



Satelliitpiltide ühildamine fütoplanktoni bioloogiliste näitajatega

Magistritöö

Üliõpilane: Lola Link

Üliõpilaskood: 241915LARM

Juhendaja: Sirje Sildever, TalTech meresüsteemide instituut, nooremprofessor

Kaasjuhendaja: Age Aavaste, TalTech meresüsteemide instituut, doktorant-nooremteadur

Õppekava: Maa süsteemid ja geotehnoloogia

Tallinn 2026

Autorideklaratsioon

Kinnitan, et olen koostanud antud lõputöö iseseisvalt ning seda ei ole kellegi teise poolt varem kaitsmisele esitatud. Kõik töö koostamisel kasutatud teiste autorite tööd, olulised seisukohad, kirjandusallikatest ja mujalt pärinevad andmed on töös viidatud.

Autor: Lola Link

25.05.2026

Töö vastab magistritööle esitatavatele nõuetele.

Juhendajad: Age Aavaste ja Sirje Sildever

25.05.2026

Sisukord

Annotatsioon	4
Abstract	5
Kasutatud lühendite loetelu	6
1. Sissejuhatus	8
2. Kirjanduse ülevaade	9
2.1. Fütoplankton	9
2.1.1. Fütoplanktoni roll mereökosüsteemides ja seirevajadus	10
2.1.2. Fütoplankton Läänemeres	11
2.2. Keskkonna DNA ja RNA kasutamine fütoplanktoni seires	12
2.2.1. Keskkonna DNA	13
2.2.2. Keskkonna RNA	14
2.2.3. Keskkonna DNA ja RNA piirangud	15
2.3. Satelliitkaugseire fütoplanktoni seires	15
2.3.1. Läänemere fütoplanktoni pigmendid ja optilised parameetrid	17
2.3.2. Sentinel-3 satelliidiid ja OLCI sensor	19
2.3.3. Satelliitkaugseire piirangud	20
2.4. eDNA/eRNA ja satelliitkaugseire ühildamine	21
3. Uuringuala tutvustus	23
4. Andmed ja meetodid	24
4.1. Veeproovide kogumine	24
4.1.1. Keskkonna DNA ja RNA	24
4.2. Satelliitpiltide eeltöötlus ja analüüs	25
4.2.1. Algoritmide rakendamine	28
4.3. Andmeanalüüs ja tulemuste visualiseerimine	30
5. Tulemused	32
5.1. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega	33
5.2. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus	34
5.3. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ± 1 päevaga	35
6. Arutelu ja järeldused	37
6.1. Bioloogia andmete seosed satelliidiandmetega	37
6.2. Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus	39
6.3. Proovivõtu kuupäeva ja ± 1 päeva võrdlus	40
6.4. Ühildatud meetodi piirangud ja edasiarendused	41
Kokkuvõte	44
Tänuavaldused	45
Kirjanduse loetelu	46
Lisa 1. Fütoplanktoni liikide tuvastamiseks kasutatud meetodid	61

Lisa 2. Veeproovide metaandmed	62
Lisa 3. SNAP programmis läbiviidud eeltöötlus	66
Lisa 4. Näide sobivast ja ebasobivast satelliitpildist	67
Lisa 5. Näide sobivast ja ebasobivast spektraalkõverast	68
Lisa 6. Analüüsitud proovivõtukuupäevad	69
Lisa 7. Sobivad proovivõtukuupäevad	73
Lisa 8. Sentinel-3 OLCI andmetel testitavad spektraalsed algoritmid fütoplanktoni koosseisu ja õitsengute iseloomustamiseks	77
Lisa 9. Algoritmide ja bioloogia andmete korrelatsioonid	83
Lisa 10. Algoritmide korrelatsioon bioloogia andmetega	87
Lisa 11. Algoritmide korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel 3A ja Sentinel 3B võrdlus	91
Lisa 12. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ± 1 päevaga	96
Lisa 13. Fütoplanktoni spektraalkõverate ja red-edge piirkonna muutuste näited	101

Annotatsioon

Magistritöö käsitleb satelliitkaugseire ning bioloogiliste näitajate andmete ühildamise võimalusi fütoplanktoni seires. Töö keskendub Läänemere optiliselt keerukatele vetele, kus fütoplanktoni, lahustunud orgaanilise aine ja heljumi koosmõju raskendab satelliitandmete tõlgendamist. Eesmärk oli selgitada, kuidas Sentinel-3 OLCI (ingl *Ocean and Land Colour Instrument*) spektraalsetel andmetel põhinevad algoritmid korreleeruvad molekulaarsete näitajatega, fütoplanktoni biomassi, arvukuse ja klorofüll *a* sisaldusega.

Uuring põhines aastatel 2020–2023 Soome lahest kogutud veeproovidel ning proovivõtuaegadele ajaliselt lähimatel Sentinel-3A ja Sentinel-3B satelliitpiltidel. Bioloogiliste andmetena kasutasin mikroskoopial põhinevaid näitajaid, klorofüll *a* andmeid ning 16S ja 18S ribosomaalse RNA (rRNA) markeritel põhinevaid keskkonna DNA (eDNA) ja keskkonna RNA (eRNA) andmeid. Satelliidiandmetest rakendasin biomassi-, tsüanobakteri- ja spektraalkuju algoritme ning hindasin nende seoseid bioloogiliste näitajatega korrelatsioonanalüüsi abil.

Analüüs näitas, et satelliidipõhiste algoritmide tulemused olid kõige paremini seotud klorofüll *a* ning mikroskoopial põhinevate biomassi- ja arvukusnäitajatega. Tsüanobakterite puhul eristusid 620 nm piirkonnaga seotud algoritmid, mis on seotud fükotsüaniini optilise signaaliga. Seoseid ilmnis ka eDNA ja eRNA põhiste näitajatega, kuid neid oli vähem ning need olid üldiselt nõrgemad ja vähem järjepidevad kui mikroskoopiliste näitajate ja klorofüll *a* puhul. Tulemused viitavad, et Sentinel-3 OLCI andmeid oleks võimalik kasutada fütoplanktoni üldise biomassi ja optiliselt väljenduvate muutuste hindamiseks, kuid molekulaarsete andmete tõlgendamisel koos satelliidiandmetega tuleb arvestada meetodite erineva ruumilise, ajalise ja vertikaalse representatiivsusega.

Matching satellite imagery with biological indicators of phytoplankton

Abstract

This master's thesis examines the possibilities of integrating satellite remote sensing data with biological indicators for phytoplankton monitoring. The study focuses on the optically complex waters of the Baltic Sea, where the combined effects of phytoplankton, dissolved organic matter, and suspended matter complicate the interpretation of satellite data. The aim was to determine the extent to which algorithms based on spectral data acquired by the Sentinel-3 OLCI (Ocean and Land Colour Instrument) correlate with molecular indicators, phytoplankton biomass and abundance, and chlorophyll *a* concentration.

The study was based on water samples collected from the Gulf of Finland between 2020 and 2023, together with Sentinel-3A and Sentinel-3B satellite images acquired as close as possible in time to the sampling events. The biological data included microscopy-based indicators, chlorophyll *a* data, and environmental DNA (eDNA) and environmental RNA (eRNA) data based on 16S and 18S ribosomal RNA (rRNA) markers. From the satellite data, I applied biomass, cyanobacterial, and spectral-shape algorithms and evaluated their relationships with the biological indicators using correlation analysis.

The analysis showed that the results of satellite-based algorithms were most strongly associated with chlorophyll *a* and microscopy-based biomass and abundance indicators. In the case of cyanobacteria, algorithms associated with the 620 nm spectral region were particularly prominent, reflecting the optical signal of phycocyanin. Relationships were also observed with eDNA- and eRNA-based indicators; however, these were fewer in number and generally weaker and less consistent than those observed for microscopy-based indicators and chlorophyll *a*. The results suggest that Sentinel-3 OLCI data could be used to assess overall phytoplankton biomass and optically detectable changes. However, when interpreting molecular data alongside satellite data, the differing spatial, temporal, and vertical representativeness of the methods must be taken into account.

Kasutatud lühendite loetelu

AOP - ingl *Apparent Optical Properties*, tuletatud optilised omadused

BOA - ingl *Bottom of Atmosphere*, atmosfääri alune

CDOM - ingl *Coloured Dissolved Organic Matter*, värvunud lahustunud orgaaniline aine

CDSE - ingl *Copernicus Data Space Ecosystem*

cDNA - ingl *complementary DNA*, komplementaarne DNA

DNA - desoksüribonukleiinhape

DNaas - desoksüribonukleaaas

eDNA - ingl *environmental DNA*, keskkonna DNA

eRNA - ingl *environmental RNA*, keskkonna RNA

ESA - ingl *European Space Agency*, Euroopa Kosmose Agentuur

GPT - ingl *Graph Processing Tool*

HAB - ingl *harmful algal blooms*, kahjulikud vetikaõitsengud

HELCOM - Helsingi komisjon

IOP - ingl *Inherent Optical Properties*, esmased optilised omadused

MERIS - ingl *Medium Resolution Imaging Spectrometer*

MWR - ingl *Microwave Radiometer*

NCBI - ingl *National Center for Biotechnology Information*

ND-indeksid - normaliseeritud spektraalkuju indeksid

NIR - ingl *near-infrared* ehk lähis-infrapunane spektriirkond

OAA - optiliselt aktiivsed ained

OLCI - ingl *Ocean and Land Colour Instrument*

PCR - polümeraasi ahelreaktsioon

RGB komposiitpilt - ingl *red, green and blue* ehk punase, rohelse ja sinise spektriirkonna kanalite abil loodud visuaal

RNA - ribonukleiinhape

RNAasid - ribonukleas

rRNA - ribosomaalne RNA

$R_{rs}(\lambda)$ - ingl *remote sensing reflectance*, veest lahkuva kiirguse spektraalne peegeldustegur

SLSTR - ingl *Sea and Land Surface Temperature Radiometer*

SNAP - ingl *Sentinel Application Platform*

SRAL - ingl *Synthetic Aperture Radar Altimeter*

TAE - tris-atsetaat-etüleendiamiintetraädikhappe

TOA - ingl *Top of Atmosphere*, atmosfääri ülapiir

1. Sissejuhatus

Fütoplankton on mereökosüsteemide oluline osa, millel on keskne roll ainerings, orgaanilise aine ja hapniku tootmises ning toiduahelate toimimises (Reynolds, 2006; Simon jt, 2008; Winder ja Sommer, 2012). Fütoplanktoni koosluste muutused mõjutavad vee kvaliteeti ning võivad põhjustada ulatuslikke vetikaõitsenguid, sealhulgas toksiliste tsüanobakterite vohamist (Anderson jt, 2002; Berdalet jt, 2015; Olofsson jt, 2020). Läänemeres suurendavad eutrofeerumine ja kliimamuutused õitsengute riski, mistõttu on fütoplanktoni seire oluline ökosüsteemi seisundi hindamisel (HELCOM, 2024; Hjerne jt, 2019; Wasmund jt, 2019).

Traditsioonilised seiremeetodid, näiteks mikroskoopiline analüüs, võimaldavad täpset taksonoomilist määramist, kuid on ajamahukad ja piiratud katvusega (Littlefair jt, 2022; Veilleux jt, 2021). Viimastel aastatel on fütoplanktoni uurimisel üha enam kasutatud molekulaarseid meetodeid, sealhulgas keskkonna DNA (eDNA) ja keskkonna RNA (eRNA) analüüsi (Littlefair jt, 2022; Sildever jt, 2021; Veilleux jt, 2021). Need võimaldavad tuvastada veeproovis esinevaid organisme ja hinnata koosluse liigirikkust geneetilise materjali põhjal, sealhulgas madala arvukusega või morfoloogiliselt raskesti eristatavate liikide korral (Giroux jt, 2022; Veilleux jt, 2021). Kui eDNA võib sisaldada ka varem keskkonda sattunud või veemassidega transporditud geneetilist materjali, siis eRNA võib oma väiksema stabiilsuse tõttu anda ajaliselt värskema ja potentsiaalselt aktiivsema bioloogilise signaali (Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022; Zhang jt, 2024). Samal ajal võimaldab satelliitkaugseire jälgida veekogude optilisi omadusi ning hinnata fütoplanktoni biomassi ja õitsengute ruumilist levikut ulatuslikel aladel (Groom jt, 2019; Mouw jt, 2017; Nair jt, 2008). Sentinel-3 OLCI (ingl *Ocean and Land Colour Instrument*) sensor ja erinevad spektraalindeksid, näiteks MCI (ingl *Maximum Chlorophyll Index*), FLH (ingl *Fluorescence Line Height*), GRI (ingl *Green-Red Index*) ning lainepikkuste suhtel põhinevad algoritmid, võimaldavad hinnata fütoplanktoni hulka ja õitsengute intensiivsust satelliitandmete põhjal (Gower jt, 2005; 2008; Toming jt, 2017; Wynne jt, 2008). Samas sõltub algoritmide toimivus tugevalt veekogu optilistest omadustest ja fütoplanktoni koosseisust, mistõttu vajavad need piirkondlikku valideerimist (Mouw jt, 2015; Ogashawara, 2019; Simis jt, 2017).

Kuigi nii molekulaarseid meetodeid kui ka satelliitkaugseiret kasutatakse fütoplanktoni uurimisel üha enam, on nende ühildamine siiski vähem uuritud (Chavez jt, 2021; Hourany jt, 2024; Kaneko jt, 2023; Marchese jt, 2026). Nende andmestike ühendamise võib aidata selgitada, kuidas fütoplanktoni koosluste muutused kajastuvad kaugseire optilises signaalis.

Magistritöö eesmärk on uurida Sentinel-3 OLCI satelliidiandmetele rakendatud spektraalalgoritmide ja klorofüll *a* hinnangute seoseid fütoplanktoni bioloogiliste näitajatega, kasutades selleks mikroskoopia, eDNA ja eRNA andmeid. Töös hindan erinevate kaugseire algoritmide korrelatsioone fütoplanktoni biomassi, arvukuse ning valitud taksonoomiliste rühmadega. Lisaks võrdlen Sentinel-3A ja Sentinel-3B satelliitide tulemusi ning analüüsin proovivõtu kuupäeva ja satelliidivaatluste ajalise nihke mõju saadud seostele. Töö eesmärk on veel selgitada, millistel algoritmidel on potentsiaal kirjeldada fütoplanktoni liigirikkust, aktiivsust, arvukust ja biomassi ning kuivõrd on eDNA ja eRNA andmed seostatavad satelliitkaugseirest saadud optilise signaaliga Läänemere tingimustes.

2. Kirjanduse ülevaade

2.1. Fütoplankton

Fütoplankton hõlmab fotosünteesivaid mikroorganisme, kes elavad erinevates veekogudes ning toetavad veeökosüsteemide toimimist esmase produktsiooni läbiviijatena (Field jt, 1998; Reynolds, 2006; Simon jt, 2008). Fütoplanktoni hulka kuuluvad nii prokarüootsed organismid, näiteks tsüanobakterid (Cyanobacteria), kui ka mitmesugused eukarüootsed mikrovetikad, sealhulgas ränivetikad (Bacillariophyceae), dinoflagellaadid (Dinoflagellata) ja krüptofüüdid (Cryptophyta) (Hällfors, 2004; Simon jt, 2008). Fütoplankton hõljub vees ja kandub edasi peamiselt vee liikumisega, kuigi mõnel rühmal on ujuvust või vertikaalset liikumist reguleerivad mehhanismid, mis võimaldavad neil püsida fotosünteesiks soodsas valgusküllases ülemises veekihi (Reynolds, 2006; Simon jt, 2008; Verlenar ja Desai, 2004). Fütoplanktoni suurus ulatub mõnest mikromeetrist kuni paari millimeetrini ning nad esinevad nii üksikrakkudena kui ka kolooniate ja ahelatena (Reynolds, 2006; Simon jt, 2008; Verlenar ja Desai, 2004).

Fütoplanktoni kooslused on taksonoomiliselt ja ökoloogiliselt äärmiselt mitmekesised ning nende struktuur ja dünaamika peegeldavad keskkonnatingimusi veekogus (Reynolds, 2006). Olulisemad mõjutegurid on valgusrežiim, toitainete (eelkõige fosfori ja lämmastiku) kättesaadavus, vee temperatuur, veekogu sügavus ning veemassi segunemise ja kihistumise iseloom (Anderson jt, 2002; Forsblom jt, 2019; Reynolds, 2006; Simon jt, 2008). Seetõttu on fütoplankton laialdaselt kasutatav bioindikaator veekogude ökoloogilise seisundi hindamisel, kuna muutused fütoplanktoni koosseisus ja biomassis annavad märku keskkonnatingimuste muutumisest (HELCOM, 2024; Jaanus, 2011; Suikkanen jt, 2013).

Fütoplanktoni kasv ja sesoonne dünaamika tuleneb mitme keskkonnateguri koosmõjust. Valgus on fotosünteesi eelduseks ning selle kättesaadavus määrab otseselt fütoplanktoni kasvu ja selle intensiivsuse (Kirk, 2011; Reynolds, 2006). Toitainete olemasolu määrab, kas fotosünteesis toodetud energia saab realiseeruda raku jagunemises ja biomassi suurenemises, samas kui temperatuur mõjutab ainevahetuse ja kasvu kiirust (Jaanus, 2011; Reynolds, 2006). Madalatel temperatuuridel on kasv aeglane isegi piisava valguse korral, soojemates tingimustes suureneb kasvukiirus ning tekivad eeldused kõrge biomassi kujunemiseks (Jaanus, 2011; Reynolds, 2006). Oluline roll fütoplanktoni dünaamika kujunemisel on ka vee liikumisel, sealhulgas segunemisel, turbulentsil ja kihistumisel, mis määrab valguse ja toitainete jaotumise veesambas (Huisman jt, 1999; Reynolds, 2006). Kihistumine võib soodustada fütoplanktoni püsimist valgusküllases ülemises veekihi, kuid toitained võivad seal kiiresti ammenduda, mis põhjustab kasvu aeglustumist ja liikide vahetumist (Reynolds, 2006; Yoshiyama jt, 2009). Tugevam segunemine toob sügavamatest kihtidest toitaineid ülemistesse veekihtidesse, kuid vähendab valguse kättesaadavust, kuna rakud liiguvad segunemise tõttu pinnakihi ja sügavamate, valgusevaesemate kihtide vahel, soosides liike, kes taluvad ka vähesemat valgust (Reynolds, 2006; Yoshiyama jt, 2009).

