

# **Geeniteknologian käyttö biodiversiteetin suojelussa**

Janetta Salin

Kandidaatin tutkielma

Biologian tutkinto-ohjelma

Oulun yliopisto

2022

## Sisälllys

Tiivistelmä.....	3
1. Johdanto.....	4
2. Suojelun ja geeniteknologian yhdistäminen.....	5
3. Geeniteknologisten menetelmien toteutus.....	7
3.1. DNA-viivakoodaus.....	7
3.2. Kloonauk.....	7
4. Merkitys biodiversiteetin kannalta.....	8
4.1. Valinta geeniteknologian ja perinteisten menetelmien välillä.....	8
4.2. Eettiset ja lailliset kysymykset.....	10
4.3. Hyödyt ja haitat.....	12
5. Pohdinta.....	13
6. Lähteet.....	14

## Tiivistelmä

Ilmastonmuutos ja ihmisen toiminta monissa muodoissaan ovat aiheuttaneet alati kasvavan uhan biodiversiteetille. Tämänhetkistä tilaa pidetään maapallon kuudentena sukupuuttoaaltona: ihmisen vaikutus on jopa satakertaistanut sukupuuttojen määrän. Valtava määrä lajeja on jo hävinnyt ja satoja on akuutin sukupuuttouhan alla. Vaikka lajikato on erityisen vakava maailman biodiversiteettirikkaimmilla alueilla, uhka on maailmanlaajuinen. Jotta biodiversiteettiä voitaisiin tutkia ja suojella tehokkaammin, perinteisten menetelmien lisäksi tarvitaan myös uusia innovaatioita. Geeniteknologian nopea kehitys viime vuosikymmeninä tarjoaa täysin uusia vaihtoehtoja ja mahdollisuuksia biodiversiteetille aiheutuneiden vahinkojen korjaamiseksi ja uusien välttämiseksi.

On arveltu, että maailmassa olisi jopa yli 8 miljoonaa eukaryoottilajia, vaikka tällä hetkellä niistä varsinaisesti tunnetaan vain vajaa kaksi miljoonaa (Mora et al. 2011). Häviämisaarassa olevien lajien määrä on siten todennäköisesti paljon suurempi kuin on arveltu, mutta miten suojella lajeja, joita ei ole vielä edes löydetty? Ongelmaksi muodostuu myös lajien erottaminen toisistaan silloin kun se ei pelkän ulkomuodon perusteella ole mahdollista. DNA-viivakoodaus tietokantoihin tarjoaa geeniteknologisen apuvälineen, jota hyödyntää tunnistamisessa. Aikaisemmin on myös jouduttu tyytymään ajatukseen siitä, että lajin kuoltua sukupuuttoon sitä ei voi saada enää takaisin. Kloonusteknologian kehittyminen on kuitenkin tehnyt lajin palauttamisesta teoriassa mahdollista, joskin haastavaa niin teknisesti kuin monista muistakin syistä. Kokeilut kuitenkin on jo aloitettu vaihtelevalla menestyksellä useamman eläinlajin kohdalla.

Tulevaisuudessa geeniteknologian käyttö biodiversiteetin suojelussa ja jopa palauttamisessa tulee todennäköisesti lisääntymään. Ihmisten aiheuttamat muutokset ovat paikoitellen niin suuria, nopeita ja osin peruuttamattomia, että pelkästään suojelualueiden perustaminen ja niiden vartioiminen ei tule riittämään suuressa mittakaavassa. Vaikka biodiversiteettiin kohdistuva uhka tiedostetaan vuosi vuodelta paremmin, muutos parempaan tapahtuu hitaasti siinä missä tuho etenee nopeasti. On siis joissain määrin välttämätöntä päättää minkä lajien menettäminen lopullisesti olisi kaikista haitallisinta erityisesti kokonaisten ekosysteemien kannalta ja ryhtyä toimenpiteisiin käyttäen kaikkia keinoja; myös geeniteknologiaa.

## 1. Johdanto

On tiedetty jo pitkään, että biodiversiteettiä kohtaa moninaiset uhat, joista pahimmat ovat ihmisen aikaansaamia tai edistämiä. Elinalueiden tuhoutuminen ja saastuminen, luonnonvarojen liikkakäyttö, ilmastonmuutos ja luonnonkatastrofit ovat aiheuttaneet jo lukuisten lajien vaarantumisen ja useita sukupuuttoja, joista läheskään kaikki tuskin ovat edes tiedossa. Tuho on paikoitellen ollut niin perusteellista etenkin erityisen biodiversiteettirikkailla alueilla, että osa pienillä alueilla esiintyneistä lajeista on hävinnyt jo ennen varsinaisesti löydettyksi tuleamista. Biodiversiteettiä itsessään tarkastellaan Union for Conservation of Naturen (IUCN) määrittelemällä kolmella tasolla: ekosysteemin diversiteetti, lajien diversiteetti ja geneettinen diversiteetti. Geneettisten menetelmien käyttö biodiversiteetin suojelemisessa on kuitenkin vielä alkuvaiheissaan, mutta potentiaalia ja soveltuvia menetelmiä on olemassa. Mm. ei-invasiivisia DNA-näytteitä on käytetty jonkin verran määrittelemään takavarikoidun norsunluun alkuperää, havaitsemaan hybridisaatiota, arvioimaan populaatiokokoja ja identifioimaan saaliseläimen tappaneita petoja (Coker, 2019).

