



Molekyylibiologisten menetelmien kehitys – tilannepäivitys

Veera Norros, Kristian Meissner & Tiina Laamanen
Monimuotoisuusseurantojen tiekartta 21.1.2026



Suomen ympäristökeskus
Finlands miljöcentral
Finnish Environment Institute

eDNA ja muut molekyylibiologiset seurantamenetelmät

Molekyylibiologisten menetelmien avulla voimme parantaa ympäristön tilan seurantojen kattavuutta, tarkkuutta ja kustannustehokkuutta ja siten täydentää seurannan kautta muodostuvaa kuvaa luonnon monimuotoisuudesta ja sen muutoksista.

<https://luontotieto.syke.fi/seurannat-ja-menetelmat/miten-luontoa-seurataan/molekyylibiologiset-seurantamenetelmat-edna-2/>



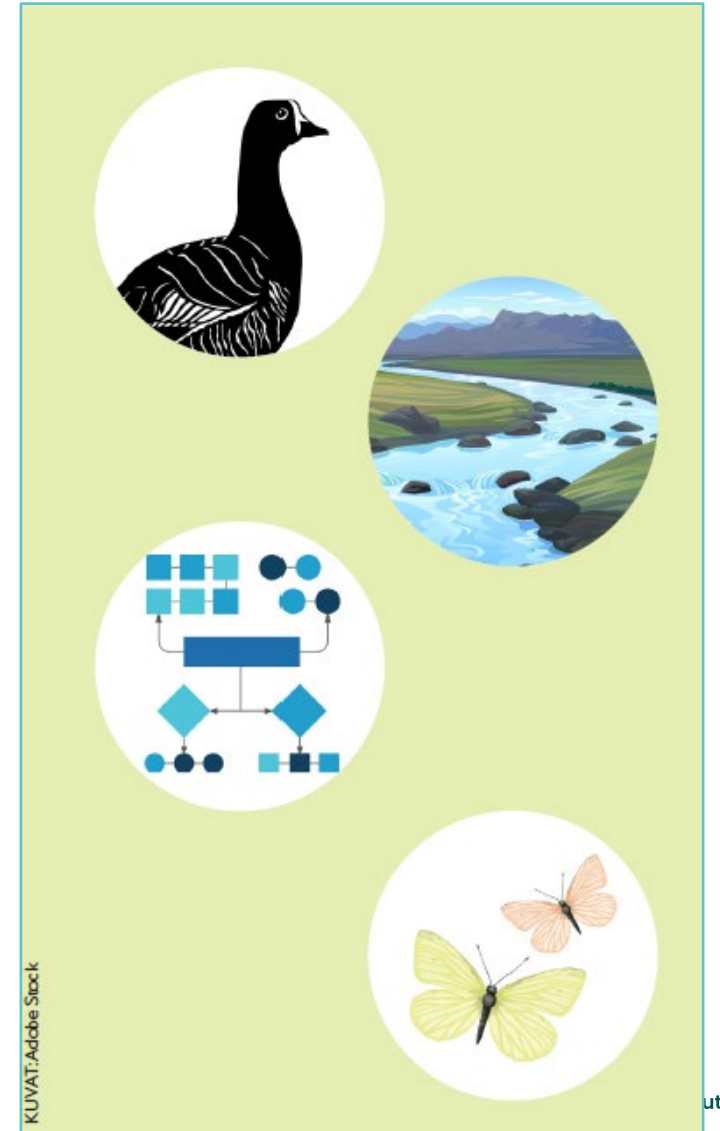
Tällä sivulla:

- [Mitä molekyylibiologiset seurantamenetelmät ovat?](#)
- [Yleisimmät molekyylibiologiset menetelmät](#)
- [Menetelmien mahdollisuudet ja haasteet](#)
- [Standardointi ja laadunvarmistus](#)
- [Käyttöönotto Suomessa](#)
- [Miten otan molekyylibiologiset menetelmät käyttöön?](#)
- [Tervetuloa kansalliseen eDNA-ideointitiimiin](#)
- [Resurssit](#)

(e)DNA, (e)RNA, qPCR, metaviivakoodaus, metagenomiikka, pop.gen.menetelmät

Valtavasti mahdollisuuksia luonnon monimuotoisuuden seurannassa

- Uhanalaisten lajien tarkempi havaitseminen
- Vaikeasti havaittavien, huonosti tunnettujen ja/tai äärimmäisen monimuotoisten eliöryhmien seuranta
- Kokonaisten eliöyhteisöjen kustannustehokas seuranta
- Elinympäristön tilan seuranta eliöstön perusteella (myös ilman lajintunnistusta)
- Kohdelajien geneettisen monimuotoisuuden seuranta (tulevaisuudessa jopa eDNA:lla?)
- RNA → ekosysteemien toiminnan seuranta