Soodsates tingimustes võib fütoplanktoni kiire kasv viia õitsenguteni, mille käigus suureneb rakkude arvukus sedavõrd, et vesi muutub nähtavalt värviliseks. Sellised õitsengud võivad põhjustada

hapnikupuudust ning avaldada negatiivset mõju veeorganismidele ja veekogude kasutamisele, eriti juhul, kui domineerivad toksilisi ühendeid tootvad liigid (Anderson jt, 2002; Berdalet jt, 2015; Olofsson jt, 2020). Parasvöötme meredes on iseloomulik kevadine fütoplanktoni õitseng, mille teke on seotud talvise sügava veesamba segunemise ja sellele järgneva veekihi kihistumisega (Sverdrup, 1953). Talvine segunemine tõstab toitained pinnakihtidesse, samas kui kevadine kihistumine võimaldab fütoplanktonil püsida valgusküllases eufotilises kihis, kus valguse ja toitainete samaaegne kättesaadavus loob tingimused kiireks biomassi kasvuks (Sverdrup, 1953). Ranniku- ja estuaarsetes ökosüsteemides, sealhulgas Läänemeres, on sesoonne dünaamika aga palju mitmekesisem ning tugevamalt mõjutatud kohalikest tingimustest nagu hüdrograafia, toitainete kättesaadavus, bioloogilised interaktsioonid, jõgede sissevoolu mõju ja inimtegevus (Cloern ja Jassby, 2009; Hjerne jt, 2019).

2.1.1. Fütoplanktoni roll mereökosüsteemides ja seirevajadus

Fütoplankton moodustab alla ühe protsendi Maa kogu fotosünteesivast biomassist, kuid vastutab ligikaudu poole globaalse esmase produktsiooni eest, mistõttu on selle roll biosfääris märkimisväärselt suur (Field jt, 1998). Mereökosüsteemides on fütoplankton peamine orgaanilise aine ja energia allikas, moodustades toiduvõrgustike aluse ning tagades energia ülekande zooplanktonile ja sealt edasi kõrgematele troofilistele tasemetele, sealhulgas kaladele, merelindudele ja mereimetajatele (Cloern ja Jassby, 2009; Hjerne jt, 2019; Winder ja Sommer, 2012). Seetõttu määravad fütoplanktoni biomassi suurus, liigiline koosseis ja sesoonne dünaamika suurel määral kogu ökosüsteemi tootlikkuse ja struktuuri (Field jt, 1998; Reynolds, 2006; Winder ja Sommer, 2012).

Lisaks troofilisele rollile on fütoplanktonil keskne tähtsus globaalsetes biogeokeemilistes aineringetes (Simon jt, 2008; Winder ja Sommer, 2012). Fotosünteesi käigus seob fütoplankton vees lahustunud anorgaanilist süsinikku ning toodab hapnikku, mõjutades seeläbi nii süsinikuringet kui ka kliimasüsteemi (Reynolds, 2006). Osa fütoplanktoni poolt seotud süsinikust eksporditakse orgaanilise ainega sügavamatesse veekihtidesse, kus see võib olla atmosfääriga kokkupuutest eraldatud aastakümneteks kuni sajanditeks (Boyd jt, 2019). Seega võivad fütoplanktoni produktsiooni ja koosluste muutused mõjutada nii mereökosüsteemide toimimist kui ka ookeani rolli globaalses süsinikuringes ja kliimasüsteemis (Boyd jt, 2019; Winder ja Sommer, 2012).

Nagu eelnevalt ka mainitud on fütoplanktoni kasv, arvukus ja liigiline koosseis tugevalt seotud keskkonnatingimustega. Füüsikalised tegurid (temperatuur, valgus ning veemassi liikumine) ja ka keemilised tegurid (peamiselt toitainete kättesaadavus), määravad fütoplanktoni rakkude arvukuse ja koosluse struktuuri (Jaanus, 2011; Reynolds, 2006; Suikkanen jt, 2013). Antropogeensed mõjud, sealhulgas eutrofeerumine ja kliimamuutus, võivad neid seoseid oluliselt muuta, soodustades oportunistlike ja potentsiaalselt kahjulike liikide levikut ning muutes ökosüsteemi energiavooge ja aineringet (Jaanus, 2011; Suikkanen jt, 2013; Winder ja Sommer, 2012). Kuna muutused fütoplanktoni struktuuris kajastuvad sageli kiiresti ning võivad anda varajasi hoiatussignaale ökosüsteemi seisundi

halvenemisest, siis on fütoplankton laialdaselt kasutusel kui merekeskkonna seisundi indikaator (HELCOM, 2024; Jaanus, 2011).

Fütoplanktoni kiire reageerimine keskkonnamuutustele muudab selle ühtlasi oluliseks bioindikaatoriks, kuid samas toob esile ka tema seirevajaduse. Eriti rannikualadel võib suurenenud toitainete sissevool viia massiliste õitsenguteni, sealhulgas toksilisi ühendeid tootvate liikide arvukuse tõusuni, mida nimetatakse kahjulikeks vetikaõitsenguteks (ingl *harmful algal blooms*, HAB) (Anderson jt, 2002; Berdalet jt, 2015; Heisler jt, 2008; Lan jt, 2024). Veekvaliteedi halvenemine toitainetereostuse tõttu soodustab kahjulike vetikaõitsengute teket ja püsimist ning on üks peamisi põhjuseid nende leviku laienemisel kogu maailmas (Anderson jt, 2002; Heisler jt, 2008). Sellised sündmused võivad avaldada negatiivset mõju kalandusele, vesiviljelusele ja inimestervisele, kuna biotoksiinid akumulereuvad toiduahelas (Anderson jt, 2002; Berdalet jt, 2015; Heisler jt, 2008; Lan jt, 2024).

Fütoplanktoni seire hõlmab tavaliselt liigilise koosseisu määramist, rakkude arvukuse ja biomassi hindamist (näiteks klorofüll *a* kontsentratsiooni kaudu) (HELCOM, 2024; Jaanus, 2011). Tõhus ja usaldusväärne seire eeldab standardiseeritud proovivõtu- ja analüüsimeetodite kasutamist ning piisavat ajalist ja ruumilist katvust, et eristada looduslikku sesoonset ja aastavahelist varieeruvust inimtekkelistest muutustest (HELCOM, 2024). Süsteemne fütoplanktoni seire on seetõttu oluline osa kaasaegsest merekeskkonna seirest, mis toetab teaduspõhiseid otsuseid mereökosüsteemide kaitseks ja kestlikuks kasutamiseks (Keskkonnaministeerium, 2020).

2.1.2. Fütoplankton Läänemeres

Läänemeri on ökoloogiliselt ainulaadne poolsuletud meri, mida iseloomustavad madal soolsus, piiratud veevahetus ookeaniga ning tugevad horisontaalsed ja vertikaalsed keskkonnagradiendid (HELCOM, 2023; Ojaveer jt, 2010). Nende tingimuste koosmõjul kujuneb Läänemeres eripärane elustik, kus esinevad kõrvuti nii mere- kui ka mageveeliigid (Ojaveer jt, 2010). Läänemeres on kirjeldatud umbes 2000 fütoplanktoni liiki (Hällfors, 2004), kuid nende levik, arvukus ja koosluste struktuur varieeruvad piirkonniti ja ajaliselt (Canuti ja Penna, 2024; Jaanus, 2011; Ojaveer jt, 2010). Eriti oluline on tegur soolsus, kuna Läänemere tugev põhja–lõunasuunaline ja ranniku- ja avamerealade vaheline soolsusgradient põhjustab olukorra, kus erinevates Läänemere piirkondades on välja kujunenud selgelt eristuvad fütoplanktoni kooslused (Ammar jt, 2021; Jaanus, 2011).

Läänemere fütoplanktoni sesoonne muutlikkus on selgelt eristatav. Kevadist õitsengut domineerivad tavaliselt ränivetikad ja dinoflagellaadid, mille omavaheline proportsioon sõltub eelkõige hüdrograafilistest tingimustest ning talvistest jääoludest (Hjerne jt, 2019; Klais jt, 2011; Spilling jt, 2018). Suveperioodil suureneb tsüanobakterite osakaal, eriti lämmastikku siduvate liikide puhul, mis võivad soodsate tingimuste korral moodustada ulatuslikke õitsenguid (Gasiünaité jt, 2005; Olofsson jt, 2020). Sellised õitsengud mõjutavad oluliselt toitainete ringlust, orgaanilise aine settimist ning

hapnikutingimusi põhjalähedastes veekihtides ning võivad avaldada negatiivset mõju nii vee-elustikule kui ka inimestele (Karjalainen jt, 2007; Olofsson jt, 2020; Simon jt, 2008).

Fütoplanktoni biomassi ja liigikoosseisu pikaajalised muutused on mitmes Läänemere piirkonnas seotud nii eutrofeerumise kui ka kliimatingimuste muutumisega (Andersson jt, 2015; Griffiths jt, 2020; Hjerne jt, 2019; Jaanus, 2011; Olli jt, 2011; Suikkanen jt, 2013). Muutusi kujundavad peamiselt keskkonnategurid, nagu vee temperatuur, toitainete kättesaadavus, soolsus ja veesamba kihistumine, mis mõjutavad fütoplanktoni kasvu, liigilist koosseisu ning hooajalist dünaamikat (Forsblom jt, 2019; Gasiūnaitė jt, 2005; Hjerne jt, 2019; Klais jt, 2011; Suikkanen jt, 2013). Pikaajalistes trendides on täheldatud ka muutusi funktsionaalsete rühmade koosseisus, sealhulgas ränivetikate osakaalu vähenemist ning dinoflagellaatide (Wasmund jt, 2011) ja tsüanobakterite (Suikkanen jt, 2013) suurenemist, mis viitab ökosüsteemi struktuursetele nihetele. Läänemere suure loodusliku varieeruvuse tõttu eeldab nende trendide eristamine pikaajalist ja meetoodiliselt ühtset seiret, mis toetab ka eutrofeerumise ja ökosüsteemi seisundi hindamist (Griffiths jt, 2020; HELCOM, 2024; Jaanus, 2011; Olli jt, 2011).

Kliimamuutuse mõjul on täheldatud ka olulisi nihkeid fütoplanktoni fenoloogias (Hjerne jt, 2019; Olli, 2026; Spilling jt, 2018; Wasmund jt, 2019). Läänemere lääneosas läbiviidud pikaajalised uuringud näitavad, et fütoplanktoni kasvuperiood on viimastel aastakümnetel märkimisväärselt pikenenud, ulatudes enam kui 120 päeva võrra varasemast pikemaks (Wasmund jt, 2019). Kasvuperioodi pikenedamine on seotud nii kevadise õitsengu varasema alguse kui ka sügisese õitsengu hilisema lõppemisega, mis on omakorda seotud veetemperatuuri ja päikesekiirguse muutustega (Hjerne jt, 2019; Olli, 2026; Wasmund jt, 2019). Sellised fenoloogilised nihked võivad põhjustada ebakõlasid primaartootjate ja tarbijate vahel ning omada pikaajalist mõju kogu Läänemere ökosüsteemi toimimisele (Hjerne jt, 2019; Olli, 2026; Suikkanen jt, 2013).

2.2. Keskkonna DNA ja RNA kasutamine fütoplanktoni seires

Keskkonnas leiduvatel nukleiinhapetel põhinevad meetodid on viimastel aastatel kujunenud oluliseks meetodiks veekogude, sealhulgas ka mereökosüsteemide fütoplanktoni koosluste seires (Penna ja Galluzzi, 2012; Veilleux jt, 2021). Traditsioonilised bioloogilise seire meetodid tuginevad valdavalt organismide otsesele kogumisele ja morfoloogilisele määramisele, mis on ajamahukas, kulukas ning sageli ka invasiivne (Closek jt, 2025; Ruppert jt, 2019; Veilleux jt, 2021). Lisaks ei võimalda need meetodid alati tuvastada madala arvukusega, ajutiselt esinevaid või morfoloogiliselt raskesti eristatavaid liike (Closek jt, 2025; Esenkulova jt, 2020). Nende piirangute tõttu on üha enam hakatud rakendama keskkonna nukleiinhapetel põhinevaid meetodeid – keskkonna DNA (eDNA) ja keskkonna RNA (eRNA), mis võimaldavad mitteinvasiivset ja suure tundlikkusega bioloogilist seiret veekeskkondades (Sildever jt, 2021; Veilleux jt, 2021).

2.2.1. Keskkonna DNA

Keskkonna DNA all mõistetakse keskkonnas leiduvat geneetilist materjali, mis võib pärineda nii metaboolselt aktiivsetest kui ka mitteaktiivsetest organismidest (Bairoliya jt, 2022; Closek jt, 2025; Veilleux jt, 2021). Traditsiooniliselt esineb see vabalt veekeskkonnas või on seotud osakeste, setete ja biokilega, kuid üherakuliste mikroorganismide puhul hõlmab see ka rakusisest DNA-d (Bairoliya jt, 2022; Closek jt, 2025). Selline lähenemine muudab eDNA-põhised meetodid eriti väärtuslikuks veeökosüsteemide seires, kus traditsioonilised proovivõtu- ja määramismeetodid võivad olla ajamahukad, kulukad või piiratud morfoloogilise eristusvõime tõttu (Closek jt, 2025; Veilleux jt, 2021). Fütoplanktoni seires pakub eDNA võimaluse tuvastada liigilist koosseisu ka olukordades, kus organismide biomass on madal või kus liigid on morfoloogiliselt raskesti eristatavad, näiteks krüptiliste liikide puhul (Esenkulova jt, 2020; Sildever jt, 2019).

Fütoplanktoni molekulaarses seires kasutatakse metatriipkoodimise meetodites valdavalt ribosomaalse RNA geene, nagu 16S (prokarüootidel), 18S ja 28S (eukarüootidel), kuna need esinevad rakkudes suure koopiite arvuga ja võimaldavad seetõttu erinevaid koosluses esinevate liikide DNA järjestusi suhteliselt lihtsalt paljundada (Esenkulova jt, 2020; Gran-Stadniczeŋko jt, 2018; Sildever jt, 2021; 2023). Samas erinevad geenid ja nende erinevad piirkonnad oma taksonoomilise eristusvõime poolest ning üksik marker ei pruugi tagada piisavat liigitasandi määramisvõimet kõigi fütoplanktoni rühmade jaoks (Bukin jt, 2023; Esenkulova jt, 2020; MacNeil jt, 2022). Mitme markeri kasutamine, mis kombineerib näiteks 18S ja 28S ribosomaalse RNA (rRNA) geenide erinevaid varieeruvaid piirkondi, suurendab tuvastatavate fütoplanktoni liikide hulka võrreldes ühe markeri kasutamisega (Esenkulova jt, 2020; MacNeil jt, 2022; Mazur-Marzec jt, 2024).

Selline meetod võimaldab paremini tuvastada fütoplanktoni peamisi rühmi, sealhulgas dinoflagellaate, ränivetikaid ja väikesed eukarüootseid vetikaid (piko- ja nanoplanktoni suurusesse kuuluvaid rühmi) ning tuvastada nii domineerivaid kui ka harvaesinevaid liike (Esenkulova jt, 2020; MacNeil jt, 2022; Mazur-Marzec jt, 2024). Uuringud on näidanud, et mitme markeri kombineerimine võimaldab avastada ka liike ja mõrgemal taksonoomilisel tasemel olevaid rühmi, mida ei ole varasemate, morfoloogial põhinevate seireprogrammide käigus registreeritud (Esenkulova jt, 2020; MacNeil jt, 2022; Mazur-Marzec jt, 2024). Lisaks liigirikkuse kirjeldamisele on eDNA-põhine seire osutunud tõhusaks fütoplanktoni koosluste hooajalise dünaamika jälgimisel (Gran-Stadniczeŋko jt, 2018). Keskkonna DNA analüüsid on näidanud selgeid sesoonseid mustreid, mis on kooskõlas pikaajaliste seireandmetega (Gran-Stadniczeŋko jt, 2018; Sildever jt, 2021). See kinnitab, et eDNA-põhine lähenemine võib kajastada looduslikke ökoloogilisi protsesse ning sobib koosluste ajalise varieeruvuse hindamiseks.

Oluline eDNA-põhise seire eelis seisneb ka toksiliste ja potentsiaalselt kahjulike fütoplanktoni liikide tuvastamises sõltumata nende morfoloogilisest eristatavusest (Esenkulova jt, 2020; Sildever jt, 2019). Metatriipkoodimise abil on registreeritud mitmeid toksiliste liikidega seotud DNA järjestusi, sealhulgas selliste liikide järjestusi, mida ei ole Läänemere piirkonnas varem kindlalt dokumenteeritud (Sildever jt, 2021). See rõhutab molekulaarsete meetodite rolli varajase hoiatuse süsteemides ning keskkonnariskide hindamisel.

Lisaks võimaldab eDNA-põhine lähenemine analüüsida erinevate planktonirühmade koosinemist ja potentsiaalseid ökoloogilisi seoseid (Djurhuus jt, 2020; Lin jt, 2024; Zamora-Teol jt, 2020). Fütoplanktoni, bakteriplanktoni ja zooplanktoni paralleelne molekulaarne analüüs loob võimaluse uurida planktilise toiduvõrgustiku struktuuri ning bioloogiliste interaktsioonide hooajalist varieeruvust (Djurhuus jt, 2020; Lin jt, 2024; Zamora-Teol jt, 2020). Koosinemis- ja võrgustikuanalüüsis ilmnenud seosed fütoplanktoni, bakteriplanktoni ja mikrozooplanktoni esindajate vahel võivad viidata potentsiaalsetele ökoloogilistele interaktsioonidele ning rõhutavad eDNA meetodite võimalusi planktonikoosluste terviklikumal käsitlemisel (Djurhuus jt, 2020; Lin jt, 2024; Sildever jt, 2021).

2.2.2. Keskkonna RNA

Keskkonna RNA on koos eDNA-ga osa keskkonnast eraldatavatest nukleiinhapetest ning kujutab endast molekulaarset pärilikkusainet, mida saab koguda keskkonnaproovidest, näiteks veest (Closek jt, 2025; Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022). Sarnaselt eDNA-le pärineb eRNA organismide rakkudest, kuid võrreldes eDNA-ga seostatakse eRNA signaali metaboolselt aktiivsete organismidega, kuna RNA molekulid on üheaheelised, vastuvõtlikud ensümaatilisele degratsioonile ja seega lagunevad kiiremini pärast raku surma (Closek jt, 2025; Littlefair jt, 2022; Zhang jt, 2024).