Meriekosysteemit kattavat yli 70 % planeettamme pinta-alasta ja pitävät sisällään suuren mutta huonosti tunnetun biodiversiteetin kirjjon. Meristä löytyy myös suuri määrä kryptisiä lajeja, jotka ovat morfologisesti hyvin samankaltaisia keskenään, mutta geneettisiltä ominaisuuksiltaan erotettavissa. Myöskin lajien sisäisten kehitysvaiheiden liittäminen toisiinsa voi osoittautua hyvin haastavaksi, koska eri kehitystasolla olevat yksilöt eivät välttämättä muistuta toisiaan millään tavalla. Ne saattavat myöskin hyödyntää eri elinalueita tietyissä kehitysvaiheissa eikä niitä siten juurikaan tavata samoista paikoista yhdessä. Muiden haasteiden lisäksi monet merieliöt ovat hyvin pienikokoisia, joten geeniteknologisia menetelmiä voisi pitää näistä monista syistä johtuen jopa potentiaalisimpana työkaluna meriekosysteemien biodiversiteetin tutkimiseen ja kartoittamiseen. Niin kauan, kun joidenkin lajien täydet elinkaaret muodonvaihdoksineen ovat tuntemattomia tai lajeja ei voi edes varmuudella erottaa toisistaan, suojelun tarpeen määrittäminen on lähes mahdotonta (Trivedi et al. 2016). Kaikki tämä johtaa tarpeeseen hyödyntää uusia menetelmiä niin biodiversiteetin tutkimiseen kuin sen suojeleunkin ja geeniteknologia pystyy niitä yhä etenevissä määrin tarjoamaan.

## 2. Suojelun ja geeniteknologian yhdistäminen

Ajatus DNA-viivakoodauksesta syntyi lähes 20 vuotta sitten. Sen toiminta perustuu tietokantoihin, joihin kerätään lajeilta tietty pätkä DNA:ta, joka toimii niiden tunnisteena. DNA-viivakoodauksen tarjoama yksinkertaisempaa ja nopeampaa lajintunnistusmenetelmää voidaan monella tapaa hyödyntää biodiversiteetin suojelussa. Paitsi että jo tunnettujen lajien joukosta löytyy toisinaan yllättäviä alalajeja, joiden olemassaoloa ei ole aiemmin tiedostettu ulkonäöllisten eroavaisuuksien ollessa hyvin vähäisiä eikä niiden mahdollinen suojeluntarve siten ole edes tiedossa, se myös tarjoaisi mahdollisuuden pitää yhä tarkemmin silmällä eläin- ja kasvipöytäisten tuotteiden kauppaa. Tällä voitaisiin karsia entisestään uhanalaisten lajien ja niiden osien salakuljetusta, mikä yhä edelleen on vakava ongelma, joka uhkaa mm. tiikereiden, sarvikuonojen, norsujen ja muurahaiskäpyjen olemassaoloa. Koska salakuljetettavat osat ovat usein jo valmiiksi jauhettuja tai muutoin käsiteltyjä ja mahdollisesti sekoitettu muihin orgaanisiin aineisiin, niiden varma tunnistaminen pelkän ulkonäön perusteella on usein mahdotonta, samoin kuin lintujen ja matelijoiden munien. Harva näistä laittomista tuotteista jää varsinaiseen alkuperämaahan, joten tehokas tunnistaminen ja kuljetuksen pysäyttäminen rajoilla tekisi salakuljetuksesta huomattavasti vähemmän kannattavaa (WWF, 2020).

Kun puhutaan lajeista, jotka ovat jo hävinneet tai yksilöitä on jäljellä enää muutamia, vaihtoehtoja ei ole edes geenimenetelmien saralla montaa: viime vuosina on käyty keskustelua siitä, pitäisikö kloonaukseen soveltaa biodiversiteetin säilyttämiseen ääritilanteissa. On jo olemassa eri vaiheisiin ehtineitä projekteja, joista kenties yksi äärimmäisimmistä on yritys pelastaa zairenleveähuulisarvikuono (*Ceratotherium simum cottoni*) joita on jäljellä maailmassa enää kaksi naarasta, emo ja sen poikanen. Aiheeseen kuitenkin liittyy paljon kysymyksiä, eikä pelkästään geeniteknologisesta näkökulmasta. Niinpä kyseinen laji toimii varsin kattavana esimerkkinä, kun pohditaan aiheeseen liittyviä ongelmia. Kyse on myös eettisyydestä ja ylipäättään kannattavuudesta sekä yksiselitteisesti valinnanvaikeudesta; katoavia lajeja on paljon, joten on päätettävä minkä elvyttäminen olisi perusteltua ja hyödyllistä. Kannattaako prosessia enää aloittaa sellaisen lajin kohdalla, joka on kahta yksilöä vaille hävinnyt, kun muita sarvikuonolajejakin on vielä olemassa ja myöskin vaarassa kuolla sukupuuttoon tulevina vuosikymmeninä?