Roadmap for implementing environmental DNA (eDNA) and other molecular monitoring methods in Finland

Vision and action plan for 2022–2025

Veera Norros, Tiina Laamanen, Kristian Meissner, Terhi Iso-Touru,
Aapo Kahilainen, Sirpa Lehtinen, Katileena Lohtander-Buckbee,
Henrik Nygård, Taina Pennanen, Marja Ruohonen-Lehto,
Päivi Sirkiä, Sanna Suikkanen, Mikko Tolkkinen, Eeva Vainio,
Sannakajsa Velmala, Kristiina Vuorio and Petteri Vihervaara

Molekyylibiologisille seurantamenetelmille tehtiin tiekartta 2021 – missä mennään nyt?



Ympäristöministeriö
Miljöministeriet
Ministry of the Environment



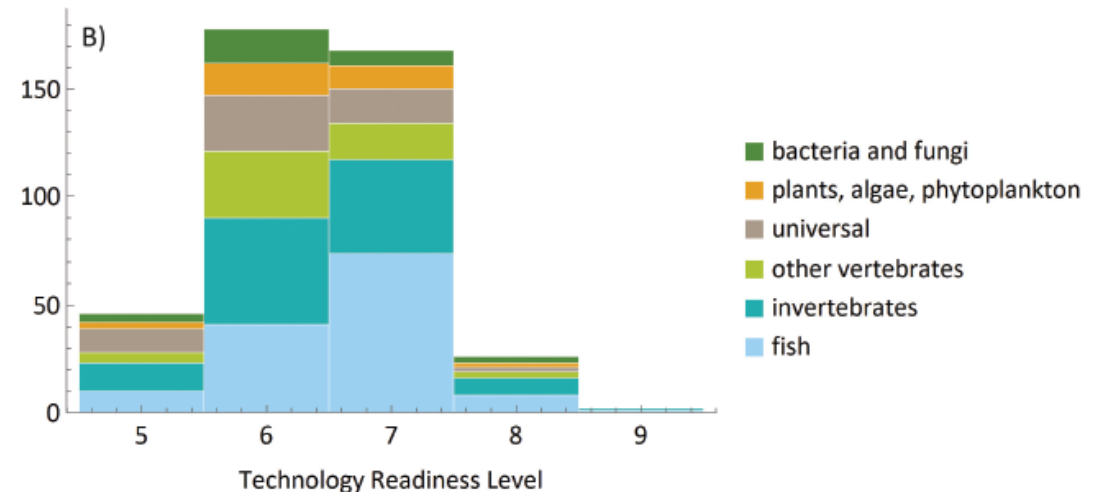
Suomen ympäristökeskus
Finlands miljöcentral
Finnish Environment Institute

Mikä on menetelmien tämänhetkinen teknologinen valmiusaste?

- Systemaattinen kirjallisuuskatsaus, mukana 420 valintakriteerit täyttävää tutkimusartikkelia
- Menetelmät ovat erittäin moninaisia – ryhmiteltiin TRL-luokitusta varten
- Useimmat tutkimukset validoivat DNA-teknologioita pienessä mittakaavassa, laajamittaisia demonstraatiota ja rutiinikäyttöä edelleen vähän
- Keskeisiä esteitä DNA-menetelmien laajemmalle käyttöönotolle ovat kansainvälisten standardien ja kattavien referenssikirjastojen puute

Technology Readiness Level of biodiversity monitoring with molecular methods – where are we on the road to routine implementation?

Tiina Laamanen^{1,2}, Veera Norros¹, Petteri Vihervaara¹, Jacqueline Jerney³, Pirkko Kortelainen¹, Katharina Kujala², Stefan Lambert², Janne Mäyrä¹, Lilja Nikula⁴, Ida Palmroos⁵, Mikko Tolkkinen⁶, Kristiina Vuorio¹, Kristian Meissner¹



VPD-esimerkki – DNA-metaviivakoodaus matkalla kohti rutiiniseurantaa

- Macher et al. (2025) tutkimuksessa selvitettiin, voiko DNA-metaviivakoodaus korvata tai täydentää perinteisiä taksonomiseen määrittelyyn perustuvia menetelmiä pintavesien ekologisen tilan arvioinnissa EU:n vesipuitedirektiivin (VPD) mukaisesti
- Yhteensä 170 pohjaeläinnäytettä kerättiin osana Saksan liittovaltioiden vesipuitedirektiivin mukaista jokien biomonitorointia. Näytteet analysoitiin sekä mikroskooppisesti että DNA-metaviivakoodauksen avulla.