Tulenevalt oma lühemast säilimisest peegeldab eRNA keskkonnas ajaliselt värskeimat ja lokaalsemat bioloogilist signaali kui eDNA ja võimaldab seega täpsemalt hinnata hetkeolukorda ja aktiivselt toimivat organismikooslust (Kagzi jt, 2022; Marshall jt, 2021; Yates jt, 2021). See omadus on eriti oluline veeökosüsteemidele, sealhulgas ka fütoplanktoni seires, kus eDNA signaal võib sisaldada ka varasemast ajast pärinevat või veekogus transporditud geneetilist materjali, andes potentsiaalselt eksitava pildi koosluse tegelikust seisundist (Giroux jt, 2022; Zaiko jt, 2018; Yates jt, 2021). Seega võimaldab eRNA paremini eristada aktiivseid ja mitte aktiivseid rakke ning tuvastada metaboolselt aktiivseid kooslusi (Littlefair jt, 2022; Zhang jt, 2024). Samas kaasnevad eRNA kasutamisega mitmed metodoloogilised ja tõlgenduslikud väljakutsed. RNA madalam stabiilsus nõuab rangelt kontrollitud proovivõtu-, säilitamis- ja laboratoorseid protokolle ning eRNA töötlemine on metoodiliselt keerukam, kuna hõlmab täiendavaid etappe, nagu DNA eemaldamine ja RNA pöördtranskriptsiooni abil komplementaarse DNA järjestuse sünteesimine (Giroux jt, 2022; Zaiko jt, 2018).

See ei tähenda, et eRNA asendaks eDNA-d veeökosüsteemide bioloogilises seires, vaid täiendab seda olulisel määral. eDNA ja eRNA koos kasutamine võimaldab hinnata nii organismikoosluse liigirikkust ja struktuuri kui ka saada lisainfot hiljutisema või aktiivsema bioloogilise signaali kohta. Seetõttu võib nende meetodite kombineerimine anda veeökosüsteemide, sealhulgas fütoplanktoni seires terviklikuma ülevaate kui kummagi meetodi kasutamine eraldi (Zhang jt, 2024; Yates jt, 2021).

2.2.3. Keskkonna DNA ja RNA piirangud

Kuigi eDNA ja eRNA pakuvad võimalusi mikroskoopiliste organismide tuvastamiseks, kaasnevad nendega ka mitmed olulised piirangud. Kuna eDNA võib püsida keskkonnas pikalt ning pärineda ka metaboolselt mitteaktiivsetest organismidest, siis see võib levida veevoolu, segunemise või teiste füüsikaliste protsesside kaudu algsest päritolukohast eemale (Closek jt, 2025; Littlefair jt, 2022). Seetõttu ei pruugi eDNA alati kajastada lokaalset ja hetkel aktiivset kooslust (Giroux jt, 2022; Veilleux jt, 2021; Zaiko jt, 2018). Fütoplanktoni seires võib see raskendada aktiivse primaarproduktiooni ja ökoloogilise seisundi hindamist, mistõttu tuleks eDNA tulemusi tõlgendada koos teiste seiremeetodite ning keskkonnaandmetega (Giroux jt, 2022; Veilleux jt, 2021).

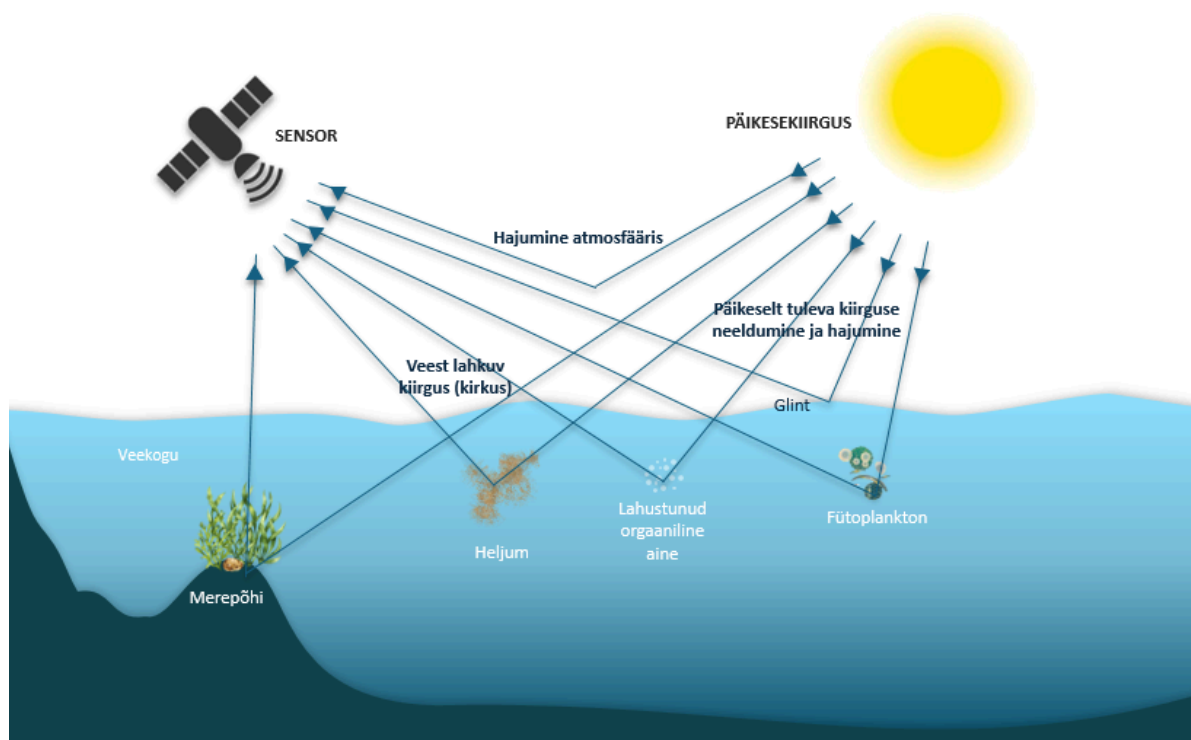
On välja toodud, et eRNA poolestusaeg on lühem kui eDNA-l, mistõttu peetakse eRNA-d ajaliselt niinimetatult värskemaks signaaliks. Nagu varasemalt mainitud, siis selle lühemat püsivust seostatakse RNA üheaahelalise struktuuri ja RNAaside laialdase esinemisega keskkonnas (Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022; Marshall jt, 2021; Zhang jt, 2024). Kuna aktiivsed rakud sünteesivad pidevalt RNA-d, siis võib eRNA paremini peegeldada metaboolselt aktiivset organismide kooslust ning aidata eristada aktiivsed bioloogilist protsessi ajaloolisest või transporditud signaalist (Littlefair jt, 2022; Marshall jt, 2021; Zhang jt, 2024). Samas muudab eRNA kiire lagunemine ja tundlikkus keskkonnatingimuste suhtes selle kogumise, säilitamise ja analüüsi tehniliselt keerukamaks ning osa liike võib jääda tuvastamata (Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022; Zhang jt, 2024).

Nii DNA kui ka RNA kvantifitseerimine keskkonnaproovidest sõltub tugevalt nukleiinhapete eraldamise efektiivsusest ning võimalikest PCR inhibiitoritest, mis võivad esineda looduslikes proovides (Closek jt, 2025; Djurhuus jt, 2017; Mäki jt, 2017). Lisaks võib ribosomaalsete geenide koopiate arv varieeruda nii liikide, tüvede kui ka kasvufaaside lõikes, mis võib mõjutada rakuarvude täpset hindamist (Yarimizu jt, 2021).

2.3. Satelliitkaugseire fütoplanktoni seires

Kaugseire on uurimismeetod, mille käigus saadakse uuritava objekti kohta teavet ilma otsese kontaktita, peamiselt elektromagnetkiirguse mõõtmise kaudu (IOCCG, 2000; Lillesand jt, 2015). Andmeid kogutakse näiteks lennukite või satelliitide pardal olevate sensorite mõõtmise abil (Joonis 1) (Groom jt, 2019; IOCCG, 2000). Kaugseires eristatakse passiivseid ja aktiivseid meetodeid. Passiivse kaugseire korral mõõdab sensor loodusliku kiirgusallika (Päikese) poolt valgustatud objektilt pärinevat signaali (Lillesand jt, 2015). Aktiivse kaugseire puhul saadab sensor ise signaali välja ning mõõdab uuritavalt objektilt tagasi hajunud või peegeldunud kiirgust (Lillesand jt, 2015). Veekaugseire on passiivse kaugseire rakendus, kus sensor registreerib veest lähtunud optilise signaali, mida kujundavad vee ja selle leiduvate ainete optilised omadused (Joonis 1) (Groom jt, 2019; IOCCG, 2000; Mouw jt, 2017). Satelliitkaugseire võimaldab fütoplanktoni ruumilise ja ajalise dünaamika jälgimist ulatuslikel merealadel ning ajaperioodidel, mis ei ole võimalik traditsiooniliste punktmõõtmistega (Brown jt, 1985; Groom jt, 2019; Mouw jt, 2017; Xi jt, 2023).

Kaugseirepõhine fütoplanktoni seire põhineb veest väljuva kiirguse spektraalsetel omadustel (Groom jt, 2019; IOCCG, 2000; Joint ja Groom, 2000). Sensor ei tuvasta fütoplanktoni rakke ega rühmi otseselt, vaid mõõdab veest väljuvat spektraalset signaali, mille kuju ja intensiivsust mõjutavad puhas vesi ja vees leiduvad optiliselt aktiivsed ained (OAA), eeskätt fütoplankton, värvunud lahustunud orgaaniline aine (ingl *Coloured Dissolved Organic Matter*, CDOM) ja heljum (ingl *Total Suspended Matter*) (IOCCG, 2000; Mouw jt, 2015). Need komponendid mõjutavad valguse neeldumist ja tagasihajumist ning seega ka veest väljuva signaali spektraalseid väärtuseid (Groom jt, 2019; IOCCG, 2000).



Joonis 1. Päikesekiirguse levik atmosfääris ja veekogus ning sensorini jõudva optilise signaali kujunemine.

Kaugseires on optiline signaal ruumiliselt keskmistatud piksli piires, mistõttu ei ole satelliidipildilt võimalik eristada üksikuid fütoplanktoni rakke (IOCCG, 2018; Joint ja Groom, 2000). Selle põhjal saab hinnata näiteks fütoplanktoni biomassi ruumilist ja ajalist muutlikkust ning õitsengute ulatust (Groom jt, 2019; Joint ja Groom, 2000). Funktsionaalsete või taksonoomiliste rühmade eristamine on võimalik vaid siis, kui nende spektraalsed tunnused on piisavalt selged ega ole teiste OAA-de poolt maskeeritud (Moisan jt, 2017; Mouw jt, 2017; Nair jt, 2008). See sõltub omakorda kasutatavast spektraalsest infost, sensori spektraalsest ja ruumilisest lahutusest ning kaugseirealgoritmidest (IOCCG, 2014; 2018; Mouw jt, 2017).

Satelliidi sensorid registreerivad atmosfääri ülapiiril olevat kiirgust (ingl *top of atmosphere*, TOA). See tähendab, et sensorini jõuab spektraalne signaal, mille kujunemisel osalevad nii atmosfääris toimuvad hajumis- ja neeldumisprotsessid kui ka veepinna peegeldus ja veest väljuv kiirgus (Groom jt, 2019;

IOCCG, 2000). Veest pärinev osa moodustab kogu mõõdetud signaalist vaid väikese osa (<10%), mistõttu on vee parameetrite hindamiseks vajalik atmosfäärikorreksioon (Groom jt, 2019; Mobley, 2022). Atmosfäärikorreksiooni käigus vähendatakse atmosfääri ja veepinna peegelduse mõju mõõdetud TOA-signaalile ning saadakse atmosfääri alumise piiri ehk BOA (ingl *bottom of atmosphere*) tasandile taandatud andmed (IOCCG, 2010; Mobley, 2022). Veekaugseires kirjeldatakse atmosfäärikorreksiooni tulemusena saadud veest väljuvat optilist signaali näiteks veest väljuva spektraalse kirkuse $L_w(\lambda)$) ja kaugseire peegeldusteguri (ingl *remote sensing reflectance* $R_{rs}(\lambda)$) abil. $R_{rs}(\lambda)$ on defineeritud veest väljuva spektraalse kirkuse ($L_w(\lambda)$) ning veepinna kohal mõõdetud allasuunatud spektraalse kiiritustiheduse (ingl *downwelling irradiance*, $E_d(\lambda)$) suhtena (Mobley, 2022):

$$R_{rs}(\lambda) = \frac{L_w(\lambda)}{E_d(\lambda)} \quad (1)$$

Kuna satelliidid ei mõõda otseselt bioloogilisi parameetreid, näiteks klorofüll a kontsentratsiooni, vaid optilist signaali, tuletatakse need $R_{rs}(\lambda)$ põhjal algoritmide abil (IOCCG, 2000; Groom jt, 2019; Mouw jt, 2015). Seetõttu sõltub saadud tulemuste usaldusväärsus nii atmosfäärikorreksiooni kvaliteedist kui ka kasutatud algoritmi sobivusest uuritava veekogu optilistele tingimustele (Mouw jt, 2015; Toming jt, 2017; Warren jt, 2019).

2.3.1. Läänemere fütoplanktoni pigmendid ja optilised parameetrid

Fütoplanktoni pigmentide ja optiliste omaduste käsitlemisel kaugseires on oluline siduda bioloogiline info, näiteks liigiline koosseis ja biomass, optiliste parameetritega, mida satelliit tegelikult mõõdab (IOCCG, 2014). Fütoplanktoni optiline mõju avaldub eeskätt pigmentide põhjustatud neeldumises ning rakkude füüsikaliste omadustega seotud hajumises (IOCCG, 2014; Mobley, 1994; 2022). Vee optilised omadused jaotatakse esmasteks (ingl *Inherent Optical Properties*, IOP) ja tuletatud optilisteks omadusteks (ingl *Apparent Optical Properties*, AOP) (Mobley, 1994; 2022; Preisendorfer, 1976). IOP-d sõltuvad veekeskonna enda koostisest ning nende hulka kuuluvad näiteks neeldumise ($a(\lambda)$) ja hajumiskoeffitsiendid ($b(\lambda)$) (IOCCG, 2006; Mobley, 1994; 2022). AOP-d sõltuvad lisaks ka valgustingimustest ning nende hulka kuulub kaugseires kasutatav $R_{rs}(\lambda)$ (Mobley, 1994; 2022).

Klorofüll a on üks enimkasutatavaid fütoplanktoni kaugseire näitajaid ning seda kasutatakse biomassi üldnäitajana (Brown jt, 1985; IOCCG, 2014; Matthews, 2011). See ei kirjelda siiski koosluse struktuuri, sest klorofüll a esineb kõigis fütoplanktoni rühmades (IOCCG, 2014). Klorofüll a neelab valgust tugevalt sinises ja punases spektriosas, ligikaudu 440 nm ja 675 nm ümbruses ning mõjutab seetõttu oluliselt veest väljuva signaali spektraalset kuju (Kirk, 2011; Mobley, 1994; 2022). Lisaks sellele avaldavad mõju ka teised eri vetikarühmades esinevad pigmendid. Näiteks klorofüll b , mis on iseloomulik rohevetikatele, neelab valgust tugevamalt umbes 470–490 nm ja 640–650 nm piirkonnas, samas kui klorofüll c , mida leidub näiteks ränivetikates ja dinoflagellaatides, mõjutab eeskätt 450 nm ja 630 nm spektriosa (IOCCG, 2014; Kirk, 2011).

Olulist rolli mängivad ka karotenoidid, mis laiendavad valguse neeldumise vahemikku peamiselt sinises ja rohekas spektri osas (IOCCG, 2014; Kirk, 2011). Ränivetikatele iseloomulik fukoksantiin mõjutab eriti 500–550 nm piirkonda, samas kui dinoflagellaatidega seostatav peridiniin annab samuti panuse sinakas-rohelise valguse neeldumisse (IOCCG, 2014; Kirk, 2011). Karotenoidide mõju on kaugseire seisukohalt oluline, sest need võivad muuta veest väljuva signaali kuju ka siis, kui klorofüll *a* kontsentratsioon jääb samaks (Bricaud jt, 1995; IOCCG, 2014). Seetõttu võivad eri taksonoomilise koosseisuga fütoplanktoni kooslused anda erineva spektraalse signaali ka sarnase biomassi korral (Bricaud jt, 1995; IOCCG, 2014).

Pigmentide mõju optilistele parameetritele ei ole siiski ühene. Bricaud jt (1995) näitasid, et klorofüll *a*-spetsiifiline neeldumine ei ole konstantne, vaid muutub koos klorofüll *a* kontsentratsiooniga. Üldjuhul väheneb see klorofüll *a* hulga suurenedes, mida seletatakse pakkimiseefektiga (ingl *package effect*): kui pigmentid on rakus tihedamalt koondunud, varjutavad nad üksteist ning ühe pigmendi massiühiku kohta neeldub vähem valgust (Mobley, 2022; Kirk, 2011; Bricaud jt, 1995). See mõju sõltub raku suurusest, kujust ja sisemisest ehitusest ning on seetõttu seotud nii fütoplanktoni taksonoomilise koosseisuga kui ka füsioloogilise seisundiga (IOCCG, 2014; Seppälä jt, 2005). Teisisõnu võivad sama klorofüll *a* sisaldusega kooslused anda erineva optilise signaali.

Läänemere avaosa suvised massõitsengud on sageli seotud filamentsete lämmastikku siduvate tsüanobakteritega (Canuti ja Penna, 2024; Cazzaniga jt, 2023; Konik jt, 2023; Riha ja Krawczyk, 2013). Tsüanobakteritele on iseloomulikud fükobiliproteiinid, sealhulgas fükotsüaniin, mille neeldumismaksimum paikneb ligikaudu 620 nm juures (Cazzaniga jt, 2023; Simis jt, 2005; Woźniak jt, 2016). Mõnel rühmal esineb ka fükoeütriin, mille neeldumine avaldub ligikaudu 560 nm piirkonnas (Staal jt, 2003). Need pigmentid neelavad valgust spektrialades, mis jäävad klorofüllide ja karotenoidide peamiste neeldumipiirkondade vahele ning võivad seetõttu anda infot tsüanobakterite tuvastamiseks (Konik jt, 2023; Simis jt, 2005; Woźniak jt, 2016). Samas sõltub nende tunnuste nähtavus tugevalt veetüübist, sest teised OAA-d ja pigmentid võivad antud signaali varjata või moonutada (Cazzaniga jt, 2023; Hieronymi jt, 2026; Kutser jt, 2018; Woźniak jt, 2016).