Vuonna 2019 aiheesta keskusteltiin ryhmässä, joka sisälsi konservatiogenetiikan, reproduktiivisen fysiologian, sosiologian, etiikan, lain sekä cryo- ja konservatiobiologian spesialisteja. San Diegon eläintarhan yhteydessä toimiva tutkimusinstituutti pitää hallussaan zairenleveähuulisarvikuonoilta vuosien saatossa talteen otettuja näytteitä, joten mikäli prosessi päätettäisiin aloittaa, se todennäköisesti tapahtuisi juuri siellä (Ryder et al. 2020). Kloonausprosessin aloitus täysin eri mantereella kuin minne laji luonnostaan kuuluu, olisi itsessään vain pieni askel hyvin pitkällä matkalla, jonka tavoite olisi palauttaa elinkelpoinen populaatio luontoon. Kun otetaan huomioon elinalueiden häviäminen niin ihmisen suoran toiminnan kuin ilmastonmuutoksenkin myötä, ei voida olla varmoja edes siitä olisiko lopulta enää jäljellä luontaista elinympäristöä, jossa laji voisi menestyä – ja jos se menestyisi, syrjäyttäisikö se vuorostaan jonkin toisen lajin alueelta tai jopa useamman.

Lajin luontainen esiintymisalue osuu myös usean poliittisesti epävakkaan valtion alueelle, mikä tekisi suojelun järjestämisestä hyvin vaikeaa aseellisten konfliktien keskellä. On siis täysin mahdollista, että vaikka kaikki muu onnistuisi päädyttäisiin silti tilanteeseen, jossa lajille voitaisiin tarjota elinympäristö vain safaripuistoista ja eläintarhoista. Koska lajin vankeudessa eläneistä yksilöistä on pidetty kirjaa jo vuodesta 1948, tiedetään vain yhden alun perin vapaudessa syntyneen yksilön synnyttäneen vankeudessa yli 70 vuoden aikana (Ryder et al. 2020). Tämän tiedon valossa lajin elvyttäminen ilman varmaa mahdollisuutta vapauttamiseen olisi todellakin eettisesti arveluttavaa, turhaakin, ja se osaltaan vain lisää kysymyksiä siitä olisiko projektilla realistisia mahdollisuuksia onnistua.

Zairenleveähuulisarvikuonon potentiaalisen pelastusprojektin kohdalla tehtävät päätökset todennäköisesti tulevat osoittamaan suuntaa myös muille tuleville projekteille, joissa sukupuuton partaalla olevaa lajia yritetään pelastaa geeniteknologisin menetelmin ja todennäköisesti samat kysymykset on käytävä läpi suurimman osan kohdalla. Vähemmän uhanalaisten ja helpommin vankeudessa kasvatettavien lajien kohdalla kloonaukokeilut ovat kuitenkin edenneet pitemmälle. Vastikään USA:ssa kloonattiin onnistuneesti uhanalainen mustajalkahilleri (*Mustela nigripes*) yli 30 vuotta sitten kuolleen yksilön pakastettuja jäännöksiä hyödyntäen ja kesyfrettinaarasta synnyttäjänä käyttäen. San Diegon eläintarhassa on syntynyt viime vuosina myös kloonattu przewalskinhevosvarsa (San Diego Zoo Institute, 2020).

### 3. Geeniteknologisten menetelmien toteutus

#### 3.1. DNA-viivakoodaus

Jotta DNA-viivakoodeihin perustuva tunnistus olisi mahdollisimman tehokasta, genomista haluttiin löytää alue, jossa muuntelu lajin sisällä on mahdollisimman vähäistä mutta lajien välillä suurta. Yhtä ainoa ratkaisua ei kuitenkaan ole, vaan eri eliökuntien välillä on vaihtelua sen suhteen mitä kohtaa perimästä on optimaalisinta käyttää. Eläinten viivakoodialue on mitokondriaalisen DNA:n sytokromi c-oxidaasigeeni (COI/cox1), sienillä tuman genomien ITS-alue ja kasveilla viherhiukkasista löytyvän kahden geenin, matK ja rbcL, yhdistelmä (FinBOL, 2022).