Water Research
Volume 272, 15 March 2025, 122987



Fit for purpose? Evaluating benthic invertebrate DNA metabarcoding for ecological status class assessment in streams under the Water Framework Directive

Till-Hendrik Macher ^{a b}  , Arne J. Beermann ^{a c}, Jens Arle ^d, Julia Foerster ^e, Matthias Greyer ^f, Demetrio Mora ^{g h i}, Jan Koschorreck ^d, Peter Rolaufts ^j, Anne Rother ^f, Susanne Schüler ^e, Jonas Zimmermann ^g, Daniel Hering ^{j c}, Florian Leese ^{a c}  



Tulokset vertautuvat hyvin

Ergebnisse nach “fitting procedure”

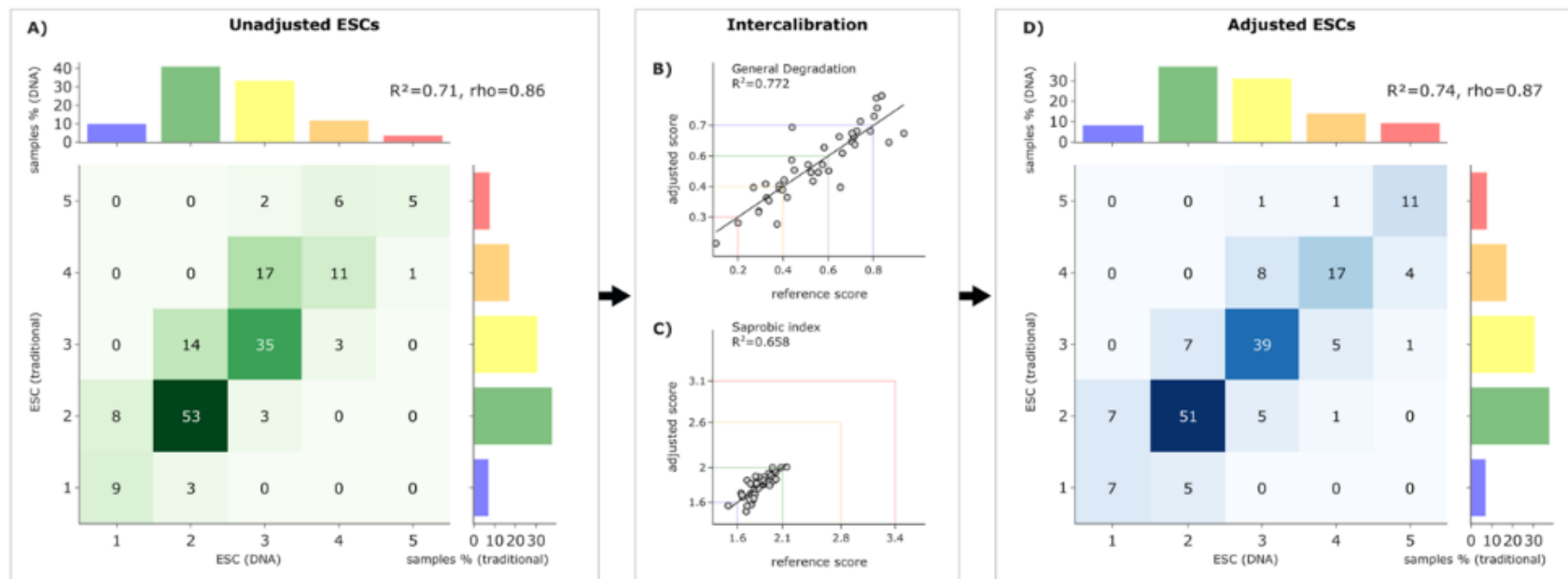


Fig. 4. Intercalibration procedure of DNA metabarcoding WFD data. Matrix comparing the ecological status classes (ESC) derived with the DNA metabarcoding and traditional, morphology-based methods, without intercalibration measures (A). The proportions of samples per status class are shown as bar charts. Spearman correlation was employed to assess the correlation between the two methods. Intercalibration was performed using ordinary least square (OLS) linear regression analyses to calculate the adjusted boundaries the General Degradation (B) and Saprobic index (C) DNA metabarcoding (here: example for river type 9) as requested by the official EU intercalibration manual (EC 2015). After the intercalibration ESC differences were more evenly distributed and the two methods showed higher congruence (D).