Morel ja Prieur (1977) eristasid optiliselt lihtsamaid *Case I* veekogusid, kus signaali kujunemist määrab eelkõige fütoplankton ning optiliselt keerukamaid *Case II* veekogusid, kus olulist rolli mängivad ka lahustunud orgaaniline aine ja heljum. Läänemeri kuulub optiliselt keerukate *Case II* vete hulka, kus OAA-d mõjutavad veest väljuvat optilist signaali samaaegselt ja sageli üksteisest sõltumatult (Darecki jt, 2003; IOCCG, 2000; Ligi jt, 2017). See tähendab, et erinevate fütoplanktoni pigmentide neeldumistunnused ei avaldu spektris isoleeritult, vaid kattuvad teiste OAA-de neeldumise ja hajumismõjudega (Darecki jt, 2003; IOCCG, 2014; Mobley, 2022). Eriti tugevalt mõjutab signaali CDOM, mis neelab valgust peamiselt sinises spektriosas, kus avaldub ka oluline osa fütoplanktoni pigmentide neeldumisest (Hieronymi jt, 2023; IOCCG, 2000; Mobley, 2022). Seetõttu on pigmentidega seotud optiliste tunnuste eristamine Läänemeres keerulisem kui näiteks puhastes ookeanivetes ning kaugseirepõhised hinnangud sõltuvad tugevalt kasutatud algoritmi sobivusest uuritava veekogu tingimustega (Darecki jt, 2003; Ligi jt, 2017; Toming jt, 2017).

2.3.2. Sentinel-3 satelliidiid ja OLCI sensor

Sentinel-3 on seiresatelliitide missioon, mille eesmärk on toetada operatiivseid ookeani- ja maismaaseire teenuseid (European Space Agency, 2025a). Missiooni opereerivad ühiselt Euroopa Kosmoseagentuur (ESA) ja Euroopa Meteoroloogiliste Satelliitide Kasutamise Organisatsioon (EUMETSAT). Sentinel-3A saadeti orbiidile 2016. aastal ja Sentinel-3B 2018. aastal. Missiooni järjepidevuse tagamiseks on kavandatud ka Sentinel-3C ja Sentinel-3D. Satelliidid tiirlevad päikesesünkroonsel peaaegu polaarsel orbiidil ligikaudu 815 km kõrgusel (European Space Agency, 2025a).

Sentinel-3 pardal on mitu eriotstarbelist instrumenti. Outiliste mõõtmiste jaoks on kasutusel kaks põhiinstrumenti OLCI ja SLSTR (ingl *Sea and Land Surface Temperature Radiometer*) (European Space Agency, 2025a). OLCI mõõdab ookeani ja maismaa spektraalseid omadusi, SLSTR mõõdab aga mere ja maismaa pinnatemperatuuri. Nende vaatlusalad kattuvad, mis võimaldab andmeid koos kasutada. Lisaks on Sentinel-3 pardal ka SRAL (Synthetic Aperture Radar Altimeter), mis mõõdab pinna topograafiat ning MWR (Microwave Radiometer), mis toetab radar-altimeetri (SRAL) andmete atmosfäärikorrektsiooni (European Space Agency, 2025a).

Töös kasutan OLCI andmeid, mis on loodud ookeani- ja maismaavärvuse seireks (EUMETSAT, 2025). OLCI sensor on Envisati pardal töötanud MERISe (ingl *Medium Resolution Imaging Spectrometer*) edasiarendus, kuid mitmete oluliste täiendustega. Võrreldes MERISega on OLCI-l rohkem spektraalkanaleid, parem signaali-müra suhe ning stabiilsem ja täpsem radiomeetriline kalibreerimine (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). Lisaks on instrumendi vaategeomeetria kohandatud nii, et vähendada päikesehelgi mõju veepindadel, mis on ookeanivärvuse kaugseires oluline probleem (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). OLCI on harjasskanneri meetodil (ingl *push-broom method*) töötav spektromeeter, mis koosneb viiest kaamerast (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). Need katavad koos 1270 km laiuse vaatevälja ja võimaldavad 300 m ruumilise lahutusega mõõtmisi (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b).

Sensor mõõdab päikesekiirgust, mis on peegeldunud või tagasihajunud maa või vee pinnalt ja atmosfäärist, lainepikkuse vahemikus 400–1020 nm, 21 spektraalkanaliga (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). Veekaugseire seisukohalt on oluline, et OLCI spektraalkanaliid katavad OAA-de tuvastamiseks vajalikud spektripiirkonnad. Sinise ja roheline ala spektraalkanaliid (~400–560 nm) on eriti olulised fütoplanktoni uurimisel, kuna just selles vahemikus toimub klorofüll *a* tugev neeldumine, seega on selle kaudu võimalik hinnata klorofüll *a* sisaldust (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). Punase ja *red-edge* piirkonna kanaliid (~665–710 nm) toetavad klorofüll *a* fluorestsentsi ja suure biomassiga vetikate tuvastamist eriti rannikualadel ja eutroofsetes vetes (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b). Lähinfrapuna ja veeauru neeldumispkiirkonna kanaliid (~750–1020 nm) on peamiselt kasutusel atmosfäärikorrektsiooni parandamiseks, aidates eristada aerosoolide ja veeauru mõju tegelikust veepinnalt pärinevast signalist (EUMETSAT, 2025; European Space Agency, 2025b).

2.3.3. Satelliitkaugseire piirangud

Satelliitkaugseire kasutamine vee kvaliteedi parameetrite, sealhulgas fütoplanktoni ja kahjulike vetikaõitsengute, jälgimiseks on viimasel paaril aastakümnel kiiresti arenenud. Seda on toetanud uute satelliidimissioonide, pikemate aegridade ning algoritmide ja andmetöötlusmeetodite areng (Cetinic jt, 2024; Groom jt, 2019; Mouw jt, 2015). Meetodi rakendamisel esineb siiski mitmeid piiranguid (Mouw jt, 2015; Ogashawara, 2019). Kuigi satelliitkaugseire võimaldab koguda andmeid korraka suurte veelade kohta ning tagada ruumilise ja ajalise järjepidevuse, on vee kvaliteedi operatiivne seire sise- ja rannikuvetes, sealhulgas Läänemeres, endiselt metodoloogiliselt keeruline (Hieronymi jt, 2026; Mouw jt, 2015; Toming jt, 2017). Üheks peamiseks põhjuseks on nende veekogude suur optiliste parameetrite varieeruvus, mis tuleneb OAA-de erinevast sisaldusest ja koosmõjust (Darecki jt, 2003; Hieronymi jt, 2026; Simis jt, 2017). Seetõttu sõltub kaugseirealgoritmide toimivus tugevalt konkreetsest veekogust ning nende rakendatavus võib piirduda kindlate optiliste veetüüpide või sesoonsete tingimustega (Hieronymi jt, 2026; Ligi jt, 2017; Mouw jt, 2015; Spyrakos jt, 2018).

Optiliste satelliitandmete kasutatavus sõltub tugevalt vaatlustingimustest. Andmete kättesaadavust piiravad eelkõige pilvkate, vine ja pilvevarjud, mille tõttu väheneb analüüsikõlblike satelliitvaatluste arv (Toming jt, 2017). Kõrgetel laiuskraadidel lisandub sellele hooajaline valgusrežiimi muutlikkus. Läänemere piirkonnas on päikese seniitnurk suure osa aastast kõrge, eriti talvisel poolaastal, mistõttu pikeneb valguse tee atmosfääris, nõrgeneb veest väljuv signaal ning suureneb atmosfääri hajumise ja päikesehelgi mõju mõõdetud signaalile (Mobley, 1994; Vilas jt, 2024). Seetõttu sellistel perioodidel võib väheneda atmosfäärikorrigeeritud optiliste satelliitandmete kvaliteet ja kasutatavus (Toming jt, 2017; Vilas jt, 2024).

Samuti on oluliseks piiranguks atmosfäärikorreksioon. Satelliitsensor mõõdab kiirgust atmosfääri ülapiiril ning valdav osa üle veekogude registreeritud signaalist pärineb atmosfäärist, mitte veest (IOCCG, 2000; Groom jt, 2019). Läänemeres muudab selle eriti keeruliseks asjaolu, et veest väljuv signaal on sageli väga nõrk (Soomets jt, 2022; Toming jt, 2017; Vilas jt, 2024). Kõrge CDOM-i sisaldus neelab tugevalt valgust eeskätt sinises spektriosas, mistõttu on veest väljuv signaal antud spektriosas sageli kas nullilähedane või väga väike (Kratzer ja Moore, 2018; Qin jt, 2017; Vilas jt, 2024). Samal ajal on just sinistes lainepikkustes atmosfääri hajumise ja päikesehelgi mõju suurim ning atmosfäärikorreksiooni vead kõige suuremad (Cazzaniga jt, 2023; Qin jt, 2017; Toming jt, 2017). Seetõttu võib isegi väike viga atmosfäärikorreksioonis olla samas suurusjärgus kogu veest pärineva signaaliga. See mõjutab otseselt tuletatud peegeldustegureid ja neist arvutatavaid veekvaliteedi näitajaid (Toming jt, 2017; Vilas jt, 2024). Kõrge CDOM-i sisaldus on ühtlasi üks peamisi põhjusi, miks standardsed ookeanivärvuse algoritmid ei pruugi Läänemere jaoks anda piisavalt usaldusväärseid tulemusi (Ligi jt, 2017; Soomets jt, 2022; Vilas jt, 2024). Seetõttu eelistatakse taoliste optiliselt keerukate vete empiirilistes algoritmides sagedamini roheline, punase ja lähisinfrapuna piirkonna spektraalkanaleid, mitte sinise osa kanaleid (Cazzaniga jt, 2023; Ligi jt, 2017; Toming jt, 2017).

Tulemuste kvaliteeti mõjutavad ka kasutatava sensori tehnilised omadused. Fütoplanktoni ja eriti tsüanobakterite kaugseire eeldab spektraalkanaleid bio-optiliselt olulistes lainepikkusvahemikes. Näiteks fükotsüaniini tuvastamisel on oluline ~ 620 nm piirkond (Cazzaniga jt, 2023; Kutser jt, 2006;

Simis jt, 2005; Woźniak jt, 2016). Selline spektraalkanal on olemas Sentinel-3 OLCI-I (European Space Agency, 2025b), kuid puudub näiteks Sentinel-2 MSI-I (NASA Earthdata, 2026b) ning Landsat 8 OLI-I (NASA Science, 2025). Seetõttu on nende sensoritega 620 nm piirkonnaga seotud fükotsüaniini tunnuse eristamine piiratud. Ka sensori ruumiline lahutus mängib olulist rolli. OLCI ruumiline lahutus on 300 m (European Space Agency, 2025b), OLI multispektraalsetel kanalitel 30 m, (NASA Science, 2026a), MODIS-e vee kvaliteedi parameetrite produktidel 1000 m (NASA Earthdata, 2026a) ning MSI nähtava ja lähisinfrapuna kanalitel 10–20 m (NASA Earthdata, 2026b). MSI ja OLI suurem ruumiline lahutus võimaldab paremini käsitleda väikese ulatusega ja ruumiliselt heterogeenseid veekogusid, näiteks kitsamaid lahtesid, estuaare ja väiksemaid siseveekogusid. OLCI ja MODIS-e andmetes võib üks piksel aga sisaldada korraka nii avavett, maismaad, madalaid põhjamõjuga alasid või eri hägususega veemasse. Sellisel juhul kujuneb mõõdetud signaal segusignaaliks, mis raskendab veekvaliteedi parameetrite tõlgendamist (Salama jt, 2022; Soomets jt, 2020). Sentinel-2 ja OLCI võrdlused on näidanud, et väikese ruumiskaalaga muutlikkus tuleb paremini esile MSI andmetes, samas kui OLCI eeliseks on tihedam korduvvaatlus (Pahlevan jt, 2020; Salama jt, 2022; Soomets jt, 2020).

2.4. eDNA/eRNA ja satelliitkaugseire ühildamine

Veeökosüsteemide seires on ühildatud molekulaarseid meetodeid ja satelliitkaugseiret, sest need ühendavad bioloogilise detailsuse ruumilis-ajalise ulatusega (Bauknecht jt, 2025; Hourany jt, 2024; Kaneko jt, 2023; Marchese jt, 2026; Wang jt, 2024). Nagu eelnevalt mainitud, siis eDNA ja eRNA võimaldavad tuvastada organismide koosseisu geneetilise materjali põhjal, kuid proovid on enamasti punktipõhised (Bauknecht jt, 2025; Marchese jt, 2026). Kaugseire annab samal ajal korduvat ja ulatuslikku infot veekogude füüsikaliste, optiliste ja biogeokeemiliste omaduste kohta (Joint ja Groom, 2000; Kutser, 2009; Mouw jt, 2017). Nende andmete ühildamisel saab geneetilisi proove kasutada bioloogilise lähteinfona, mida masinõppe- ja levikumudelite abil seotakse laiemate keskkonnagradiendidega ning laiendatakse aladele, kust otseseid molekulaarseid proove ei ole kogutud (Bauknecht jt, 2025; Hourany jt, 2024; Kaneko jt, 2023; Marchese jt, 2026; Wang jt, 2024).

Mereökosüsteemides on sellist lähenemist kasutatud planktoni koosluste ja mitmekesisuse hindamiseks. Näiteks on metatriipkoodimise ja metagenoomika andmeid ühendatud satelliidipõhiste ookeanivärvuse, temperatuuri ja teiste keskkonnamuutujatega, et ennustada fütoplanktoni rühmade levikut ning eukarüootsete või prokarüootsete koosluste mitmekesisust suuremal ruumilisel skaalal (Hourany jt, 2024; Kaneko jt, 2023; Marchese jt, 2026). Samal põhimõttel saab kaugseirega hinnata ka fütoplanktoni suurusstruktuuri, mis omakorda aitab paremini mõista mereökosüsteemi seisundit, toiduahelaid ja süsinikuringet (Gittings jt, 2025). Need uuringud näitavad, et satelliit ei mõõda otseselt liike ega geneetilist materjali, kuid aitab tuvastada keskkonnatingimusi ja optilisi tunnuseid, millega koosluste muutused on seotud.

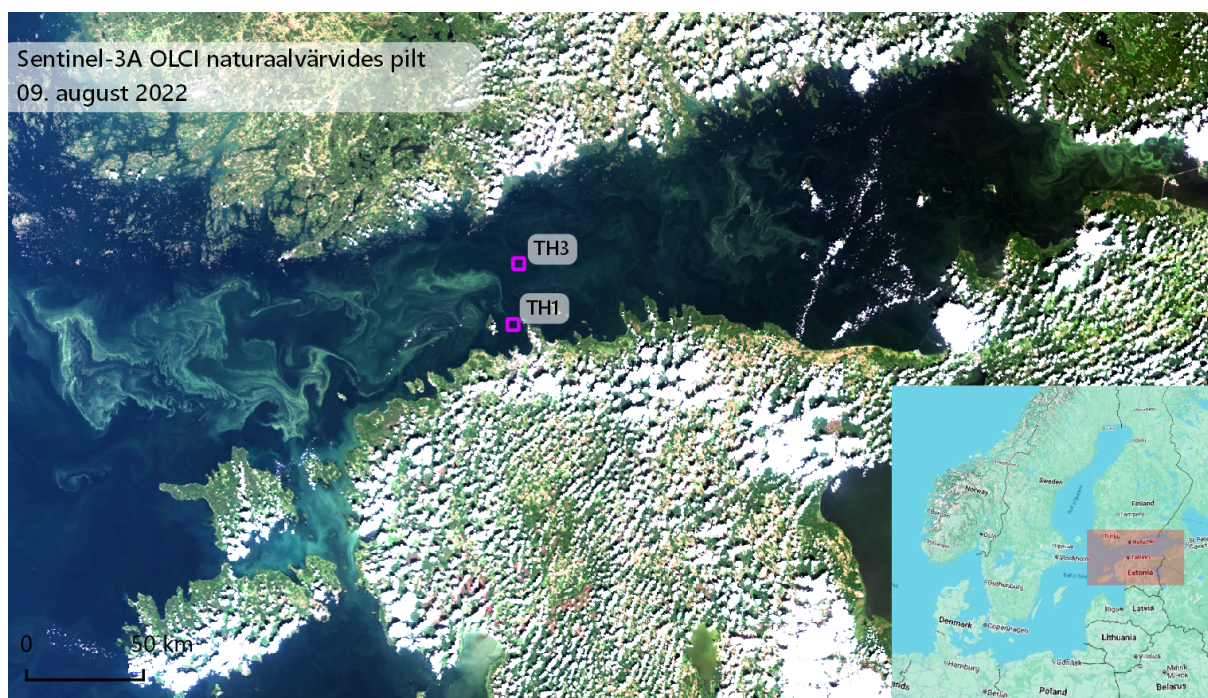
eDNA ja kaugseire ühildamise rakendusala on siiski laiem kui ainult fütoplankton või avameri. Jõgede ja teiste sisevete puhul on eDNA andmeid kasutatud koos kaugseirepõhiste veekvaliteedi,

temperatuuri, hüdroloogiliste ja kaldavööndi näitajatega, et modelleerida veeorganismide liigirikkust ja levikut. Wang jt (2024) näitasid, et eDNA põhjal hinnatud veeputukate liigirikkust saab siduda Sentinel-2 satelliidipiltidest tuletatud taimestikuindeksitega, samas kui Bauknecht jt (2025) kasutasid troopiliste jõgede kalade liigirikkuse ja mitmekesisuse modelleerimiseks eDNA andmeid koos veekeskonda ja ümbritsevat maismaad kirjeldavate kaugseiremuutujatega. Ka maismaaelustiku uuringud, näiteks lüljalgsete mitmekesisuse kaardistamine DNA-põhiste andmete ja kaugseirekihtide abil, näitavad, et geneetiliste koosluseandmete ühendamine kaugseirega võimaldab laiendada punktproovidest saadud bioloogilist infot ruumilisteks elurikkuse hinnanguteks (Li jt, 2024).

Samas sõltub selliste mudelite usaldusväärsus proovivõtu esinduslikkusest, geneetiliste markerite valikust, referentsandmebaaside kvaliteedist, samuti kaugseireandmete ruumilisest ja ajalisest sobivusest ning sellest, kui hästi mudelid eri piirkondades üldistuvad (Bauknecht jt 2025; Chavez jt, 2021; Cetinić jt, 2024; Marchese jt, 2026; Sildever jt, 2021; 2023). eRNA võib tulevikus seda meetodit täiendada, sest see võib anda infot mitte ainult selle kohta, millised organismid on metaboolselt aktiivsed, vaid ka seda, millises seisundis organismid on ja kuidas keskkonnastress neid mõjutab (Chavez jt, 2021). Seega ei asenda kaugseire molekulaarset seiret ega vastupidi, vaid nende tugevus seisneb ühildamises – geneetilised meetodid annavad detailse bioloogilise sisu, kaugseire aga võimaldab seda siduda ulatuslike ruumilis-ajaliste mustritega (Bauknecht jt, 2025). Selline integreeritud lähenemine toetab liikumist punktipõhiselt seirelt terviklikuma ja prognoosivama veeökosüsteemide hindamise poole (Bauknecht jt, 2025; Marchese jt, 2026; Wang jt, 2024).