Tunnistettavasta näytteestä eristetään DNA:ta, josta monistetaan polymeerasiketjureaktion (PCR) avulla viivakoodialue, joka sekvensoidaan. Tätä sekvenssiä verrataan sitten tietokantoihin tallennettuihin viivakoodeihin. Suurin yhtenäinen tietokanta on Barcode of Life Data (BOLD) johon uuden datan keräämistä koordinoi International Barcode for Life (iBOL) -projekti. Vuoteen 2022 mennessä BOLD-kantaan lisättyjen yksittäisten viivakoodien määrä on noussut jo yli kymmeneen miljoonaan (iBOL, 2022). Menetelmän käytettävyys kuitenkin vaatii sen, että näytteen DNA:n viivakoodialue ei ole hajonnut, joten siksi näytteiden käsittely vaatii tarkkuutta ja taitoa. Tämä on ongelma erityisesti silloin, jos menetelmää halutaan käyttää maastaviennin ja maahantuonnin monitorointiin; mikäli eläin- tai kasvimateriaali on käsittelemätöntä, sen tunnistaminen DNA-viivakoodauksella pitäisi onnistua. Erilaisten mekaanisten ja kemiallisten käsittelyiden myötä riski DNA:n hajoamiselle kuitenkin kasvaa, joten erityisen prosessoituja näytteitä sen avulla ei voida tunnistaa.

#### 3.2. Kloonaukset

Koska kloonaukseen liittyviä mahdollisuuksia lajin suojelun kannalta on harkittu ja kokeiltu enimmäkseen hävinneiden tai hyvin uhanalaisten nisäkkäiden kohdalla, seuraavat menetelmät ovat spesifisiä nimenomaan kloonauksen toteutukseen nisäkkäillä. Ensimmäisen kerran sukupuuttoon kuolleen eläinlajin kloonaukset onnistuivat vuonna 2003, kun keisarileikkauksella syntyi elävä pyreneidenalppikauris (*Capra pyrenaica pyrenaica*). Lajin viimeinen yksilö oli kuollut vuonna 2000 ja siitä vuonna 1999 otettuja näytteitä hyödynnettiin kloonauksessa. Vaikka syntynyt yksilö vaikutti morfologisesti normaalilta ja osoitti tavallisia elonmerkkejä syntyessään, se kuoli vain

muutamien minuuttien kuluttua. Syyksi paljastui epämuodostuma keuhkoissa mikä esti riittävän hapensaannin (Folch et al. 2009).

Reproduktiivisen kloonauksen peruseriaate on teoriassa varsin yksinkertainen. Kloonattavalta eläimeltä otetaan täysikasvuinen somaattinen solu, esimerkiksi ihosolu. Tämän solun sisältämä DNA siirretään munasoluun tai oosyyttiin josta on poistettu sen oma DNA. Halutun DNA:n siirron munasoluun voi tehdä kahdella tavalla; ensimmäisessä metodissa somaattisen solun tuma poistetaan neulalla ja injektoidaan käsiteltyyn munasoluun. Toisessa metodissa käytetään sähkövirtaa fuusioimaan kokonainen somaattinen solu yhteen käsitellyn munasolun kanssa. Käytettiin kumpaa menetelmää tahansa, seuraavassa vaiheessa munasolun annetaan kehittyä koeputkessa varhaisen asteen alkioksi, jonka jälkeen se siirretään sijaisemon kohtuun (NHGRI, 2020).

Mikäli kloonin kanssa samaa lajia olevia naaraita ei ole käytettävissä, pyritään yleensä valitsemaan lähimmän ala- tai sukulaislajin naaraita, jotka ovat kooltaan ja tiineysajaltaan mahdollisimman samankaltaisia. Tästä huolimatta alkion istutus epäonnistuu varsin usein ja vaikka tiineys saataisiin onnistuneesti alkuun, myös keskenmenot ovat varsin tavallisia niin varhaisessa vaiheessa kuin myöhemminkin. Esimerkiksi pyreneidenalppikauriin kloonauksen suorittanut tutkijaryhmä siirsi yhteensä 154 alkiota 44 eläimeen, mutta vain yhden kohdalla tiineys jatkui täyden ajan. Pyreneidenalppikauriin kloonauksessa alkiot luotiin yhdistämällä lajin viimeisestä naaraasta talteen otettuja epiteelisoluja ja domestikoiduilta vuohilta (*Capra hircus*) saatuja oosyyttejä joiden tuma oli poistettu. Alkioita siirrettiin sekä espanjanalppikauriisiin (*Capra pyrenaica hispanica*) että espanjanalppikauriin ja domestikoidun vuohen hybrideihin (Folch et al. 2009).

#### **4. Merkitys biodiversiteetin kannalta**

##### **4.1. Valinta geeniteknologian ja perinteisten menetelmien välillä**

Vaikka geeniteknologisten menetelmien käyttö ei suljekaane pois perinteisten suojelumenetelmien hyödyntämistä tai päinvastoin, on kuitenkin otettava lajikohtaisesti huomioon kumman suosiminen olisi pitkällä tähtäimellä kannattavampaa tai missä määrin niitä voitaisiin hyödyntää yhdessä. Vaikka uhanalaisten lajien yksilöiden määrää voitaisiin kasvattaa kloonamalla ja niiden yleensä kapeaksi käynyttä geneettistä diversiteettiä laajentaa hyödyntämällä DNA:ta melko kauankin sitten eläneistä yksilöistä, on voitava varmistaa, että lajin luontaista elinaluetta on



suojeltu riittävästi. Vaikka kloonattuja yksilöitä siirrettäisiin onnistuneesti takaisin luontoon, populaation koko ei voi kasvaa, jos elinalueiden tuhoutuminen ja pirstaloituminen jatkuu; siksi suojelualueiden perustaminen on edelleen avainasemassa, kun lajeja halutaan säilyttää. On myös huomioitava, että kauan ekosysteemistä poissa olleen tai geneettisesti modifioidun lajin palauttamisella alueelle on ekologisia vaikutuksia (Bennett et al. 2017).

