimenkantaansa.

Sodankylän ja Lokka-Porttipahdan kalatalousalueiden taimenkantojen tarkempaa kartoitusta varten olisi hyvä tulevaisuudessa kerätä näytteitä mahdollisimman laajalta alueelta sekä Lokan että Porttipahdan tekojärvistä ja niihin yhteydessä olevista joista ja puroista. Kattavalla näytteenotolla ja geneettisillä analyyseillä on mahdollista selvittää, kuinka paljon Sodankylän ja Lokka-Porttipahdan kalatalousalueilla on vielä paikallisia taimenkantoja ja kuinka paljon, missä ja minkälaisia vaikutuksia eri taimenkannoista tehdyillä istutuksilla on ollut.

Tulokset – harjus

Saittajoen harjukset olivat perinnöllisesti lähimpänä Perämeren harjuskantaa (Kuva 5). Pääkomponenttianalyysi (jossa koko geneettinen data on pelkistetty xy-koordinaatistoon) jakoi harjuskantat selkeästi laitos- ja luonnonkantoihin (Kuva 5, x-akseli). Laitoskannoissa oli mukana kuitenkin Perämeren meriharjus ja Saittajoen harjus. Toisaalta pääkomponenttianalyysissä harjuskannat jakautuivat myös selkeästi järvistä peräisin oleviin harjuksiin ja merestä tai joista peräisin oleviin harjuksiin (Kuva 5, y-akseli). Saittajoen harjus oli tässäkin meriharjuksen kanssa samassa ryhmässä.



Kuva 5. Harjuskantojen väliset perinnölliset erot F_{ST} -indeksillä mitattuna.

Yhteenveto – harjus

Saittajoen harjus on selkeästi lähimpänä Perämeren meriharjusta. Saittajoen harjuksen perimässä näkyy todennäköisesti istutustausta. Perämeren meriharjuskantat olivat Ulkokrunneilta, minkä vuoksi ne todennäköisesti eroavat jonkin verran Kemijoen laitoskannasta, jota käytetään Kemijoen vesistöissä yleisesti istutuksiin. Samasta syystä myös Saittajoen harjukset eroavat vertailunäytteinä mukana olleista meriharjuksista.

Jatkossa olisi hyvä saada mukaan vertailunäytteeksi harjuksia Kemijoen istutuskannasta. Sodankylän kalatalousalueen harjuskannan geneettisen rakenteen ja monimuotoisuuden

selvittämiseksi olisi myös hyvä ottaa lisänäytteitä sekä Saittajoen että muiden saman ja läheisten vesialueiden harjuksista.

Viitteet

Jombart, T. Adegnet: A R Package for the Multivariate Analysis of Genetic Markers. *Bioinformatics* **2008**, 24 (11), 1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>.

Jones, O. R.; Wang, J. COLONY: A Program for Parentage and Sibship Inference from Multilocus Genotype Data. *Mol. Ecol. Resour.* **2010**, 10 (3), 551–555. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02787.x>.

Koskiniemi, J.; Koljonen, M.-L.; Leinonen, T. University of Helsinki and Natural Resources Institute Finland (Luke) Protocol for DNA Extraction and Multiplex PCR Genotyping of 16 Microsatellites for Brown Trout (*Salmo Trutta* L.). *protocols.io* **2020**.

R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing.; R Foundation for Statistical Computing: Vienna, Austria, 2019.