3. Uuringuala tutvustus

Magistritöös analüüsitud veeproovid pärinevad Eesti riikliku mereseire programmist, mille raames kogutakse Soome lahest regulaarselt andmeid Tallinn–Stockholmi ja Tallinn–Helsingi liinidel sõitvatele reisilaevadele paigaldatud FerryBox-seadmete abil. FerryBox-seire hõlmab merevee füüsikalise-keemiliste näitajate ja klorofüll *a* sisalduse määramist ning fütoplanktoni koosseisu, arvukuse ja biomassi hindamist (Keskkonnaministeerium, 2020). Töös kasutatud proovid on kogutud kahest Soome lahte püsiseirejaamast, TH1 ja TH3 (Joonis 2) (Keskkonnaministeerium, 2020). Jaam TH1 asub koordinaatidel 59,5677°N ja 24,6883°E, TH3 koordinaadid on 59,802°N ja 24,7363°E. Nendest seirepunktidest pärinevad nii geneetiliseks analüüsiks kasutatavad veeproovid kui ka sama piirkonda hõlmavad Sentinel-3 OLCI satelliitpildid, mis võimaldavad hinnata fütoplanktoni ruumilist ja ajalist dünaamikat kaugseire teel.



Joonis 2. Eesti avamere püsiseirejaamad TH1 ja TH3 Soome lahes.

4. Andmed ja meetodid

4.1. Veeproovide kogumine

Veeproovid võeti viie meetri sügavuselt seirejaamadest TH1 ja TH3 aastatel 2020-2023 ajavahemikul maist septembrini. Proovid filtreeriti läbi 1,0 µm (Whatman™, Nuclepore™, #10418712) ja 0,22 µm (Whatman™, Nuclepore™, #10417012) polükarbonaatfiltrite ning iga proovi kohta kasutati 100-1000 ml vett (vt Lisa 1). 2020. aasta proovide puhul lõigati filtrid pooleks pärast merevee filtreerimist ning filtripooli kasutati eraldi DNA ja RNA analüüsiks. eDNA jaoks kasutatavaid filtreid hoiti fooliumis ning eRNA proove steriilsetes 1,5 ml plastikuubides. Selleks, et säilitada filtreeritud eRNA proove, lisati nendele 1000 µl RNA Later™ (Sigma, #MKCM2405) lahust. Kuni DNA või RNA eraldamiseni hoiti filterid pikaajaliselt -80 °C ja lühiajaliselt -20 °C juures.

4.1.1. Keskkonna DNA ja RNA

Töö on osaliselt Leesmäe (2025) töös kogutud, töödeldud proovimaterjali ning saadud andmestiku edasiarendus. Seega põhineb eDNA ja eRNA eraldamise, cDNA sünteesi, PCR-amplifikatsiooni, geelelektroforeesi ning sekveneerimise metodika varasemalt kirjeldatud protokollidel, mis on detailsemalt kirjeldatud Leesmäe (2025) töös. Selles töös kasutasin Leesmäe (2025) andmeid edasiseks analüüsiks ning andmestikku lisasin ka 16S rRNA geeni markeriga analüüsitud proovid (vt Lisa 2).

Keskkonna DNA eraldati kokku 148 filtrist või filtripooldest ning keskkonna RNA 36-st filtriosast (Leesmäe, 2025). DNA eraldamiseks kasutati QIAGEN DNeasy Blood & Tissue komplekti (#69504) ning keskkonna RNA eraldamiseks kasutati Invitrogen PureLink™ RNA Mini komplekti (ThermoFisher #12183018A), millelele rakendati lisaks DNAas-töötlust Invitrogen PureLink™ DNase komplektiga (ThermoFisher, #12185010), et eemaldada võimalik DNA saaste (Leesmäe, 2025).

RNA eraldamine viidi läbi Invitrogen PureLink™ DNase komplekti abil (Leesmäe, 2025) (vt Lisa 2). Edasiseks analüüsiks sünteesiti RNA-st komplementaarne DNA ehk cDNA, kasutades FIREScript® RT cDNA Synthesis komplekti (Solis BioDyne, #06-15-00050) (Leesmäe, 2025). Fütoplanktoniga seotud organismide koosluse kirjeldamiseks kasutati markergeenide amplifitseerimist PCR-i abil. Leesmäe (2025) tööst pärinevate proovide puhul amplifitseeriti 18S rRNA geeni V7–V9 piirkonda, mida kasutatakse eukarüootsete organismide, sealhulgas fütoplanktoni, tuvastamiseks (Dzhembekova jt, 2018). Selles töös analüüsitud proovide puhul kasutasin lisaks 16S rRNA geeni V3–V4 piirkonda, mis võimaldab tuvastada tsüanobaktereid (Sinclair jt, 2015). 16S markerpiirkonna amplifitseerimiseks kasutasin praimerid Bakt_341F järjestusega 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3' ning Bakt_805R järjestusega 5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3' (Sinclair jt, 2015). Praimeritele olid lisatud Illumina adapterjärjestused, mis võimaldasid proovide hilisemat sekveneerimist Illumina platvormil (Amplicon jt, 2013).

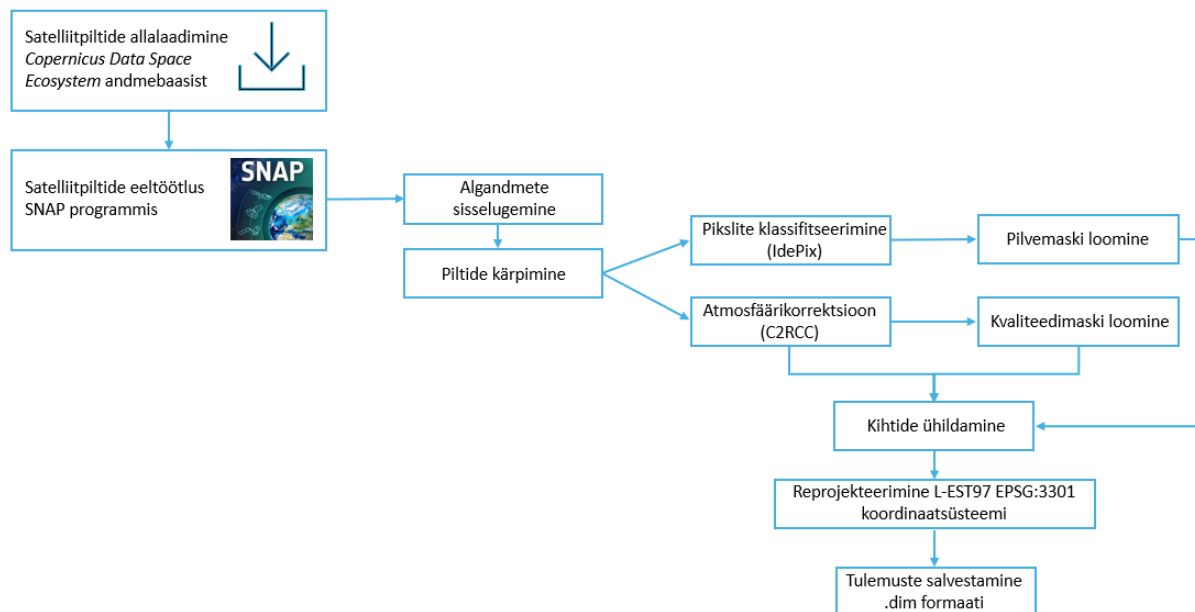
PCR-reaktsioonid viidi läbi HOT FIREPol Blend Master Mix reagenti abil (Solis BioDyne, #04-27-00120) nagu kirjeldatud Leemäe (2025) poolt. Reaktsioonisegusse lisati DNA või cDNA, mõlemad praimerid (18S puhul 18S-F1289-sn ja 18S-R1772-sn ning 16S puhul Bakt_341F ja Bakt_805R), HOT FIREPol Blend Master Mix ja RNAasi-vaba vesi. Saastumise kontrollimiseks kasutati igas PCR-seerias negatiivseid kontrole, kuhu uuritavat DNA-d ei lisatud. Amplifikatsiooni edukust ja PCR-produktide suurust kontrolliti 1% agarosgeelil TAE (tris-atsetaat-etüleendiamiintetraäädikhappe) puhvril. DNA-põhiste proovide sekveneerimine viidi läbi OÜ Asper Biogenis ning RNA-põhistest proovidest saadud cDNA PCR-produktid sekveneeriti Tartu Ülikooli genoomika instituudi Genoomika tuumiklaboris. Mõlemal juhul kasutati Illumina MiSeq platvormi ja v3 600 tsükli komplekti, mis võimaldas paarisotsalist sekveneerimist pikkusega 2 × 300 aluspaari.

Sekveneerimisandmete bioinformaatilise töötamise viis läbi Jaapani riikliku kalandusuuringute ja hariduse agentuuri juhtivate Satoshi Nagai. Analüüsis kasutati tema uurimisrühma väljatöötatud bioinformaatilist analüüsipatvormi (Nagai jt, 2022). Töötamise käigus hinnati DNA järjestuste kvaliteeti ning eemaldati madala kvaliteediga järjestused. Seejärel määrati DNA järjestuste põhjal taksonoomiline kuuluvus, kasutades NCBI (ingl *National Center for Biotechnology Information*) andmebaasi andmestikku.

4.2. Satelliitpiltide eeltöötlus ja analüüs

Töös kasutasin Sentinel-3 OLCI Level-1 EFR (ingl *Earth Observation Full Resolution*) satelliitandmeid, mille ruumiline lahutus on 300 meetrit ning mis sisaldavad radiomeetriliselt ja geomeetriliselt kalibreeritud atmosfääri ülapiiri (ingl *top of atmosphere*, TOA) kiirgusandmeid (EUMETSAT, 2025). TOA-kiirgusandmed hõlmavad nii veest pärinevat signaali kui ka atmosfäärilisi mõjutusi (nt Rayleigh hajumine, aerosoolide põhjustatud hajumist ja neeldumist) (Hieronymi jt, 2023; IOCCG, 2010).

Satelliitpildid laadisin alla *Copernicus Data Space Ecosystem* (CDSE) andmebaasist (Copernicus browser, i.a), valides uuritavat huviala katvad Sentinel-3 OLCI Level-1 EFR produktid. Valitud andmed ei ole atmosfäärist korrigeeritud ning seetõttu rakendasin eeltöötamise käigus täiendavaid korrigeerimisamme. Eeltöötamise viisin läbi ESA SNAP (ingl *Sentinel Application Platform*) tarkvaraga, kasutades käsuraalt käivitavat *Graph Processing Tool* (GPT) töövoogu. Töövood kirjeldasin XML-failidena, mis võimaldasid suurte andmemahtude automatiseeritud töötlemist (Joonis 3). Töötlus toimus mitme järjestikuse operatsiooni kaudu ning koosnes järgmistest etappidest:



Joonis 3. Satelliitpiltide eeltöötlus ja automatiseeritud töövoog SNAP programmis. Etappide täpsemad kirjeldused on välja toodud Lisas 3.

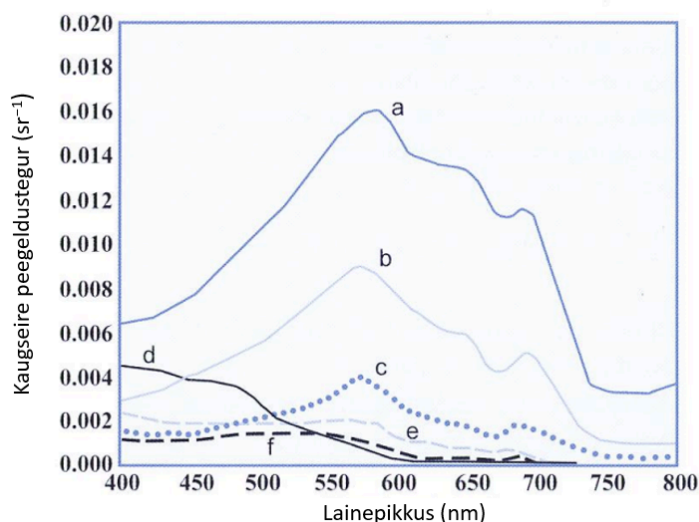
Sobivate Sentinel-3 OLCI satelliitpiltide valimine toimus seoses iga veeproovivõtu kuupäevaga, et tagada *in situ* mõõtmiste ja kaugseireandmete ajaline vastavus. Analüüs hõlmas 35 proovivõtukuupäeva aastatest 2020-2023, perioodil maist septembrini (vt Lisa 7). Kõigi proovivõtu kuupäevade kohta otsisin CDSE keskkonnast vastava päeva Sentinel-3 OLCI Level-1 EFR andmed (iga päeva kohta nii Sentinel-3A kui ka Sentinel-3B ülelennult) ning viisin läbi eeltöötlusprotsessi (vt Lisa 3). Eesmärk oli leida iga proovivõtuajale võimalikult lähedased satelliidivaatlused, mille puhul seirejaamade TH1 ja TH3 pikslid olid pilvedest mõjutamata, kvaliteedimaskide alusel sobivad ning spektraalselt usaldusväärsed.

Peale eeltöötlust importisin seirejaamade TH1 ja TH3 koordinaadid SNAP-i GCP-kihina, mis võimaldas mõlemas punktis eraldada kõigi spektraalkanalite väärtused, eeltöödeldud veekvaliteedi parameetrid ning hinnata piksl kvaliteeti nii maskide kui visuaalsete kontrollide kaudu. Iga satelliidipildi kuupäeva sobivuse hindamine põhines kolmel omavahel täiendaval kriteeriumil: (1) RGB-komposiitpildi visuaalne kvaliteet, (2) peegeldusteguri spektraalkõverate kuju ning (3) kvaliteedimaskide väärtused seirejaamade pikslites. Mitmekriteeriumiline lähenemine võimaldas vähendada üksikute kontrollimeetodite piirangutest tulenevaid vigu.

Esimese sammuna hindasin iga kuupäeva puhul RGB-komposiitpildi visuaalset kvaliteeti. RGB-pildid võimaldavad kiiresti tuvastada pilvi, pilvevarjusid ning vinet, mis võivad moonutada veepinna spektraalset signaali. Näiteks võivad pilved või aerosoolid suurendada hajumist ning põhjustada olukorra, kus satelliitsensori poolt mõõdetud spektraalne signaal ei vasta tegelikule vee optilisele seisundile (IOCCG, 2010). Visuaalne kontroll on oluline just seetõttu, et kõik atmosfäärist tingitud mõjud ei pruugi automaatsete algoritmide abil korrektselt tuvastatud saada (vt Lisa 4).

Teise olulise kriteeriumina analüüsisin peegeldusteguri spektraalkõveraid, mis kirjeldavad peegeldusteguri muutust OLCI spektraalkanalites. Iga seirepunkti jaoks koostas in kõverad nii atmosfääri ülapiiril mõõdetud peegeldustegurite kui ka atmosfäärikorrektsiooni järel saadud veepeegeldustegurite põhjal (IOCCG, 2010) (vt Lisa 5). Analüüs hõlmas lainepikkuste vahemikku 400–800 nm, mis katab nähtava ning lähis-infrapunase spektripiirkonna. Selles vahemikus hindasin spektraalkõverate kuju ja muutusi, mis võimaldavad tuvastada veekogu optilisi omadusi ning hinnata mõõtmiste füüsikalist usaldusväärsust. Spektraalkõverate kuju võimaldab hinnata, kas mõõdetud signaal on füüsikaliselt loogiline ja vastab tüüpilisele spektraalsele käitumisele. Oluline oli tuvastada ka võimalikud anomaaliad, näiteks üksikute spektraalkanalite ebatavaline käitumine või atmosfäärikorrektsioonist tulenevad moonutused. Sellised kõrvalekalded võivad viidata kas mõõtmisveale või ebasobivatele vaatlustingimustele.

Analüüsis kasutasin normaliseeritud veepeegeldustegureid, mis on korrigeeritud atmosfääri mõju ning päikese valgustusgeomeetria suhtes (Mobley, 2022) (vt Lisa 5). Normaliseerimine vähendab oluliselt päikese kõrgusest ja atmosfääritingimustest tulenevaid erinevusi ning võimaldab võrrelda eri aegadel ja tingimustes kogutud andmeid ühtsel alusel (Mobley, 2022). *Case II* veekogude puhul, kus optilised omadused on mõjutatud nii fütoplanktonist, CDOM-ist kui ka heljumist, ilmnevad spektraalkõverates iseloomulikud muutused (IOCCG, 2000) (Joonis 4). Tavaliselt esineb madalam peegeldus sinises piirkonnas (~400–500 nm) CDOM-i ja pigmentide neeldumise tõttu, samas kui rohelistes lainepikkustes (~550–600 nm) võib täheldada peegeldusmaksimumi. Punases piirkonnas (~650–700 nm) mõjutab signaali tugevalt klorofüllil neeldumine, millele võib järgneda peegeldustõus punase serva piirkonnas (~700–750 nm) (IOCCG, 2000).



Joonis 4. Tüüpilised kaugseire peegeldusteguri spektraalkõverad *Case I* ja *Case II* veekogudes. Jooned a, b, c ja e iseloomustavad optiliselt keerukamaid *Case II* veekogusid, kus optilist signaali mõjutavad lisaks fütoplanktonile ka teised OAA-d. Jooned d ja f kirjeldavad *Case II* veekogusid, mille optilised omadused on valdavalt seotud fütoplanktoni ja selle laguproduktidega. Muudetud IOCCG (2000) põhjal.

Kolmanda kriteeriumina kasutasin kvaliteedimaske, mis annavad automaatse hinnangu iga piksli usaldusväärsusele. Selles töös kasutasin maskikanaleid, mis põhinevad algoritmidel pilvede, pilvevarjude ja muude kvaliteeti mõjutavate tegurite tuvastamiseks (vt Lisa 3). Piksli lugesin usaldusväärseks juhul, kui mõlema maski väärtus oli 1. Kui maski väärtus oli NaN, ei jätnud küll pilti automaatselt analüüsist välja, vaid hindasin olukorda täiendavalt teiste kriteeriumide abil. Selline lähenemine oli vajalik, kuna automaatsed maskid ei ole alati eksimatud (Alikas jt, 2020; IOCCG, 2019). Teatud tingimustes, näiteks madala päikesenurga või kõrge aerosoolisisalduse korral, võivad maskid klassifitseerida korrektse veepiksli ekslikult pilveks või vastupidi (IOCCG, 2019). Seetõttu võrdlesin maskide tulemusi alati RGB pildi ja spektraalkõveratega. Kui visuaalne ja spektraalne analüüs viitasid loogilisele ja füüsikaliselt põhjendatud signaalile, võis pildi lugeda sobivaks ka juhul, kui maskid andsid ebasoodsa väärtuse.