Kun alueella esiintyy kasvi- tai eläinlajeja, joilla on arvoa laittomassa kaupassa, myös suojelualan vartioinnilla on olennainen rooli suojelutoimissa (WWF, 2020). Toisaalta taas, jos lajin geneettinen diversiteetti on vähentynyt siinä määrin että kaikki elossa olevat yksilöt ovat läheistä sukua keskenään tai jäljellä ylipäätään on enää vain saman sukupuolen edustajia, optimaalisimman ja turvallisimmankaan elinalueen järjestäminen ei enää riitä. DNA-viivakoodauksen yleistyvä käyttö maastaviennin ja maahantuonnin valvonnassa sekä alueiden biodiversiteetin kartoituksessa voisi tarkoittaa suurta harppausta eteenpäin niin laittomuuksien havaitsemisessa kuin uusien lajien löytämisessä sekä myös lajien sukulaisuussuhteiden määrittelyssä.

Mahdollisimman hyvän lopputuloksen saavuttamiseksi tulisi ylipäätään tutkia suojeltavaa lajia riittävästi ennen menetelmien valintaa, etenkin luonnonvaraisia yksilöitä mikäli niitä vielä on jäljellä. Hyvin pitkään uskottiin isopandojen (*Ailuropoda melanoleuca*) olevan laji, jonka monet tyypilliset piirteet kuten yksipuolinen ravinto ja heikko sukupuolivietti olivat pääasiallinen syy niiden uhanalaisuuteen ja ne tulisivat todennäköisesti häviämään luonnosta riippumatta ihmisen vaikutuksesta. Kenties suurimmaksi yksittäiseksi syyksi nostettiin niiden kiinnostuksen puute lisääntymiseen, jonka onnistumista rajoittaa myös naaraiden vain kerran vuodessa muutaman vuorokauden ajan esiintyvä kiima-aika.

Lopulta kuitenkin havaittiin, että luonnonvaraisilla pandoilla ei juurikaan lisääntymisvaikeuksia ole, vaan ongelmia esiintyy lähes yksinomaan vankeudessa elävillä yksilöillä. Tutkimalla luontaista pariutumiskäytöstä, lisääntymismenestystä myös tarhaoloissa on onnistuttu parantamaan. Vaikka pandojen lähes täysin bambuun keskittyvä ruokavalio onkin äärimmäisen spesifinen, ravinnosta ei ole puutetta koska bambua esiintyy laajalti niiden elinalueilla, se on nopeakasvuista eikä kovinkaan moni muu laji hyödynnä sitä (Wei et al. 2015). Toisin sanoen pandojen kohdalla esimerkiksi kloonauksen käyttöönotto olisi ollut tarpeetonta, koska suojelumenestyksen paranemiseen tarvittiin vain enemmän tietoa lajin luontaisesta käytöksestä ja miten sitä voidaan edistää myös vankeudessa.

## 4.2. Eettiset ja lailliset kysymykset

Geeniteknologisten menetelmien käyttöön liittyy muitakin kuin vain bioteknisiä ongelmia ja haasteita. Maakohtaiset lainsäädännöt ovat tästä hyvä esimerkki; monet valtiot määrittelevät luonnonkasvit ja -eläimet valtion omaisuudeksi, joten luvan saaminen erityisesti uhanalaisiin lajeihin kajoamiseen voi olla haastavaa, vaikka kyse olisi vain DNA-näytteiden keräämisestä. Esimerkiksi isopandojen katsotaan kuuluvan Kiinalle ja muualla maailmassa elävät yksilöt ovat vain ns. lainassa, myös ulkomailla syntyneet yksilöt. Jos halutaan hyödyntää eläintarhoissa eläviä yksilöitä, käytännöt ovat todennäköisesti erilaiset jokaisen tarhan kohdalla. Joidenkin mahdollisuudet sujuvaan yhteistyöhön tutkimusryhmän kanssa voivat olla hyvinkin rajalliset, johtuen esimerkiksi vähäisistä resursseista, epäsuotuisasta sijainnista kaukana sopivista tutkimuslaitoksista tai jopa yksinkertaisesti yhteistyöhalun puuttumisesta.