DUISBURG
ESSEN

Offen im Denken

Macher et al. 2025

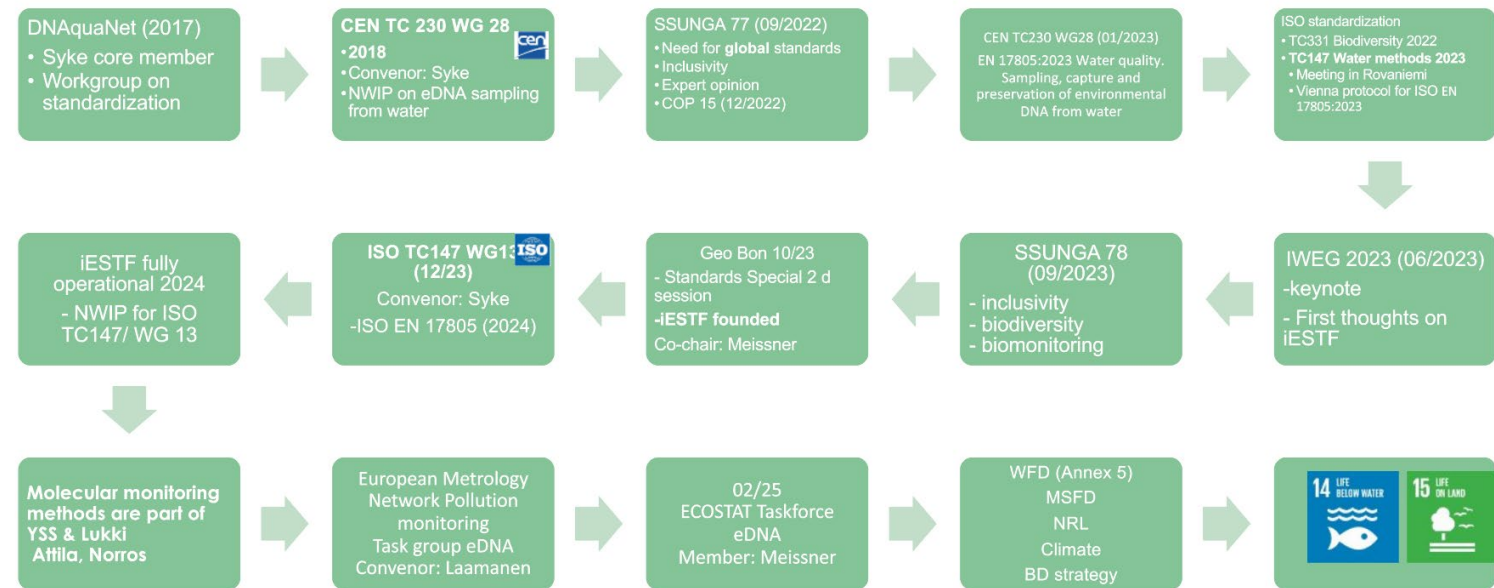
à Neue Klassengrenzen entsprechen Referenz (klassisch bestimmt) Klassengrenzen

(Macher et al. in 2025)



Suomen ympäristökeskus
Finlands miljöcentral
Finnish Environment Institute

Menetelmän hyväksyminen – pitkä prosessi lähestyy maalia



- Uudet menetelmät ("remote sensing and other innovative techniques") tulevat uudistettuun VPD:n liitteeseen 5
- ECOSTATin eDNA-työryhmä koordinoi laajoja pilotteja pohjaeläinten metaviivakoodauksen osalta 2026 eri jäsenvaltioissa, myös työpajoja tulossa
- Euroopan ympäristökeskus EEA keskeinen uusien menetelmien jalkauttamisessa – eDNA mukana EEA:n uudessa strategiassa



Kristian Meissner

Akvaattisten (e)DNA-menetelmien standardointi etenee: ISO TC147 WG13



Kristian Meissner



1. **ISO EN 17805:2023 Sampling, capture and preservation of environmental DNA from water** M-T Werner (D)
2. **ISO/NP 25806 Water quality - Guidance on field and laboratory procedures for aquatic macroinvertebrate sample preservation for DNA based analyses.** F Leese, (D)
3. **ISO/NP 25807 Water quality - Guidance on laboratory procedures mechanical homogenization and DNA extraction of aquatic macroinvertebrate samples.** M-T Werner (D)
4. **FprEN 13946:2025 Water quality — Guidance standard for the routine sampling and preparation of benthic diatoms from rivers and lakes** M Kelly (UK)
5. **ISO/PWI 25605 Water quality - General principles for quality assurance of molecular- biological examination for environmental DNA** S Heeman (NL)
6. **Extraction of aquatic environmental DNA (eDNA) from filters** C Abbott (CAN)
7. **Target species detection** K Klymus (USA)
8. **Metabarcoding to survey biological communities** M Hajibabaei (CAN), Leese (D)
9. **DNA extraction for diatoms metabarcoding** B Paix, F Rimet (Fr)



