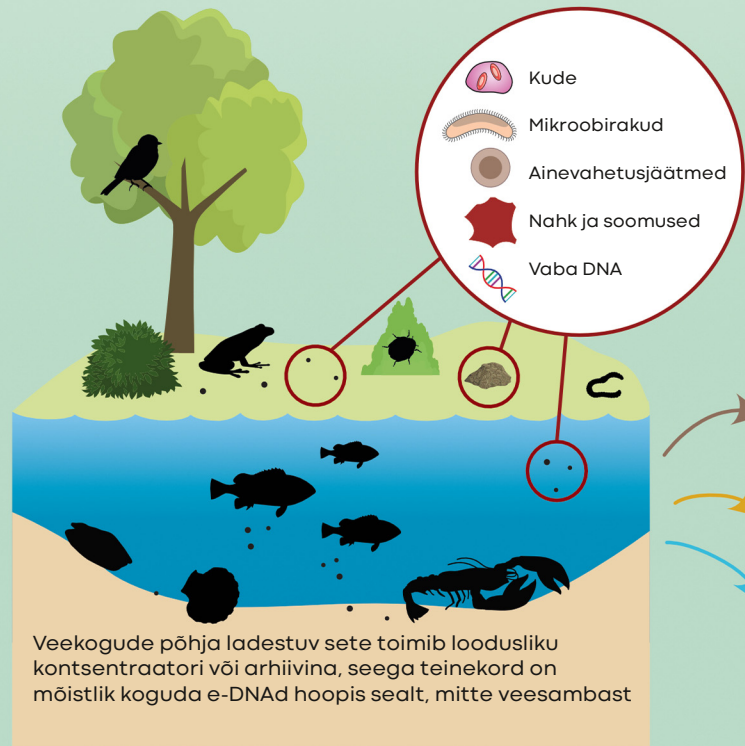


Keskkonna-DNA uuringud

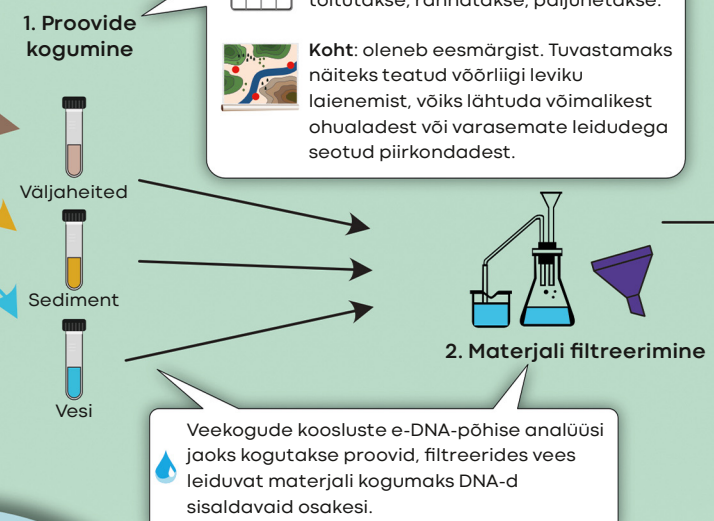
Kõik elusolendid jätavad endast keskkonda maha rakke, nahatükke, karvu, väljaheiteid jne. Neis leiduva DNA põhjal saab teada, mis liiki loomaga on tegu. See meetod lubab kindlaks teha varjulise eluviisiga või väga haruldaste loomade esinemist. Eriti tõhus on see ohtlike tulnukate varasel avastamisel. Keskkonna-DNA abil saab loomi uurida ilma neid häirimata. Eelis on ka aja- ja kulutõhusus: välitööd on tunduvalt lihtsamad ning selleks kulub märksa vähem aega, seetõttu saab e-DNA-põhise seirega katta laiemaid uuringualasid ja koguda proove tihedamini. Ühtlasi arendatakse meetodeid, mis lubaksid hinnata või täpsustada kalavarude seisundit.



Zooplanktoni seires kasutatakse tavapärastelt mikroskoopi ja üritatakse vees hõljuvaid olendeid määrata võimalikult madala taseme taksonoomilise rühmani. Siingi proovitakse üha enam kasutada DNA-põhiseid meetodeid, mis aitavad isendeid tuvastada kiiremini ja võimaldavad määrata ka väga pisikesi planktereid.