On myös todennäköistä että yksikään valtio ei suhtaudu täysin välinpitämättömästi siihen, että sen rajojen sisäpuolelle vapautetaan mahdollisesti muualla kasvatettuja yksilöitä tai jopa palautetaan jo täysin hävinnyt laji, vaan lakitekniset kysymykset on huomioitava alusta alkaen ja aina elinalueiden turvaamiseen ja suojeluun asti. Joiltain osin jo olemassa olevia lakeja koskien esimerkiksi uhanalaisten eläinten luokittelua ja suojelua voitaisiin soveltaa sellaisenaan myös sukupuutosta takaisin elävien kirjoihin palautettuihin lajeihin, mutta myös uusia täytyisi todennäköisesti luoda. Vähintäänkin hybridikloonien luomisen voisi katsoa olevan GMO-säätelyn alaista toimintaa ja siten niiden vapauttaminen luontoon luvanvaraista. Hyvinkin mahdollisesti näiden kehittäjä tahtoisikin patentoida hybridiluomuksensa, mikä vaatisi ihan kokonaan uuden lainsäädännöllisen näkökulman genetiikkaan ja ylipäätään päätöksen siitä voiko niin tehdä (Carlin et al. 2014).

Eettiset kysymykset ovat jopa vielä laillisiakin monitahoisempia, vaikka itsessään biodiversiteetin suojelua, tutkimista ja palauttamista voisi pitääkin eettisinä luonnonsuojelullisina toimenpiteinä. Ongelman voisi tiivistää yleiseen englanninkieliseen sanontaan: "Just because you can doesn't mean you should." Vaikka olemassa olisikin menetelmät, joilla muuttaa joidenkin lajien kohtaloa, niin ei välttämättä pitäisi tehdä, ainakaan harkitsematta tarkasti jokaisen kohdalla erikseen. Eettisesti kyseenalaiseksi voidaan katsoa esimerkiksi päätös luoda lisää sellaisen lajin yksilöitä, jotka sopeutuvat huonosti tarhaoloihin, jos luontoon vapauttaminen on hyvin epävarmaa joko elinalueiden hävittyä, muututtua liian pieniksi tai laillisista seikoista johtuen. Vaikka eläintarha tai aidattu luonnonpuisto onkin melko väistämätön välietappi kloonattujen yksilöiden kohdalla, sen ei

pitäisi jäädä pysyväksi vaihtoehdoksi (Carlin et al. 2014). Kenties tämän hetken kyseenalaisin esimerkki on erään amerikkalaisyhtiön suunnitelmat villamammuttien (*Mammuthus primigenius*) kloonauksesta. Vaikka kloonauksen tuotokset olisivatkin norsuhybridejä puhtaiden mammuttien sijaan, olisi varsin epävarmaa voisiko maapallo nykytilassaan enää tarjota riittävästi sopivaa elintilaa alun perin jääkaudesta arotundraa asuttaneelle valtavalle eläimelle, jonka sukupuuton suurimman syyn on arveltu tutkimusten perusteella olleen nopea ilmastonmuutos jääkauden päättymisen jälkeen. Koska viimeaikaiset tutkimustulokset osoittavat myös ihmisten ja mammuttien jakaneen joiltain osin samoja elinalueita jopa kymmeniä tuhansia vuosia, ihmisten harjoittama mammutinmetsästys tuskin oli pääasiallinen sukupuuttotekijä (Wang et al. 2021).

Mammuteille optimaaliset olosuhteet hävisivät siis jo tuhansia vuosia sitten ja nykyinen lämpenemistahti kaventaa yhä olemassa olevia tundra-alueita entisestään. Afrikan- ja aasiannorsujen ahdinko on omiaan kuvastamaan sitä, kuinka nykymaailmassa on yhä vähemmän tilaa etenkin useita tonneja painaville maaeläimille. Elinalueiden pirstoutuessa ja pienentyessä ne joutuvat konflikteihin ihmisten kanssa yhä useammin sen lisäksi että niitä salametsästetään norsunluun vuoksi. Lisäksi mammuttihybridien sijaisynnyttäjäiksi valikoitaisiin todennäköisesti aasiannorsunaaraita. Koska aasiannorsut (*Elephas maximus*) ovat uhanalaisia, jokainen mammutti, joka syntyisi aasiannorsun sijaan olisi vain pois lajilta, joka on vielä pelastettavissa ilman geeniteknologiaa ja kykenee selviytymään nykyilmastossa.

Vaikka mahdollisesti kykenisimme tuomaan mammutit takaisin, vaikka vain norsuhybrideinä, hanketta ajavien esittämät listat mahdollisista hyödyistä (kuten kokonaisen ekosysteemin palautumisesta lajin myötä) ovat varsin kontroversiaaleja siinä missä mahdolliset haitat ja ongelmat ovat hyvinkin ennustettavissa. Todellisen suojelutarpeen ja kokeilunhalun välinen raja tulisi pitää mielessä; vaikka Jurassic Parkin kaltaiset fantasiat ehkä herättävät valtaväestössä enemmän mielenkiintoa kuin elinalueiden ja vielä olemassa olevien lajien suojeleminen ja tutkiminen, biodiversiteettiä suojelevan toiminnan tulisi keskittyä ensisijaisesti vähentämään ihmisen vahingollista vaikutusta (Carlin et al. 2014). Tuhansia vuosia sitten enimmäkseen ihmisten toiminnasta riippumatta hävinneiden lajien palautus ei palvele tätä tarkoitusta, vaan on oma lisänsä ihmisen tekemiin biodiversiteettiin vaikuttaviin muokkauksiin maapallolla ja lisäksi vaatisi valtavasti resursseja, jotka voitaisiin käyttää vielä luonnossa elävien lajien suojeluun (Bennett et al. 2017).