Kui proovivõtukuupäeva enda piltide kvaliteet ei vastanud kombineeritud kriteeriumitele, siis analüüsisin ka päeva enne ja päeva pärast proovivõtukuupäeva. Kõikidele alternatiividele tegin sama eeltötluse ning rakendasin samad hindamiskriteeriumid. Kui ± 1 päeva vahemikust leidsin spektraalselt, visuaalselt ning maskidega sobiva pildi, siis kasutasin analüüsis seda, et vähendada pilvisusest tingitud andmekadu. Kõiki proovivõtupäevade ning nende ± 1 päeva alternatiivide hindamine andis 32 sobivat päeva, kokku 57 satelliitpilti, mis läbisid kõik hindamiskriteeriumite kombineeritud kontrolli (vt Lisa 7).

4.2.1. Algoritmide rakendamine

Nagu eelnevalt mainitud, nõuab Sentinel-3 OLCI satelliitandmete kasutamine fütoplanktoni koosluse ja aktiivsuse muutuste seostamiseks eDNA/eRNA andmetega eeltötlust ning sobivate spektraalsete algoritmide rakendamist. Läänemeri on optiliselt keeruline *Case II* tüüpi veekogu ning seetõttu ei anna tavapärased klorofüll *a* biomassi algoritmid piisavat teavet fütoplanktoni liigikoosseisu muutuste kohta. Selleks kasutasin spektraalseid indekseid ja algoritme, mis kirjeldavad veepeegeldusspektri kuju ning tuginevad konkreetsete pigmentide (nt fükotsüaniin) neeldumise ja peegelduse eripäradele (vt Lisa 8). Need võimaldavad testida, kas satelliidilt saadav optiline signaal peegeldab neid fütoplanktoni rühmade (nt tsüanobakterid, ränivetikad) muutusi, mida tuvastati molekulaarsete meetoditega (eDNA ja eRNA).

Sentinel-3 OLCI Level-1B toodetele rakendasin SNAP tarkvaras C2RCC (*Case-2 Regional CoastColour*) protsessorit. Selle tulemusel sain atmosfääriliselt korrigeeritud dimensioonitu normaliseeritud veepeegeldusteguri $\rho_w(\lambda)$. Enamik kirjanduses kasutatavaid spektraalseid algoritme on aga defineeritud kaugseire peegeldusteguri $R_{rs}(\lambda)$ (*remote sensing reflectance*, ühik sr^{-1}) alusel. Nende kahe suuruse vaheline seos on järgmine (Mobley, 2022):

$$R_{rs}(\lambda) = \frac{\rho_w(\lambda)}{\pi} \quad (2)$$

Seadistasin C2RCC töötuse selliselt, et protsessori väljundiks oli $R_{rs}(\lambda)$. Kõik algoritmid (välja arvatud MPH) arvutati ja esitati $R_{rs}(\lambda)$ -põhiselt. Kahekanalilistes suhetes ja normaliseeritud erinevustes (ND) π -tegur taandub matemaatiliselt, kuid ühtse lähenemise huvides kasutati läbivalt R_{rs} -vormingut. See tagab parema võrreldavuse ka *line-height* tüüpi algoritmidega (nt FLH, MCI), mille väärtused sõltuvad otseselt absoluutsetest signaalitasemetest. Pärast töötlemist viidi andmed samasse koordinaatsüsteemi (L-EST97) ning seirejaamade asukohtadele vastavad väärtused võeti vastavatest pikslitest.

MPH (ingl *Maximum Peak Height*) algoritmi rakendamisel kasutati Rayleigh hajumise suhtes korrigeeritud peegeldustegurit ehk molekulaarse hajumise suhtes korrigeeritud *bottom-of-Rayleigh reflectance'i* (ρ_{BRR}). Selleks rakendati SNAP-is MPH/CHL protsessorit otse Level-1 produktile. OLCI sisendi puhul teostatakse Rayleigh korrigeerimine MPH protsessoris automaatselt (European Space Agency, 2026).

Kasutatud algoritmid on välja töötatud fütoplanktoni pigmentide ja spektraalsete tunnuste eristamiseks. Need võimaldavad hinnata, kas satelliidipõhine optiline signaal korreleerub molekulaarsete meetoditega tuvastatud fütoplanktoni rühmade muutustega. Algoritmid jagasin kolme kategooriasse (vt Lisa 8):

- Üldindeksid, mis kirjeldavad eelkõige õitsengute esinemist, klorofüll *a*-ga seotud signaali või kogu fütoplanktoni biomassi (Gower jt, 1999; 2005; 2008; Matthews jt, 2012; Matthews ja Odermatt, 2015; Mishra ja Mishra, 2012). Siia kategooriasse lisati näiteks FLH, mis kirjeldab klorofüll *a* fluorestsentsiga seotud signaali (Gower jt, 1999), MCI ja MPH on tundlikud intensiivsete pinnalähedaste õitsengute suhtes (Gower jt 2005; 2008; Matthews jt, 2012; Matthews ja Odermatt, 2015) ning NDCI kasutab punase ja *red-edge'i* piirkonna erinevust üldise klorofüll *a*/biomassi signaali hindamiseks (Mishra ja Mishra, 2012). FLH ja MCI puhul kasutati nii TOA kui ka BOA andmeid, sest nende indeksite arvutus tugineb kitsaste spektraalsete ribade suhtelisele signaalile ning kirjanduses on neid rakendatud nii atmosfääri ültal mõõdetud kui ka atmosfäärikorrigeeritud peegeldustel (Kritzen, 2021; Salls jt, 2024).
- Tsüanobakterite indikaatorid, mis kasutavad fükotsüaniini neeldusmispirkonda (ligikaudu 620 nm) juures ning võrdlevad seda klorofüll *a* ja *red-edge* piirkondadega (Wynne jt, 2008; Qi jt, 2014). Näidetena kasutati kirjanduses kirjeldatud tsüanobakterite indekseid, nagu CI (ingl *Cyanobacteria Index*) (Wynne jt, 2008; Wynne jt, 2010), PCI (ingl *Phycocyanin Index*) (Qi jt, 2014) ja PC3 (ingl *Three-Band Phycocyanin Index*) ehk kolme lainepikkuse põhine fükotsüaniini indeks (Mishra ja Mishra, 2014). Nende eesmärk oli hinnata, kas satelliidisignaalis on eristatav tsüanobakterite esinemise või domineerimisega seotud spektraalne tunnus.
- Spektraalkuju indeksid, mis kirjeldavad roheline, punase, *red-edge'i* ja NIR-piirkonna vahelisi suhteid (Tao jt, 2017). Nende eesmärk ei olnud hinnata ainult biomassi, vaid testida, kas erinevate lainepikkuste kombinatsioonid võivad peegeldada fütoplanktoni koosluse muutusi, näiteks tsüanobakterite, ränivetikate või teiste rühmade suhtelist osakaalu (Tao jt, 2017). Sellesse kategooriasse kuulusid nii kirjanduses kasutatud spektraalkuju indeksid, näiteks GRI (ingl *Green-Red Index*) ja DIMERIS, GRI kirjeldab roheline ja punase spektraalpiirkonna vahelist

suhet, DIMERIS on aga spektraalkuju indeks, mida on kasutatud õitsengutüübi, sealhulgas ränivetikatega seotud signaali eristamiseks (Tao jt, 2017). Lisaks kasutati töö raames lihtsamaid lainepikkuste suhteindekseid ja normaliseeritud erinevuse indekseid, mis võrdlevad roheline, punase, *red-edge* ja lähisinfra-puna piirkonna signaale. Katsetusindeksite eesmärk oli uurida, kas Sentinel-3 OLCI spektraalkanalite erinevad kombinatsioonid annavad lisainfot fütoplanktoni koosluse muutuste kohta võrreldes tavapärase biomassi- ja õitsenguindeksitega.

Lisaks eelnevalt kirjeldatud algoritmikategooriatele kaasasin analüüsi ka SNAP töötusahelates tuletatud klorofüll *a* produktid. CHL_C2RCC on C2RCC protsessori väljundina saadud klorofüll *a* hinnang ning CHL_MPH on MPH/CHL protsessori abil tuletatud klorofüll *a* hinnang. Nende produktide lisamine võimaldas võrrelda eraldi rakendatud algoritme SNAP-is automaatselt arvatud klorofüll *a* näitajatega ning hinnata, kas need kirjeldavad bioloogiliste andmetega sarnaseid seoseid.

4.3. Andmeanalüüs ja tulemuste visualiseerimine

Töös kasutasin fütoplanktoni koosseisu hindamiseks keskkonna DNA ja RNA andmeid, mikroskoopial põhinevaid fütoplanktoni biomassihinnanguid ning satelliitpiltide andmetele rakendatud algoritme. Klorofüll *a* ning fütoplanktoni biomassi andmed pärinevad Keskkonnaseire (KESE) Infosüsteemi andmebaasist (Keskkonnaagentuur, i.a). Andmete kombineerimise eesmärk oli hinnata, kuid võrd satelliitandmetest tuletatud optilised näitajad peegeldavad fütoplanktoni üldist biomassi, õitsengute esinemist, tsüanobakterite osakaalu ning peamiste fütoplanktonirühmade koosluse muutusi.

Andmeanalüüsi ja tulemuste visualiseerimise tegin tarkvarakeskkonnas RStudio (versioon 2026.01.1). Esmalt teostas andmete eeltöötlust, mis hõlmas erinevatest allikatest (eDNA, RNA, mikroskoopia ja satelliitandmed) pärinevate andmetike puhastamist, standardiseerimist ning ühise struktuuri alla viimist. Selleks kasutasin pakette nagu *dplyr* ja *tidyr* (Wickham jt, 2019). Andmed imporditi Exceli failidest ning teisendati analüüsiks sobivasse vormingusse, sh nimetati muutujad ühtse loogika alusel ümber ning eemaldati puuduvad väärtused enne statistiliste analüüside läbiviimist.

Enne korrelatsioonianalüüsi lisasin ka andmete jaotuse kontrolli Shapiro-Wilki testiga, et hinnata muutujate normaaljaotusele vastavust, kasutades R paketi stats funktsiooni *shapiro.test()* (R Core Team, 2025c). Selle põhjal valiti automaatselt sobiv korrelatsioonimeetod - juhul kui kõik analüüsi kaasatud muutujad vastasid normaaljaotusele, kasutati Pearsoni korrelatsiooni, vastasel juhul Spearmani korrelatsiooni. Kõikidel juhtudel osutus sobivaks Spearmani korrelatsioon.

Analüüsi käigus uurisin seoseid bioloogiliste ja optiliste näitajate vahel, teostades korrelatsioonianalüüsi. Seoste hindamiseks kasutasin Spearmani korrelatsiooni, mille kordajad (*r*) ja statistiline olulisuse (*p*-väärtused) arvutasin R-i funktsiooniga *cor.test()* (*method* = "spearman") (R Core Team, 2025a). See võimaldas hinnata, millisel määral satelliitpiltidelt tuletatud algoritmide väärtused peegeldavad fütoplanktoni biomassi, õitsengute esinemist ning erinevate rühmade (sh tsüanobakterite) suhtelist osakaalu. Korrelatsioonid arvutati erinevate satelliitpõhiste algoritmide (nt

FLH, MCI, MPH, NDCI jt) (vt Lisa 8) ja bioloogiliste parameetrite vahel, hõlmates nii kogu fütoplanktoni biomassi, õitsengute esinemist, klorofüll a kontsentratsiooni kui ka spetsiifilisemaid tunnuseid nagu tsüanobakterite biomass ja nende suhteline arvukus DNA- ja cDNA-põhistes andmetes (vt Lisa 9). Lisaks võrdlesin spektraalkuju algoritmide väärtusi erinevate fütoplanktoni rühmade (nt ränivetikad, dinoflagellaadid ja tsüanobakterid) biomassi ja järjestuste suhtelise arvukusega (vt Lisa 9). Mitmekordsete testide mõju vähendamiseks korrigeeriti p-väärtusi Benjamini–Hochbergi meetodiga (BH), kasutades R paketi stats funktsiooni *p.adjust()* (R Core Team, 2025b), mille alusel määrati ka statistilise olulisuse tasemed (** $p < 0,001$; * $p < 0,01$; * $p < 0,05$).

Korrelatsioonid arvutasin esmalt kõigi andmete põhjal kokku, hõlmates nii Sentinel-3A kui ka Sentinel-3B satelliidi andmeid ning nii proovivõtuga samal kuupäeval kui ka ± 1 päeva jooksul tehtud satelliidivaatlusi. Seejärel arvutasin korrelatsioonid eraldi Sentinel-3A ja Sentinel-3B andmetele ning eraldi ka kuupäevalise vastavuse järgi, võrreldes proovivõtuga samal päeval tehtud satelliidivaatlusi ± 1 päeva jooksul tehtud vaatlustega. Korrelatsioonide visualiseerimiseks koostasid paketi *ggplot2* (Wickham, 2016) soojuskaardid (ingl *heatmap*), kus korrelatsioonikordajad esitati värviskaalana ning märgiti ära ka statistiliselt olulised seosed.

5. Tulemused

Analüüsi kaasasin algselt 35 proovivõtu kuupäeva aastatest 2020–2023 (vt Lisa 6), millest lõppanalüüsi sobis 32 päeva (vt Lisa 7). Kokku kasutasin 57 satelliitpilti ning nendest sain 86 sobivat vaatlusjuhtu, mille hulka kuulusid nii proovivõtu kuupäevaga samal päeval saadud kui ka ± 1 päeva ajavahemikust valitud Sentinel-3A ja Sentinel-3B vaatlused. Proovivõtuga samal päeval oli sobiv Sentinel-3A ja/või Sentinel-3B satelliitpilt olemas 19 päeva puhul. Kui samal päeval sobiv satelliitpilt puudus, siis kasutati ka ± 1 päeva ajavahemikust valitud pilte ning neid oli kokku 14.

Sentinel-3A ja Sentinel-3B omavahelise võrdluse andmestikud sisaldasid mõlemad 24 satelliitpilti ja 36 vaatlusjuhtu. Satelliitide omavahelise võrdluse analüüsi kaasati ainult need vaatlusjuhud, mille puhul katsid mõlemad satelliidid samal kuupäeval sama seirejaama. Mõlemad sisaldavad nii proovivõtu kuupäevaga samal päeval saadud kui ka ± 1 päeva satelliitpilte. Veel võrdlesin sama proovivõtu kuupäeva satelliitvaatlusi olukordadega, kus kasutasin ± 1 päeva jooksul saadud satelliitpilte. Sama päeva vaatlustega seotud andmestikus oli 34 satelliitpilti (54 vaatlusjuhtu), samas kui ± 1 päeva andmestikus oli 23 satelliitpilti (32 vaatlusjuhtu), mõlemad sisaldavad nii Sentinel-3A kui ka Sentinel-3B andmeid.

Bioloogiliste andmetena kasutasin analüüsis lisaks mikroskoopilisele biomassile ja arvukusele nii eDNA- kui ka eRNA-põhiseid fütoplanktoni andmeid. eDNA andmestik hõlmas 18S rRNA markeril põhinevaid eukarüootse fütoplanktoni andmeid ning 16S rRNA markeril põhinevaid tsüanobakterite andmeid. 16S rRNA markeril põhinevas eDNA analüüsis oli satelliitandmetega ühildatud andmete arv väiksem ehk 18. Samas varieerus kasutatav valim sõltuvalt sellest, kas analüüs tehti kogu andmestiku, Sentinel-3A ja Sentinel-3B alamandmestike või sama proovivõtu kuupäeva ja ± 1 päeva võrdluse kaupa. Seetõttu oli mõnes võrdluses andmete arv väiksem kui kogu ühildatud andmestikus, mida tuleb tulemuste tõlgendamisel arvestada.

Andmestikku iseloomustas suur varieeruvus. Fütoplanktoni kogubiomass varieerus vahemikus 206,7–3634,93 mg/m³ ning arvukus 630956–9412374 ühikut/l, mis näitab, et analüüsi sattus nii madalama biomassiga olukordi kui ka kõrge biomassi juhtumeid. Tsüanobakterite näitajad olid samuti muutlikud - mikroskoopia põhjal jäi tsüanobakterite biomass vahemikku 5,98–1819,4 mg/m³. Klorofüll *a* kontsentratsioon varieerus andmestikus vahemikus 1,15–8,38 mg/m³. See näitab, et proovides esines mõõdukas varieeruvus, kuid klorofüll *a* väärtused ei olnud nii muutlikud kui fütoplanktoni kogubiomass või tsüanobakterite biomass.

Molekulaarsetes andmetes oli 16S eDNA põhine tsüanobakterite suhteline arvukus 0–0,99, kusjuures tsüanobaktereid ei olnud esindatud 17-s proovis 86-st ning lisaks puudusid 22 proovi kohta andmed. 16S eRNA andmetes oli tsüanobakterite suhteline arvukus 0,03–0,99 ning neid tuvastati kõigis 18 proovis. 18S eDNA andmetes oli ränivetikate suhteline arvukus 0–0,88 ja dinoflagellaatidel 0,06–0,98. eRNA andmetes jäi ränivetikate suhteline arvukus vahemikku 0–0,54 ning dinoflagellaatidel 0–0,30. Kuna eRNA/cDNA andmestik oli väiksem, võivad üksikud kõrged väärtused tulemusi tugevamalt mõjutada ning seda tuleb seoste tõlgendamisel arvestada.