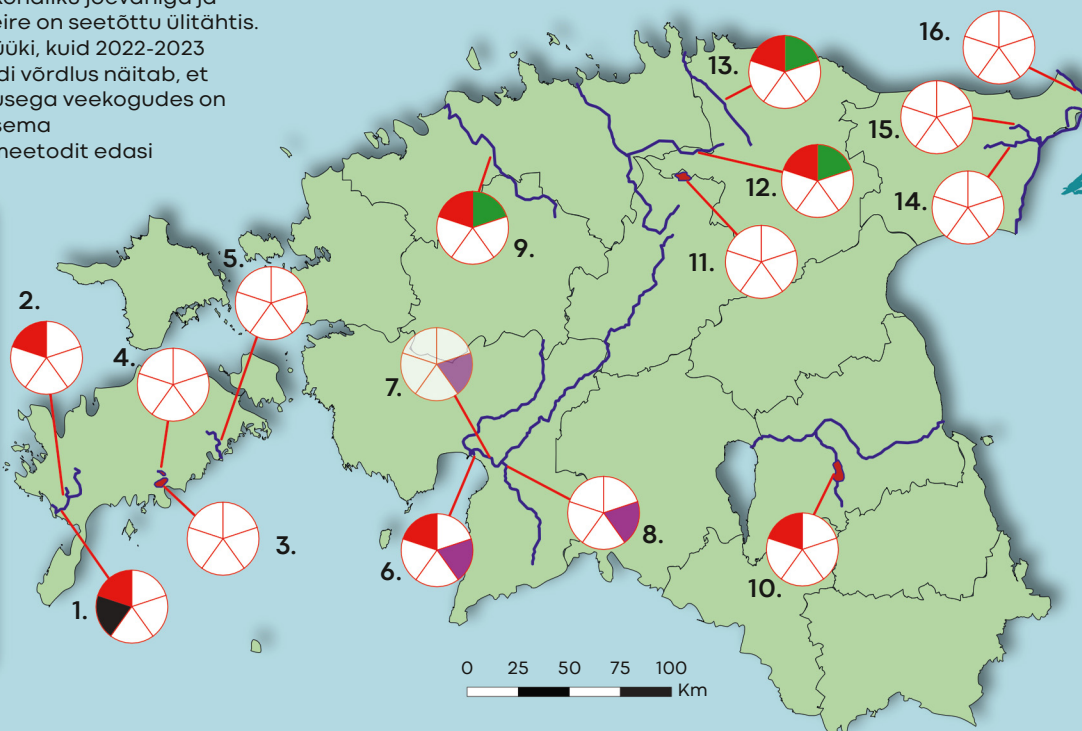
Aeg: võiks kattuda uuritava objekti eeldatava aktiivsuseperioodiga, kui toitutakse, rännatakse, paljunetakse.

Koht: oleneb eesmärgist. Tuvastamiseks näiteks teatud võõrliigi leviku laienemist, võiks lähtuda võimalikest ohualadest või varasemate leidudega seotud piirkondadest.



EESTI VÕÕRVÄHKIDE UURING

Signaalvähk, ogapõskne vähk ja marmorvähk on vähi võõrliigid, kes konkureerivad meie kohaliku jõevähiga ja kannavad edasi vähikatku. Pidev seire on seetõttu ülitähtis. Siiani on selleks kasutatud mörrapüüki, kuid 2022-2023 katsetati ka e-DNAga. Kahe meetodi võrdlus näitab, et vähkide mõõduka asurkonnatihedusega veekogudes on e-DNA usaldusväärne tööriist. Väiksema populatsioonitiheduse jaoks tuleb meetodit edasi arendada.



Molekulaarsed tööriistad

Kvantitatiivne PCR

- üksikute liikide või lähedaste liigigruppide tuvastamiseks
- põhineb spetsiifilise markergeeni hulga määramisel proovis
- töomahukas

Metatriipkoodistamine

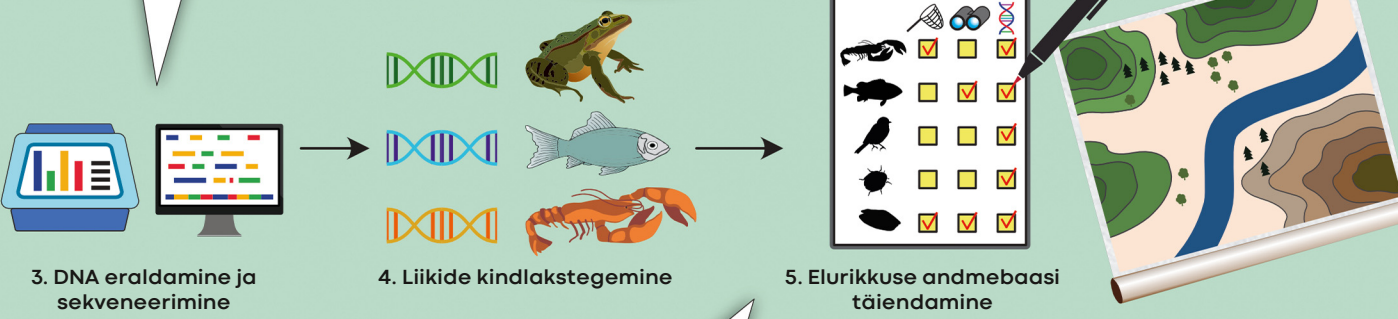
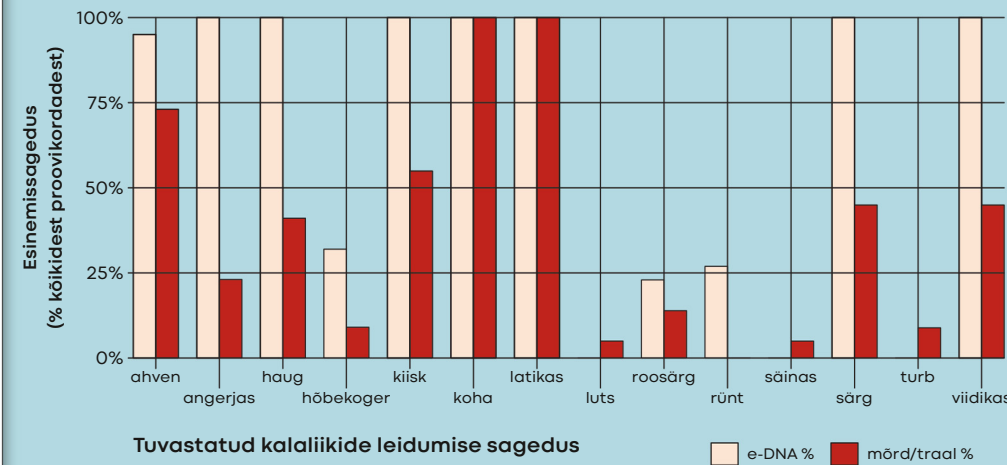
- kasutatakse hindamaks üldisemat liigirikkust ja mitmekesisust
- saab valida, keda või mida uurida: näiteks hulkrakseid loomi, kõiki veekogus leiduvaid kalu vms