### 4.3. Hyödyt ja haitat

Rikkaan biodiversiteetin ylläpitäminen edistää monin tavoin luonnon tasapainoa ja siten ekosysteemien vakautta. Joidenkin lajien väliset vuorovaikutukset ovat hyvinkin spesifisiä ja yhdenkin lajin häviäminen voi edesauttaa myös jonkin toisen lajin häviämistä, jopa useampien. Vaikka todennäköistä onkin, että erityisesti ilmaston lämpeneminen lieveilmiöineen tulee hävittämään muutoksille herkimpiä lajeja eikä mitkään suojelutoimenpiteet ole riittäviä, geeniteknologiset menetelmät ovat arvokas työkalu, jolla tutkia ja tunnistaa alueiden lajeja ja edesauttaa vähintäänkin ekosysteemille tärkeimpien selviytymistä. Mitä isompi ketjureaktio ekosysteemin sisällä lähtee liikkeelle lajien häviämisestä, sitä vaikeampi tilannetta on enää stabiloida, saati palauttaa entiselleen. Biodiversiteetin muutosten vaikutuksia ekosysteemien toimintaan on pyritty havainnollistamaan kontrolloiduilla kokeilla, joista saatua näyttöä on kritisoitu liian kapea-alaisiksi kuvaamaan monimutkaista kokonaisuutta, mutta niistä on myös saatu varsin vakuuttavaa näyttöä siitä, että useimmiten suuremmalla biodiversiteetillä on hyötyvaikutuksia ja ekosysteemiä vakauttavia ominaisuuksia (Duffy, J. 2008).

DNA-viivakoodauksen käytöllä ei ole varsinaisia haittapuolia, joskin näytteiden kerääminen etenkin pienimmistä eläimistä, kuten hyönteisistä, voi vaatia niiden hengen. Paljon työtä kuitenkin vaaditaan yhä uusien näytteiden keräämiseen, käsittelyyn ja tunnistamiseen ja siksi projektin kansainvälisyys ja avoimuus ovat avainasemassa sen menestyksessä. Kloonauksessa ongelmia esiintyy useampiakin. Paitsi että prosessi ei ole halpaa ainakaan isossa mittakaavassa ja suuri osa yrityksistä epäonnistuu, on huomioitava myös geneettinen diversiteetti. Yhdestä eläimestä ei ole kannattavaa tehdä useita klooneja koska ne ovat kaikki geneettisesti identtisiä keskenään: kloonipopulaatiossa geenipooli ei olisi edes kapea, vaan täysin yksipuolinen. Kloonit myöskin ovat samaa sukupuolta kuin eläin, jonka DNA:ta on käytetty, joten kummankin sukupuolen edustajista täytyisi olla olemassa riittävästi näytteitä, jotta kloonamalla olisi mahdollista saada aikaan geneettisesti riittävän monipuolinen populaatio, jolla olisi edellytyksiä edistää lajin selviämistä. Kloonattavien eläinten ei tulisi myöskään olla läheistä sukua toisilleen, mikäli tarkoitus on risteyttää klooneja keskenään, sillä se johtaisi korkeaan sukusiittoisuuteen ja sen mukanaan tuomiin ongelmiin.

## 5. Pohdinta

Geneettisten menetelmien yhä kehittyessä sekä mahdollisuudet että riskit kasvavat, joten myös tutkimusta niiden käytöstä seuraavista mahdollisista vaikutuksista tarvitaan, jotta biodiversiteetille ei aiheutuisi lisävahinkoa epäonnistuneiden suojeluyritysten seurauksena. On vielä liian aikaista sanoa, voidaanko geeniteknologiasta biodiversiteetin lisääjänä ja palauttajana saada enemmän hyötyä kuin haittaa, sillä suurin osa projekteista on vielä alkutekijöissään. Voidaan kuitenkin päätellä, että mitä invasiivisempi menetelmä, sitä suuremmalla todennäköisyydellä myös epätoivottuja seurauksia ilmenee siinä missä yksinomaan biodiversiteetin tutkimusta ja kartoitusta edistäviä menetelmiä voidaan pitää varsin riskittöminä suuressa mittakaavassa.