5.1. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega

Üldiste öitsengu ja biomassi indeksite hulgas ilmnis kõige selgem muster MCI_BOA algoritmi puhul (vt Lisa 10A). MCI_BOA korreleerus statistiliselt oluliselt nii kogu fütoplanktoni biomassi kui ka arvukusega, kuid seos oli negatiivne. MCI_BOA korrelatsioon kogubiomassiga oli $r = -0,48$ ($p < 0,001$; $n = 86$) ja koguarvukusega $r = -0,54$ ($p < 0,001$; $n = 86$). Lisaks oli MCI_BOA üldindeksite hulgas ainus algoritm, mille puhul ilmnis ka selgem taksonoomiline seos. Dinoflagellaatide eRNA/cDNA näitajaga oli korrelatsioon mõõdukalt negatiivne ja statistiliselt oluline ($r = -0,69$; $p < 0,01$; $n = 18$). Teised üldindeksid, näiteks MCI_TOA, FLH_BOA, FLH_TOA, NDCI, MPH ning erinevad punase ja lähisinfapuna piirkonna suhtarvud, ei näidanud kogubiomassi ega arvukusega järjepidevaid statistiliselt olulisi seoseid (vt Lisa 10A). Klorofüll α puhul olid seosed nõrgad kuni mõõdukad algoritmidel MPH (mõlemal $r = 0,38$; $p < 0,01$; $n = 86$), NDCI ($r = 0,31$; $p < 0,01$; $n = 86$), R_709_665 ($r = 0,31$; $p < 0,01$; $n = 86$), ND_681_709 ($r = 0,25$; $p < 0,05$; $n = 86$) ning FLH ($r = 0,23$; $p < 0,05$; $n = 86$).

Tsüanobakterite indikaatorite puhul olid olulisemad seosed seotud mikroskoopiliselt määratud tsüanobakterite biomassiga. Kõige tugevam positiivne seos tsüanobakterite biomassiga ilmnis algoritmil R_665_620, kuid seos jäi siiski nõrgaks ($r = 0,38$; $p < 0,01$; $n = 86$) (vt Lisa 10B). Sama nõrk, kuid vastassuunaline seos oli algoritmil ND_620_665 ($r = -0,38$; $p < 0,01$; $n = 86$). Lisaks oli ka PC3 algoritm nõrgem, kuid siiski statistiliselt oluline positiivne seos tsüanobakterite biomassiga ($r = 0,27$; $p < 0,05$; $n = 86$). 16S eDNA- ja eRNA/cDNA-põhiste tsüanobakterite näitajatega tsüanobakterite algoritmidega statistiliselt olulisi seoseid ei näidanud (vt Lisa 10B). See võib viidata sellele, et need kaugseire algoritmide seostusid paremini mikroskoopiliselt määratud biomassiga kui molekulaarsete näitajatega. Samas on oluline märkida, et eDNA ja eRNA/cDNA puhul olid valimid väiksemad kui üldisematel bioloogilistel näitajatel.

Tsüanobakterite indikaatoritest ilmnesisid klorofüll α puhul mõõdukad kuni nõrgad, kuid statistiliselt olulised seosed algoritmide R_665_620 ($r = 0,43$; $p < 0,001$; $n = 86$), PC3 ($r = 0,40$; $p < 0,001$; $n = 86$) ja R_709_620 ($r = 0,32$; $p < 0,01$; $n = 86$) puhul. Negatiivselt ja statistiliselt oluliselt korreleerus klorofüll α algoritmidega ND_620_665 ($r = -0,43$; $p < 0,001$; $n = 86$), ND_620_655p709 ($r = -0,35$; $p < 0,01$; $n = 86$) ja R_620_665p709 ($r = -0,35$; $p < 0,01$; $n = 86$).

Spektraalkuju indeksite hulgas ilmnesisid kõige järjepidevamad seosed GRI ja normaliseeritud spektraalkuju indeksite (ND-indeksite) puhul. GRI näitas positiivseid ja statistiliselt olulisi seoseid mitme mikroskoopilise näitajaga (vt Lisa 10C). Kogubiomassiga oli korrelatsioon nõrk, kuid statistiliselt oluline $r = 0,29$ ($p < 0,01$; $n = 86$). Koguarvukusega olid seosed tugevamad, kuid siiski pigem mõõdukad $r = 0,49$ ($p < 0,001$; $n = 86$), arvukusega ilma tsüanobakteriteta $r = 0,47$ ($p < 0,001$; $n = 86$) ning tsüanobakterite biomassiga $r = 0,37$ ($p < 0,001$; $n = 86$). Kogubiomassi puhul olid statistiliselt olulised negatiivsed seosed algoritmidega ND_510_620, ND_510_665, ND_510_674, ND_560_620, ND_560_665 ja ND_560_674, kus r jäi ligikaudu vahemikku $-0,26$ kuni $-0,31$ (p väärtus jäi vahemikku $0,0098$ kuni $0,017$). Koguarvukuse puhul olid seosed tugevamad ja statistiliselt olulisemad, r jäi vahemikku $-0,45$ kuni $-0,53$ ning p väärtused jäid kõik alla $0,001$. Sarnane muster ilmnis ka arvukuse puhul ilma tsüanobakteriteta, kus korrelatsioonid jäid vahemikku $-0,42$ kuni $-0,52$ ning p väärtused alla $0,001$. Tsüanobakterite biomassiga olid nende algoritmide seosed samuti negatiivsed ja

statistiliselt olulised ($r = -0,35$ kuni $-0,41$; $p < 0,0013$). Klorofüll a ning spektraalindeksite puhul olid seosed negatiivsed, nõrgad kuni mõõdukad ning esinesid algoritmidega ND_560_674 ($r = -0,40$; $p < 0,01$; $n = 86$), ND_510_681 ($r = -0,38$; $p < 0,01$; $n = 86$) ja ND_560_681 ($r = -0,38$; $p < 0,01$; $n = 86$).

CHL_C2RCC ja CHL_MPH tulemused näitasid statistiliselt olulisi ning mõõdukaid seoseid klorofüll a -ga, vastavalt $r = 0,45$ ($p < 0,001$; $n = 86$) ja $r = 0,38$ ($p < 0,001$; $n = 86$) (vt Lisa 10D). Koguarvukusega olid seosed nõrgemad, kuid statistiliselt siiski olulised CHL_MPH puhul $r = 0,22$ ($p < 0,05$; $n = 86$) ja CHL_C2RCC puhul $r = 0,28$ ($p < 0,05$; $n = 86$). Ka arvukusega ilma tsüanobakteriteta jäid seosed nõrgaks, kuid statistiliselt oluliseks CHL_MPH puhul $r = 0,30$ ($p < 0,01$; $n = 86$) ja CHL_C2RCC puhul $r = 0,32$ ($p < 0,01$; $n = 86$). Biomassi näitajatega tugevaid ega statistiliselt olulisi seoseid ei esinenud. Molekulaarsetest näitajates ilmnes seos ränivetikate DNA suhtelise arvukusega, kus CHL_MPH korrelatsioon oli $r = 0,33$ ($p < 0,01$; $n = 86$) ja CHL_C2RCC puhul $r = 0,23$ ($p < 0,05$; $n = 86$).

5.2. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus

Üldindeksite puhul (vt Lisa 11A) ilmnes mõlema satelliidi puhul sarnane trend, kus enamik seoseid bioloogiliste näitajatega oli nõrgad kuni mõõdukad. MCI_BOA algoritm korreleerus negatiivselt ning statistiliselt oluliselt mõlema satelliidi puhul fütoplanktoni arvukusega - Sentinel-3A puhul $r = -0,52$ ($p < 0,05$; $n = 36$) ja Sentinel-3B puhul $r = -0,61$ ($p < 0,001$; $n = 36$). Klorofüll a -ga olid Sentinel-3A andmetes olulised seosed NDCI ($r = -0,38$; $p < 0,05$; $n = 36$), R_665_754 ($r = -0,40$; $p < 0,05$; $n = 36$), R_674_709 ($r = -0,39$; $p < 0,05$; $n = 36$), R_674_754 ($r = -0,38$; $p < 0,05$; $n = 36$) ja R_709_665 ($r = -0,38$; $p < 0,05$; $n = 36$) puhul. Samas kui Sentinel-3B andmed korreleerusid klorofüll a -ga oluliselt ainult MPH algoritmiga ($r = 0,47$; $p < 0,05$; $n = 36$). Sentinel-3B puhul esines ka oluline ja tugev seos dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega ($r = -0,943$; $p < 0,05$; $n = 6$). Sentinel-3A andmetes korreleerus MCI_BOA tugevalt, kuid statistiliselt mitteoluliselt dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega ($r = -0,89$; $n = 6$). Lisaks korreleerusid tsüanobakterite eRNA/cDNA suhtelise arvukusega FLH_TOA ($r = -0,83$; $n = 6$), MCI_TOA ($r = 0,83$; $n = 6$) ning MPH ($r = 0,77$; $n = 6$) algoritmid, kuid seosed jäid samuti statistiliselt mitteoluliseks.

Tsüanobakterite indikaatorite puhul ilmnesid tsüanobakterite biomassiga statistiliselt olulised seosed vaid Sentinel-3A andmetes ning algoritmidega R_665_620 ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$) ja ND_620_665 ($r = -0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$) (vt Lisa 11B). Klorofüll a puhul esinesid olulised seosed mõlema satelliidi andmetes. Sentinel-3A andmetega olid statistiliselt olulisemad seosed algoritmide PC3 ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$), ND_620_665p709 ($r = -0,42$; $p < 0,01$; $n = 36$) ja R_620_665p709 ($r = -0,42$; $p < 0,01$; $n = 36$) puhul. Sentinel-3B puhul olid olulised seosed samuti PC3 ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$) algoritmiga ning R_665_620 ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$) ja ND_620_665 ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 36$) puhul.

Spektraalkuju indekseid Sentinel-3A andmetes esinesid statistiliselt olulised seosed peamiselt tsüanobakterite biomassiga ning klorofüll a -ga. Tsüanobakterite biomassiga oli positiivselt seotud GRI ($r = 0,42$; $p < 0,05$; $n = 36$), samas kui ND-indeksid näitasid negatiivseid seoseid.

Algoritmide ND_510_620, ND_510_665, ND_510_674, ND_560_620, ND_560_665, ND_560_674, R_510_620 ja R_560_620 puhul jäid korrelatsioonid vahemikku -0,40 kuni -0,47 (kõikide puhul $p < 0,05$; $n = 36$). Klorofüll α -ga korreleerusid algoritmid ND_510_681, ND_510_709, ND_560_681, ND_560_709, ND_510_754 ja ND_560_754, mille korrelatsioonid jäid vahemikku -0,40 kuni -0,44 (kõikide puhul $p < 0,05$; $n = 36$). Sentinel-3A puhul korreleerus GRI algoritmiga tugevalt ja statistiliselt oluliselt tsüanobakterite eRNA/cDNA suhteline arvukus ($r = 0,94$; $p < 0,01$; $n = 6$), mis Sentinel-3B andmetes statistiliselt oluline ei olnud. Samas oli Sentinel-3B andmetes GRI puhul oluline seos dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega ($r = 0,83$; $p < 0,05$; $n = 6$). Sentinel-3B andmetes esinesid veel statistiliselt olulised seosed peamiselt fütoplanktoni arvukusega, arvukusega ilma tsüanobakteriteta ning klorofüll α -ga. Olulisemad seosed fütoplanktoni arvukusega esinesid algoritmidega GRI ($r = 0,50$; $p < 0,01$; $n = 36$), ND_510_674 ($r = -0,60$; $p < 0,01$; $n = 36$), ND_560_665 ($r = -0,56$; $p < 0,01$; $n = 36$), ND_560_674 ($r = -0,56$; $p < 0,01$; $n = 36$) ning R_560_620 ($r = -0,48$; $p < 0,01$; $n = 36$). Tsüanobakteriteta arvukuse puhul olid olulisemad seosed ND_510_674 ($r = -0,65$; $p < 0,001$; $n = 36$), ND_560_665 ($r = -0,59$; $p < 0,001$; $n = 36$), ND_560_674 ($r = -0,66$; $p < 0,001$; $n = 36$), GRI ($r = 0,50$; $p < 0,01$; $n = 36$) ja R_560_620 ($r = -0,46$; $p < 0,01$; $n = 36$) algoritmidega. Lisaks oli ND_560_665 ($r = -0,37$; $p < 0,01$; $n = 36$) ja ND_560_674 ($r = -0,46$; $p < 0,01$; $n = 36$) puhul oli ka statistiliselt oluline seos ränivetikate eDNA suhtelise arvukusega.

Satelliidipõhiste klorofüll α produktide puhul korreleerus Sentinel-3A andmetes klorofüll α -ga statistiliselt oluliselt ainult CHL_C2RCC ($r = 0,50$; $p < 0,01$; $n = 36$). Sentinel-3B puhul olid klorofüll α -ga seotud nii CHL_MPH ($r = 0,47$; $p < 0,01$; $n = 36$) kui ka CHL_C2RCC ($r = 0,39$; $p < 0,05$; $n = 36$). Lisaks olid Sentinel-3B andmetes mõlemad klorofülliproduktid positiivselt seotud tsüanobakteriteta arvukusega - CHL_MPH puhul $r = 0,40$ ($p < 0,05$; $n = 36$) ja CHL_C2RCC puhul $r = 0,41$ ($p < 0,05$; $n = 36$). Molekulaarsetest näitajatest korreleerusid Sentinel-3B andmetes CHL_MPH ja CHL_C2RCC positiivselt ränivetikate eDNA suhtelise arvukusega, vastavalt $r = 0,47$ ($p < 0,01$; $n = 36$) ja $r = 0,38$ ($p < 0,05$; $n = 36$). CHL_MPH oli Sentinel-3B puhul negatiivselt seotud ka dinoflagellaatide eDNA suhtelise arvukusega ($r = -0,40$; $p < 0,05$; $n = 36$) ja dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega ($r = -0,94$; $p < 0,01$; $n = 6$).

5.3. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ± 1 päevaga

Üldindeksitest näitas tugevaimaid seoseid, nagu ka varasemalt, MCI_BOA algoritm (vt Lisa 12A). Täpse proovivõtu kuupäeva korral esinesid mõõdukad negatiivsed korrelatsioonid nii kogubiomassi ($r = -0,54$; $p = 0,0002$; $n = 54$) kui ka koguarvukusega ($r = -0,65$; $p < 0,001$; $n = 54$). Lisaks ilmnes tugev negatiivne seos ka dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega ($r = -0,96$; $p < 0,001$; $n = 8$). ± 1 päeva akna kasutamisel need seosed nõrgenesid ja ei olnud statistiliselt olulised.

Tsüanobakteritega seotud näitajate puhul ilmnesid samuti olulised seosed proovivõtu kuupäeva korral (vt Lisa 12B). Statistiliselt olulised seosed olid proovivõtu kuupäeval tsüanobakterite biomassi ning algoritmide PC3 ($r = 0,33$; $p < 0,05$; $n = 54$), R_665_620 ($r = 0,42$; $p < 0,01$; $n = 54$) ja ND_620_655

($r = -0,42$; $p < 0,01$; $n = 54$) vahel. ± 1 päeva puhul olid taaskord seosed valdavalt nõrgemad ning statistiliselt mitteolulised. Samas erinevalt varasematest tulemustest ilmnisid klorofüll a puhul tugevamad ja statistiliselt olulised seosed ± 1 päeva andmetes, täpsemalt algoritmidega R_665_620 ($r = 0,52$; $p < 0,05$; $n = 32$) ja ND_620_665 ($r = -0,52$; $p < 0,05$; $n = 32$), samas kui proovivõtukuupäeva andmetes samaväärseid seoseid ei esinenud (vt Lisa 12B).

Spektraalkuju indeksitest näitasid kõige järjepidevamaid seoseid normaliseeritud spektraalkuju indeksid (vt Lisa 12C ja D). Need olid valdavalt negatiivselt seotud fütoplanktoni arvukusega ning tugevamad seosed olid proovivõtu kuupäeva korral. Koguarvukuse puhul olid tugevaimad korrelatsioonid algoritmidel ND_560_665 ($r = -0,56$; $p < 0,001$; $n = 54$) ja ND_510_674 ($r = -0,54$; $p < 0,001$; $n = 54$). Samuti oli tugevamaid seoseid ja statistiliselt olulisi tulemusi ka arvukuse puhul ilma tsüanobakteriteta, tugevamad seosed olid jällegi ND_560_665 ($r = -0,56$; $p < 0,001$; $n = 54$) ja ND_510_674 ($r = -0,54$; $p < 0,001$; $n = 54$) puhul. ± 1 päeva akna kasutamisel terve koosluse arvukuse puhul olid seosed nõrgemad ning statistiliselt vähem olulisemad. GRI oli erinevalt teistest üldindeksitest positiivselt seotud fütoplanktoni näitajatega. Proovivõtu kuupäeva korral korreleerus GRI positiivselt ja statistiliselt oluliselt koguarvukusega ($r = 0,51$; $p < 0,001$; $n = 54$) ning arvukusega ilma tsüanobakteriteta ($r = 0,51$; $p < 0,001$; $n = 54$). ± 1 päeva kasutamisel jäid seosed nõrgemaks ning ainult terve koosluse arvukuse puhul säilis GRI seos statistiliselt olulisena ($r = 0,42$; $p < 0,05$; $n = 32$). Lisaks näitasid ka GRI ($r = 0,38$; $p < 0,01$; $n = 54$), ND_560_665 ($r = -0,40$; $p < 0,01$; $n = 54$), ND_560_674 ($r = -0,41$; $p < 0,01$; $n = 54$) ja R_560_620 ($r = -0,35$; $p < 0,01$; $n = 54$) algoritmid proovivõtu kuupäeval statistiliselt olulisi seoseid ränivetikate DNA järjestuste suhtelise arvukusega, samas kui ± 1 päeva puhul olid seosed sarnaselt varasema tulemustega jällegi nõrgemad ning ei olnud statistiliselt olulised. Klorofüll a puhul ilmnisid proovivõtukuupäeva andmetes tugevaimad seosed algoritmidega GRI ($r = 0,30$; $p < 0,05$; $n = 54$), ND_510_681 ($r = -0,37$; $p < 0,05$; $n = 54$) ja ND_560_681 ($r = -0,35$; $p < 0,05$; $n = 54$). ± 1 päeva andmetes olid spektraalindeksite seosed üldiselt nõrgemad ning statistiliselt olulisi tulemusi ei esinenud (vt Lisa 11C).

CHL_MPH ja CHL_C2RCC seosed olid samuti selgemad proovivõtu kuupäeva andmetes võrreldes ± 1 päeva andmetega (vt Lisa 11E). Proovivõtu kuupäeval korreleerus CHL_C2RCC statistiliselt oluliselt kogubiomassi ($r = 0,31$; $p < 0,05$; $n = 54$), koguarvukuse ($r = 0,31$; $p < 0,05$; $n = 54$), arvukusega ilma tsüanobakteriteta ($r = 0,36$; $p < 0,05$; $n = 54$), ränivetikate biomassi ($r = 0,27$; $p < 0,05$; $n = 54$) ja klorofüll a -ga ($r = 0,38$; $p < 0,01$; $n = 54$). CHL_MPH puhul ilmnisid olulised seosed tsüanobakteriteta arvukuse ($r = 0,30$; $p < 0,05$; $n = 54$), ränivetikate biomassi ($r = 0,44$; $p < 0,01$; $n = 54$), klorofüll a ($r = 0,29$; $p < 0,05$; $n = 54$) ning ränivetikate DNA suhtelise arvukusega ($r = 0,41$; $p < 0,01$; $n = 54$). ± 1 päeva andmetes säilis oluline seos ainult CHL_C2RCC ja klorofüll a vahel ($r = 0,51$; $p < 0,01$; $n = 32$).