Metagenoomne sekveneerimine

- uus meetodika
- sekveneerimine ökosüsteemi tasemel
- eelkõige mikroorganismide uurimiseks, sest tavaliselt ligi 90% proovis leiduvast DNAst pärineb mikroorganismidelt

VÕRTSJÄRVE KALAVARUDE UURING 2022

e-DNA meetodika väljatöötamiseks valiti Võrtsjärv, kuna see on Eesti kalamajanduses tähtis püügiveekogu. Veeproove koguti ajavahemikul 30.05.2022 kuni 28.10.2022 (kokku 30 mörrapüügiga saadud veeproovi, 36 traalpüügiga saadud veeproovi ning 30 kontrollproovi), mida võrreldi samal ajal litoraalist saadud katsepüügimõrra andmetikuga.



Eluslooduse tegurid:

- organismide suurus ja arengustaadium
- suurenenud stressitase
- toitumisaktiivsus ning paljunemine

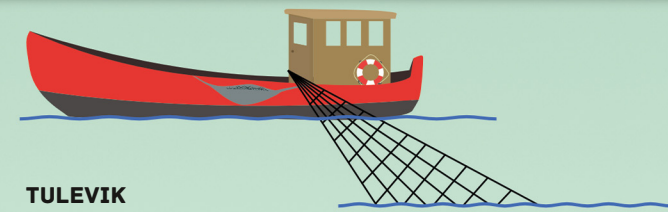
Tulemuste interpreteerimisel tuleb arvestada erisuguste biotiliste ja abiotiliste teguritega, eriti veeorganismide uurimisel, sest vees toimuvad muutused kiiremini. Veetemperatuur etendab olulist osa, kuna mõjutab otseselt kalade ja teiste organismide ainevahetust ja e-DNA lagunemise kiirust

Eluta looduse tegurid:

- osakeste liikumine vooluga
- vee temperatuur
- valgus, vee pH, soolsus jne

Püügi saagikus (CPUE ehk tk/mõrraöö kohta) uuritud veekogude kaupa (30 päeva jooksul enne e-DNA-proovide kogumist)

1. Riksu oja	2.2		
2. Koimla peakraav	0.7		
3. Reo karjäär I	0.2		
4. Reo karjäär II			
5. Kuke oja		0.1	0.3
6. Pärnu Vallikraav			1.7
7. Pärnu jõgi			0.3
8. Reiu jõgi			
9. Vääna jõgi	2.2	1.4	
10. Ropka järv		0.1	
11. Urbukse järv		0.7	
12. Mustjõgi	0.1	0.1	
13. Loobu jõgi	1.2	0.3	
14. ESEJ väljavoolukanal			0.1
15. BSEJ väljavoolukanal			0.1
16. Narva jõgi			0.4



TULEVIK

On tehtud esimesed sammud, et hakata e-DNA-d kalandusuuringutes edukalt kasutama. Samal ajal on vaja rakendada ka tavapäraseid katsepüüke jms meetodeid. Pikaajalised andmerekad veekogude elurikkuse kohta võimaldavad viimistleda ja kalibreerida e-DNA meetodikat.

Allikad:

1. Bernotas, Priit jt 2023. Keskkonna DNA põhise meetodika väljatöötamine oluliste tönduskalade varude hindamisel. Eesti maaülikool, Tartu
2. Pukk, Lilian (koost) 2024. Keskkonna DNA (eDNA) meetodi kasutamine vähi võõrliikide tuvastamisel. Eesti maaülikool, Tartu
3. <https://ednaresources.science/intro>