

Tiedekunta/Osasto – Fakultet/Sektion
Matemaattis-luonnontieteellinen

Laitos – Institution

Ekologian ja systematiikan laitos, populaatiobiologian osasto

Tekijä – Författare

Hannu Sakari Mäkinen

Työn nimi – Arbetets titel

Itämerennorpan populaatiorakenne ja historia mikrosatelliittipolymorfismien valossa

Oppiaine – Läroämne

Morfologis-ekologinen eläintiede

Työn laji – Arbetets art

Pro gradu-tutkielma

Aika – Datum

Heinäkuu 1998

Sivumäärä – Sidoantal

49+ 4 liitesivua

Tiivistelmä Referat

Itämerennorppa (*Phoca hispida bothniensis*) eristyi maantieteellisesti jäämerennorpasta (*Phoca hispida*) Yoldiavaiheen meriyhteyden katkettua n. 10000 v.s. Litorinavaiheessa meriyhteys syntyi uudelleen Tanskan salmien kautta (n. 8000 v.s.) mutta norpan ei oleteta liikkuneen salmien kautta, koska ilmasto oli lämmin ja norpan levinneisyys oli todennäköisesti painottunut Itämeren pohjoisosiin ja Jäämerelle. Vielä vuosisadan alussa itämerennorppa oli runsaslukuinen mutta metsästys ja ympäristömyrkyjen aiheuttamat lisääntymishäiriöt ovat vähentäneet itämerennorpan lukumäärää rajusti. Kannan harvetessa Itämerennorppa on jakautunut Perämeren-, Riiianlahden- ja Suomenlahden selvästi erillisiin pesimäpopulaatioihin.

Tutkimuksen tarkoituksena oli selvittää (1) kuinka erillisiä yksiköitä ovat Perämeren ja Suomenlahden norppapopulaatiot (2) ja tutkia itämerennorpan erilaistumista suhteessa jäämerennorppaan ja estimoida sen perusteella Itämeren populaation pitkäaikaista efektiivistä populaatiokokoa. Lisäksi tarkastellaan norpan historiasta tehtyjen oletusten luotettavuutta. Osapopulaatiorakennetta voidaan tutkia merkkigeenien avulla, joiden erilaistumisdynamiikan määräävät populaatiorakenne ja historia. Populaatioiden erilaistuminen riippuu driftin vaikutuksesta, joka on käänteisesti suhteessa efektiiviseen populaatiokokoon. Driftin erilaistava vaikutus riippuu myös isolaation voimakkuudesta. Tässä työssä merkkigeeneinä käytettiin mikrosatelliitteja, joilla tarkoitetaan eliöiden DNA:ssa esiintyviä lyhyitä toistojaksoja (esim. CA_n). Toistojaksojen lukumäärän vaihtelu eri yksilöissä aiheuttaa korkean polymorfian, jonka vuoksi mikrosatelliittien informaatioisältö on suuri. Tutkimuksen aineisto koostui Suomenlahden, Perämeren ja Jäämeren populaationäytteistä, jotka genotyyppitettiin kahdeksan mikrotelliittilokuksen suhteen. Lokuksista neljä oli kirjohylkeelle (*Phoca vitulina*) ja neljä harmaahylkeelle (*Halichoerus grypus*) alunperin kehitettyä markkeria.

Norpan mikrosatelliittilokukset osoittautuivat hyvin polymorfisiksi. Alleelien lukumäärän vaihteluväli oli 8-17. Odotettu heterotsygotia oli Jäämeressä 0.82 ja kummassakin Itämeren osapopulaatiossa 0.80. Muuntelu oli korkeampaa kuin harmaahylkeellä ja kirjohylkeellä, joilta lokukset olivat peräisin. Tämä tulos on poikkeava, koska yleensä polymorfia vähenee lajien eriytymisestä kuluneen ajan myötä. Todennäköisin syy korkeaan polymorfiaan on norpan suurempi pitkäaikainen populaatiokoko.

Perämeren ja Suomenlahden norppapopulaatioiden välillä ei havaittu geneettistä erilaistumista ($F_{ST} \approx 0$). Erilaistumattomuus voi johtua aikaisemmasta yhtenäisestä populaatiosta ja aikaa ei ole kulunut tarpeeksi, jotta erilaistumista havaittaisiin. Populaatioiden samankaltaisuus voi johtua myös muinaisesta tai jatkuvasta geenivirrasta. Tämän tutkimuksen perusteella ei voida sanoa mikä tekijä(t) aiheuttaa homogeneisuuden.

Itämerennorpan ja jäämerennorpan erilaistuminen oli merkitsevää mutta määrällisesti kohtalaista ($F_{ST} = 0.0167$). Itämerennorpasta puuttui muutamia jäämerennorpan harvinaisia alleleja. Jos oletetaan täydellinen isolaatio ja norpan sukupolvenväliksi 11 vuotta erilaistuminen on mahdollista jos pitkäaikainen efektiivinen populaatiokoko on ollut n. 26900. Muihin lajeihin verrattuna itämerennorpan ja jäämerennorpan erilaistuminen oli keskimäärin pienempää, mikä saattaa johtua geenivirrasta oletetun isolaation jälkeen. Jos geenivirtaa on ollut populaatioiden välillä tapahtui se todennäköisesti Litorinavaiheessa. Itämerennorppaa voidaan pitää ns. suojeleuyksikkönä (management unit, MU), koska sen alleelifrekvenssit poikkeavat merkitsevästi jäämerennorpasta.

Isolaation aikana (909 sukupolvea) itämerennorpasta on kadonnut muuntelua 2.4 %. Muuntelun katominen on ollut hidasta mutta pienetynneen populaatiokoon myötä muuntelun katoaminen saattaa nopeutua. Jos nykyinen efektiivinen populaatiokoko on n. 1200 yksilöä muuntelua katoaa 50 sukupolvessa yhtä paljon kuin koko isolaation aikana. Geneettisesti uhanalaisin on Suomenlahden osapopulaatio, jonka efektiivinen koko on vain n. 40 yksilöä. Muuntelun katoamisen seurauksena itämerennorpan kyky sopeutua ympäristön muutoksiin saattaa heiketä.

Avainsanat – Nyckelord

itämerennorppa, jäämerennorppa, mikrosatelliitit, F_{ST} , efektiivinen populaatiokoko

Säilytyspaikka – Förvaringställe

Populaatiobiologian osaston kirjasto

Muita tietoja