Esimerkkejä tutkimusprojekteista



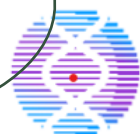
Kohti VPD-
käyttöönottoa

eDNA & kaukokartoitus

 BSGSESSION

Observation of Ecosystem Changes for
Action

eDNA-
tiedosta FAIR



Mitä eDNA (maaperä, ilma, lahopuu,
vesi) kertoo luontotyyppien tilasta?
• Näytteenotto luontotyyppikartoitusten
yhteydessä
Kalaston seuranta eDNA-
metaviivakoodauksella (Luke)



PRIODIVERSITY LIFE

eDNAqua-Plan

Next generation of aquatic biodiversity monitoring

+ Uusi **Luontotietoinfra**-hanke 4 M € (Syke + Luke) 2026-2027

- Vesistöjen ja suometsävaluma-alueiden tila (e)DNA:n perusteella (vrt. Macher ym. 2025)
- DNA-pohjaisen tiedon hallinta: INSDC-sekvenssitetokannat, GBIF, Laji.fi, Luontotieto, ympäristöhallinnon järjestelmät



In prep: Miten eDNA-menetelmät vastaavat tarpeisiin?

Policy need



Knowledge gap



Feasibility



Priority

Comprehensive state of BD (species)

State of ecosystems

Long and short-term trends

Small freshwater habitats

Arthropods & other invertebrates

Fungi and lichens

Terrestrial habitat types

High TRL of metabarcoding methods

Cost-efficient community data collection

Possibilities of taxon-free indicators

eDNA metabarcoding of macroinvertebrates and diatoms (COI, rbcL, 18S)

Water eDNA for microbes/phytoplankton and fish (18S, 16S, 12S)

Soil eDNA for fungi, bacteria, invertebrates (ITS, 16S, COI)

Dead wood eDNA for fungi (ITS)

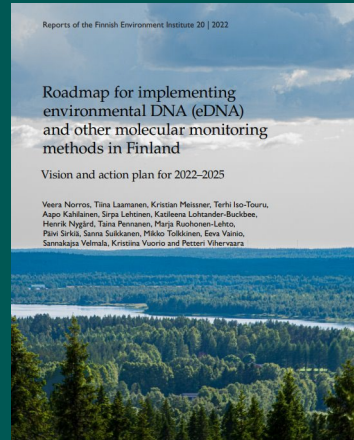
Malaise trap arthropod metabarcoding (COI)

Airborne eDNA for fungi, bacteria, plants (ITS, 16S, rbcL)

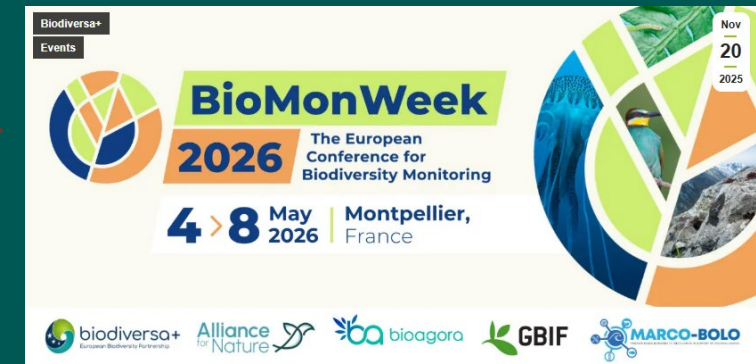


Ympäristöministeriö
Miljöministeriet
Ministry of the Environment

Kiitos!



eDNA-tiekartan kirjoittajat:
Tiina Laamanen, Kristian Meissner, Terhi Iso-Touru, Aapo Kahilainen, Sirpa Lehtinen, Katileena Lohtander-Buckbee, Henrik Nygård, Taina Pennanen, Marja Ruuhonen-Lehto, Päivi Sirkiä, Sanna Suikkanen, Mikko Tolkkinen, Eeva Vainio, Sannakajsa Velmala, Kristiina Vuorio ja Petteri Vihervaara



<https://www.biomonweek.eu/>

<https://www.luontotieto.fi>