Yksinomaan virhearviot elinalueen valinnassa voivat johtaa luontoon palauttamisen kohteena olevan lajin menettämiseen kaikesta huolimatta, mutta mikäli ne ensin ehtivät syrjäyttää jonkin toisen lajin valitulta alueelta, saatetaan pahentaa myös niiden uhanalaisuutta tai jopa aiheuttaa uusi sukupuutto. Kauan sitten hävinneiden lajien tuomisella takaisin taas voi olla odottamattomia seurauksia, niin biologisia kuin poliittisiakin. Siinä missä nykyvaltioiden välejä kiristää öljyn kaltaiset luonnonvarat, tulevaisuudessa voi olla, että kilpailua käydään geneettisistä resursseista; kenellä on oikeus kloonata tuhansia vuosia sitten hävinneitä lajeja ja minne ne kuuluvat? Minkälaisia hybridilajeja voidaan saada aikaan ja mihin tarkoituksiin?

On kuitenkin selvää, että ei ole mahdollista eikä kannattavaa edes yrittää palauttaa kaikkia lajeja, jotka ovat maapallon historian aikana sen pinnalla eläneet. Geeniteknologian hyödyntämisen mukana tulee suuri vastuu ja harkintakyvyn on säilyttävä sekä lainsäädännön pysyttävä ajan tasalla, jotta mahdolliset toimet todella olisivat biodiversiteetin suojelun ja säilyttämisen kannalta edullisia eivätkä vain loppupelissä päädy kaventamaan sitä entisestään. Lajien ja ekosysteemien tuhoutuminen on jo nykyisellään hälyttävän nopeaa, joten ylimääräisiin riskeihin ei ole enää varaa. Myös suojeluresursseilla on rajansa ja käytössä olevat varat tulisi jakaa harkintaa käyttäen sekä uusien menetelmien harkittuun kehittelyyn että nykyisten suojelutoimenpiteiden jatkamiseen. Vaikka geeniteknologia on osoittanut hyötynsä lukuisissa eri käyttötarkoituksissa, kaikkea ei voi laittaa sen varaan.

## Lähteet

- Joseph R. Bennett, Richard F. Maloney, Tammy E. Steeves, James Brazill-Boast, Hugh P. Possingham, Philip J. Seddon. Spending limited resources on de-extinction could lead to net biodiversity loss. *Nature Ecology & Evolution*, 2017; 1: 0053 DOI: 10.1038/s41559-016-0053
- Norman F. Carlin, Ilan Wurman, and Tamara Zakim, How to Permit Your Mammoth: Some Legal Implications of "De-Extinction", vol 33 *Stanford Environmental Law Journal* 3 (2014).
- CITES <https://cites.org/eng>
- Coker, Oluwakayode. (2019). Importance of genetics in conservation of biodiversity.
- Duffy, J. (2008). Why biodiversity is important to the functioning of real-world ecosystems. *Frontiers in Ecology and The Environment - FRONT ECOL ENVIRON*. 10.1890/070195.
- FinBOL <https://www.finbol.org/>
- J. Folch, M.J. Cocero, P. Chesné, J.L. Alabart, V. Domínguez, Y. Cognié, A. Roche, A. Fernández-Árias, J.I. Martí, P. Sánchez, E. Echegoyen, J.F. Beckers, A. Sánchez Bonastre, X. Vignon. First birth of an animal from an extinct subspecies (*Capra pyrenaica pyrenaica*) by cloning, *Theriogenology*, Volume 71, Issue 6, 2009, Pages 1026-1034, ISSN 0093-691X, <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2008.11.005>.
- iBOL <https://ibol.org/>
- Mora C, Tittensor DP, Adl S, Simpson AGB, Worm B (2011) How Many Species Are There on Earth and in the Ocean?. *PLOS Biology* 9(8): e1001127. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- NHGRI <https://www.genome.gov/>
- Ryder, Oliver & Friese, Carrie & Greely, Henry & Sandler, Ronald & Saragusty, Joseph & Durrant, Barbara & Redford, Kent. (2020). Exploring the limits of saving a subspecies: The ethics and social dynamics of restoring northern white rhinos (*Ceratotherium simum cottoni*). *Conservation Science and Practice*. 2. 10.1111/csp2.241.
- San Diego Zoo <https://science.sandiegozoo.org/>

- Subrata Trivedi, Abdulhadi A. Aloufi, Abid A. Ansari, Sankar K. Ghosh, Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update, *Saudi Journal of Biological Sciences*, Volume 23, Issue 2, 2016, Pages 161-171, ISSN 1319-562X, <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.01.001>.
- Wang, Y., Pedersen, M.W., Alsos, I.G. et al. Late Quaternary dynamics of Arctic biota from ancient environmental genomics. *Nature* 600, 86–92 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04016-x>
- Wei, Fuwen & Swaisgood, Ronald & Hu, Yibo & Nie, Yonggang & Yan, Li & Zhang, Ze-Jun & Qi, Dunwu & Zhu, Lifeng. (2015). Progress in the ecology and conservation of giant pandas. *Conservation Biology*. 29. 10.1111/cobi.12582.
- WWF <https://wwf.panda.org/>