6. Arutelu ja järeldused

6.1. Bioloogia andmete seosed satelliidiandmetega

Töö eesmärk oli hinnata Sentinel-3 OLCI satelliitandmete ja keskkonna DNA/RNA põhiste fütoplanktoni andmete ühildamise võimalikkust Läänemere tingimustes. Tulemused näitasid, et satelliitkaugseire abil on võimalik tuvastada mitmeid statistiliselt olulisi seoseid fütoplanktoni bioloogiliste näitajatega, kuid seoste tugevus sõltub kasutatud algoritmist, bioloogilisest tunnusest ning proovivõtu ja satelliidi ülelennu ajalisest sobivusest (vt Lisa 10; 11; 12). Üldiselt olid satelliidiandmed kõige selgemalt seotud klorofüll *a*, mikroskoopiliselt määratud fütoplanktoni biomassi ja arvukuse näitajatega, samas kui eDNA- ja eRNA-põhiste taksonoomiliste näitajatega ilmnas statistiliselt olulisi seoseid vähem ning need ei olnud erinevates algoritmirühmades järjepidevad. See viitab sellele, et satelliidiandmed peegeldasid uuritud andmestikus eelkõige vee optilisi omadusi ja fütoplanktoni üldist hulka, mitte niivõrd koosluse detailset molekulaarset või taksonoomilist koostist. Samas tuleb märkida, et eRNA-põhiste andmete puhul oli ka valim väiksem, mis tuleb tulemuste tõlgendamisel arvesse võtta.

Üldistest biomassiindeksitest eristus kõige selgemalt MCI_BOA, mille puhul ilmnasid statistiliselt olulised negatiivsed seosed nii fütoplanktoni kogubiomassi kui ka arvukusega (vt Lisa 10A). Lisaks oli MCI_BOA seotud ka dinoflagellaatide eRNA/cDNA-põhise suhtelise arvukusega, mis viitab sellele, et algoritm koos atmosfäärikorreksiooniga BOA-andmetega võib reageerida ka molekulaarsete meetoditega tuvastatud aktiivsele fütoplanktoni kooslusele. Tulemused näitavad siiski, et MCI_BOA väärtused ei suurenenud koos fütoplanktoni hulga kasvuga, vaid muutusid vastupidises suunas. Selline tulemus erineb klassikalisest käsitlusest, kus MCI-d kasutatakse sageli intensiivsete õitsengute ja suure biomassi tuvastamiseks (Binding jt, 2013; Gower jt, 2005; 2008).

MCI_BOA negatiivsed seosed üldise fütoplanktoni biomassi ja arvukusega võivad tuleneda sellest, et Läänemere rannikumeres ei määra kaugseirega mõõdetavat optilist signaali ainult fütoplanktoni hulk. Vee spektraalseid omadusi mõjutavad oluliselt ka lahustunud orgaaniline aine ja heljum, mis võivad muuta klorofülliga seotud signaali tugevust ja seeläbi ka algoritmi tundlikkust (Darecki jt, 2003; IOCCG, 2000; Ligi jt, 2017; Toming jt, 2017). Samuti võib oluline olla fütoplanktoni liigiline koosseis. Erinevad fütoplanktoni rühmad sisaldavad erinevaid pigmente ning nende optiline signaal võib olla erinev isegi sarnase biomassi korral (Bricaud jt, 1995; IOCCG, 2014; Seppälä jt, 2005; Soja-Woźniak jt, 2017). Sarnaseid erinevusi on kirjeldanud ka Tao jt (2013), et ränivetikate ja dinoflagellaatide spektraalsed peegelduskõverad ning klorofüll *a* sisalduse suurenemisega kaasnevad muutused punases ja *red-edge* piirkonnas ei olnud ühesugused (vt Lisa 13). Seetõttu ei pruukinud suurema kogubiomassi või -arvukusega proovid anda kõrgemaid MCI_BOA väärtusi, kui biomassi suurenemisega kaasnesid muutused koosluse koosseisus või optilistes omadustes, mis ei tugevdanud MCI arvutamisel kasutatavat *red-edge*'i signaali. Võimalik on ka see, et uuritud proovides domineerisid pigem hajusamad või sügavamal veesambas paiknevad kooslused, mida MCI ei kirjelda sama hästi kui pinnalähedasi intensiivseid õitsenguid (Gower jt, 2005).

Tsüanobakterite puhul olid olulisemad seosed seotud 620 nm ja 665 nm piirkonda kasutatavate algoritmidega, eriti R_665_620 ja ND_620_665. See on ootuspärane, kuna 620 nm piirkond on seotud fükotsüaniini neeldumisega, mis on paljude tsüanobakteritele iseloomulik pigment (Cazzaniga jt, 2023; Kutser jt, 2006; Qi jt, 2014; Simis jt, 2005; Woźniak jt, 2016). R_665_620 positiivne ja ND_620_665 negatiivne seos tsüanobakterite biomassiga kirjeldavad sisuliselt sama spektraalse suhte vastassuunalist muutust, kuna mõlemad algoritmid põhinevad 620 ja 665 nm kanalitel. Seos võib viidata 620 nm piirkonna suhtelisele nõrgenemisele võrreldes 665 nm piirkonnaga, mis on kooskõlas fükotsüaniini neeldumismõjuga. Kuigi seosed olid statistiliselt olulised, jäid need pigem nõrgaks kuni mõõdukaks. See näitab, et Sentinel-3 OLCI andmetes on tsüanobakteritega seotud optilist infot, kuid uuritud andmestiku põhjal ei olnud võimalik tsüanobakterite biomassi täpselt hinnata.

Oluline on märkida veel, et tsüanobakterite indikaatorid seostusid paremini mikroskoopiliselt määratud biomassiga kui 16S eDNA- või eRNA-põhiste tsüanobakterite suhtelise arvukusega (vt Lisa 10B). Selline erinevus võib tuleneda sellest, et satelliitsensori mõõdetav spektraalne signaal sõltub eelkõige pigmentide optilistest omadustest ja nende kontsentratsioonist veepinna lähedases kihis, samas kui eDNA- ja eRNA/cDNA-põhised meetodid kirjeldavad organismide geneetilist koosseisu ning suhtelist arvukust, mis ei pruugi olla otseses vastavuses biomassi või pigmendisisaldusega (Giroux jt, 2022; Groom jt, 2019; Littlefair jt, 2022; Mouw jt, 2015; Nair jt, 2008; Veilleux jt, 2021). Mikroskoopiliselt määratud biomass on seetõttu satelliidiandmetega paremini võrreldav, kuna see kirjeldab rakulise materjali hulka, mis mõjutab valguse neeldumist ja hajumist (Groom jt 2019; Joint ja Groom 2000; Mouw jt 2015; 2017; Nair jt 2008). Lisaks võivad tsüanobakterite rühmad erineda oma pigmendikoosseisu ja fükotsüaniiniga seotud optilise signaali tugevuse poolest, mis mõjutab fükotsüaniinipõhiste kaugseirealgoritmide toimivust (Cazzaniga jt, 2023; IOCCG, 2014; Simis jt, 2005). Läänemere segakooslustes võib tsüanobakteritega seotud spektraalne tunnus jääda nõrgaks, kui tsüanobakterid ei domineeri optiliselt nähtavas pinnakihis või kui ei esine intensiivseid pinnalähedasi kogumikke (Cazzaniga jt, 2023; Kutser, 2009; Kutser jt, 2006; Simis jt, 2017; Toming jt, 2017).

Spektraalindeksitest eristus kõige selgemalt GRI, mille puhul ilmnesid positiivsed seosed nii mikroskoopiliselt määratud üldise fütoplanktoni biomassi, tsüanobakterite biomassi kui ka fütoplanktoni arvukusega (vt Lisa 10C). Seosed olid tugevamad just arvukuspõhiste näitajate korral, mis viitab, et algoritm võib olla tundlik fütoplanktoni arvukuse suurenemisega kaasnevate muutuste suhtes vee optilises roheline ja punase spektripiirkonna optilises signaalis (Tao jt, 2017). GRI puhul ilmnes ka positiivse suunaga, kuid statistiliselt mitteoluline seos mõnede eDNA- ja eRNA/cDNA-põhiste näitajatega, sealhulgas ränivetikate ja dinoflagellaatide eRNA/cDNA-põhise suhtelise arvukusega. Seetõttu võib GRI seos nende rühmadega olla optiliselt põhjendatav, kuid statistiliselt mitteoluliste seoste ja väikese eRNA/cDNA valimi tõttu ei saa selle põhjal kindlaid järeldusi teha. Kuna eRNA/cDNA-põhiseid näitajaid seostatakse pigem metaboolselt aktiivsema ja ajaliselt värskema bioloogilise signaaliga, võib see viidata võimalikule seosele aktiivsema fütoplanktoni osaga (Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022; Zhang jt, 2024). Siiski statistiliselt mitteoluliste seoste ja väikese eRNA/cDNA valimi tõttu ei saa selle põhjal siiski kindlaid järeldusi teha.

ND-tüüpi spektraalindeksitest näitasid kõige järjepidevamaid seoseid ND_510_620, ND_510_665, ND_510_674, ND_560_620, ND_560_665 ja ND_560_674 (vt Lisa 10C). Need indeksid olid valdavalt

negatiivselt ja statistiliselt oluliselt seotud fütoplanktoni arvukuse, tsüanobakteriteta arvukuse ning tsüanobakterite biomassiga. Negatiivsed seosed näitavad, et fütoplanktoni arvukuse ja tsüanobakterite biomassi suurenemisega kaasnes 510 või 560 nm ning 620, 665 või 674 nm piirkondade vahelise suhtelise spektraalsignaali muutus. Selline muutus võib olla seotud nii tsüanobakteritele iseloomuliku fükotsüaniini neeldumisega 620 nm lähedal kui ka klorofüll *a* mõjuga punases spektriosas (Cazzaniga jt, 2023; Kirk, 2011; Simis jt, 2005), kuid kuna tegemist on katsetusindeksitega, ei saa seoseid omistada üheselt ühele pigmentile või fütoplanktonirühmale. Samas ei ilmnenud nende ND-indeksite puhul selgeid seoseid ränivetikate ega dinoflagellaatide biomassiga. Kuigi fükoksantiini seostatakse sageli ränivetikatega ja peridiniini osade dinoflagellaatidega, ei ole nende pigmentidega seotud spektraalsed tunnused segakooslustes alati rühmaspetsiifilised ega pruugi satelliidiandmetes selgelt eristuda (IOCCG, 2014). Seetõttu võib ränivetikate ja dinoflagellaatide biomassiga seoste puudumine viidata sellele, et uuritud andmestik ei olnud nende rühmade optiline mõju kasutatud lainepikkuste kombinatsioonides piisavalt eristatav.

Klorofüll *a* puhul olid seosed satelliidiandmetega järjepidevamad kui enamiku taksonoomiliste näitajate puhul (vt Lisa 10). Kõige selgemad positiivsed seosed klorofüll *a*-ga ilmnedid CHL_C2RCC, CHL_MPH, MPH, NDCI ja R_709_665 puhul (vt Lisa 10A ja 10D). MPH ja CHL_MPH tuginevad klorofüll *a* ning suure biomassiga õitsengutega seotud punase ja *red-edge* piirkonna spektraalsele signaalile, samas kui NDCI ja R_709_665 kasutavad punase ning *red-edge* piirkonna vahelist suhet klorofüll *a*-ga seotud muutuste kirjeldamiseks (Matthews jt, 2012; Matthews ja Odermatt, 2015; Mishra ja Mishra, 2012; Gitelson jt, 2008). CHL_C2RCC on seevastu C2RCC protsessori abil tuletatud klorofüll *a* hinnang (C2RCC, 2026). Tsüanobakteritega seotud algoritmidest korreleerusid klorofüll *a*-ga positiivselt R_665_620 ja PC3, mis võivad peegeldada osaliselt kattuvat klorofüll *a* ja tsüanobakterite pigmentidega seotud optilist signaali. Kuna klorofüll *a* ei ole tsüanobakterispetsiifiline pigment, ei saa nende seoste põhjal kindlalt järeldada, et klorofüll *a* muutused tulenesid otseselt tsüanobakterite biomassi varieerumisest (Simis jt, 2005; Qi jt, 2014). Spektraalkuju indeksite puhul olid seosed valdavalt negatiivsed, eriti indeksitel ND_560_674, ND_510_681 ja ND_560_681, mis viitab sellele, et klorofüll *a* sisalduse suurenemisega kaasnes roheline, punase ja *red-edge* piirkonna suhtelise spektraalsignaali muutus. Samas jäid seosed pigem mõõdukaks, mis võib osaliselt tuleneda Läänemere optiliselt keerukatest tingimustest, kus satelliidilt mõõdetavat signaali mõjutavad lisaks fütoplanktonile ka CDOM ja heljum ning kus klorofüll *a* hinnangute usaldusväärsus sõltub ka kasutatud algoritmidest (Darecki jt, 2003; Ligi jt, 2017; Toming jt, 2017)

6.2. Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus

Sentinel-3A ja Sentinel-3B tulemused erinesid sõltuvalt analüüsitud bioloogilisest näitajast ja algoritmihühmast (vt Lisa 11). Üldindeksite puhul seostus klorofüll *a* Sentinel-3A andmetega mitme algoritmiga, samas kui Sentinel-3B andmetes ilmnes oluline seos üksnes MPH algoritmiga (vt Lisa 11A). Tsüanobakterite indikaatorite puhul esines klorofüll *a*-ga olulisi seoseid mõlema satelliidi andmetes, kuid tsüanobakterite biomassiga esines vaid Sentinel-3A puhul olulisi seoseid (vt Lisa 11B). Spektraalkuju indeksite puhul seostusid Sentinel-3B andmed mitme algoritmi puhul oluliselt

fütoplanktoni koguarvukuse ja tsüanobakteriteta arvukusega, samas kui Sentinel-3A andmetes olid seosed enam seotud tsüanobakterite biomassi ja klorofüll a -ga (vt Lisa 11 C ja D). Tuletatud klorofüll a produktide puhul ilmnes Sentinel-3A andmetes oluline seos klorofüll a -ga CHL_C2RCC korral, samas kui Sentinel-3B andmetes olid klorofüll a -ga seotud nii CHL_MPH kui ka CHL_C2RCC (vt Lisa 11E).

Molekulaarsete näitajate puhul ilmnesid kohati tugevamad seosed, mis viitab satelliidiandmete võimalikule tundlikkusele fütoplanktonikoosluse struktuuri suhtes. Sentinel-3A andmetes seostus GRI tugevalt tsüanobakterite eRNA/cDNA suhtelise arvukusega, Sentinel-3B andmetes aga dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega (vt Lisa 11C ja D). Sentinel-3B andmetes oli dinoflagellaatide eRNA/cDNA suhtelise arvukusega tugevalt seotud ka MPH algoritm (vt Lisa 11A). Samuti olid Sentinel-3B puhul mõned spektraalkuju indeksid ja mõlemad klorofüll a produktid seotud ränivetikate eDNA suhtelise arvukusega, samas kui CHL_MPH oli negatiivselt seotud dinoflagellaatide molekulaarsete näitajatega (vt Lisa 11D ja E). Need tulemused viitavad, et kaugseirepõhistel algoritmidel võib olla potentsiaal lisaks biomassi üldisele kirjeldamisele peegeldada ka koosluse taksonoomilisi erinevusi. Samas tuleb eRNA/cDNA põhiseid tugevaid seoseid tõlgendada ettevaatlikult, kuna nende valimimaht oli väike.

Erinevused kahe satelliidi vahel võivad tuleneda ülelennu ajast, mõõtmistingimustest ja sellest, millised proovivõtuhetked kummagi satelliidi andmestikku sattusid. Fütoplanktoni kooslus ja vee optilised omadused võivad muutuda ka päeva jooksul, sest valgus, tuul, segunemine ja veesamba kihistumine mõjutavad fütoplanktoni vertikaalset jaotust ning veepinna optilist signaali (Mouw jt, 2017; Reynolds, 2006). Seetõttu võivad isegi väikesed ajalised erinevused Sentinel-3A ja Sentinel-3B mõõtmiste vahel mõjutada korrelatsioonide tugevust. Tulemused näitavad, et Sentinel-3A ja Sentinel-3B andmeid ei saa käsitleda täielikult omavahel kattuvatena. Kuigi mõlemad sensorid annavad üldiselt sarnast infot, võivad konkreetsete fütoplanktoni rühmade ja algoritmide puhul ilmned olulised erinevused. See rõhutab vajadust arvestada kaugseireandmete tõlgendamisel mõõtmise ajastust ja kohalikke keskkonnatingimusi. Samuti viitab see, et kahe satelliidi kombineeritud kasutamine võib parandada ajalist katvust ning suurendada tõenäosust tabada bioloogiliselt olulisi muutusi, eriti kiiresti muutuvates rannikumere tingimustes.

6.3. Proovivõtu kuupäeva ja ± 1 päeva võrdlus

Töö tulemused viitasid selgelt sellele, et proovivõtu kuupäeva täpne vastavus satelliidipildi ajale mängis olulist rolli kaugseire algoritmide ja bioloogiliste näitajate vaheliste seoste tugevuses ja statistilises olulisuses. Kui võrrelda satelliitpilte, mis jäid proovivõtust ± 1 päeva kaugusele, muutusid korrelatsioonid üldiselt nõrgemaks ning statistiliselt olulised seosed kadusid (vt Lisa 12). See muster ilmnes läbivalt erinevate algoritmide ja bioloogiliste tunnuste puhul ning viitab sellele, et fütoplanktoni koosluste ja vee optiliste omaduste muutused võivad toimuda lühikese aja jooksul.

Selline tulemus on loogiline, kuna fütoplanktoni dünaamika sõltub muutuvatest keskkonnateguritest, nagu valgus, tuule põhjustatud segunemine, temperatuur ning toitainete kättesaadavus (Cloern ja

Jassby, 2009; Reynolds, 2006). Ka ühepäevane nihe satelliidimõõtmise ja välitööde vahel võib põhjustada olukorra, kus satelliit registreerib juba teistsuguseid optilisi tingimusi kui need, mille ajal bioloogiline proov koguti. Eriti tundlikud võivad sellele olla väiksemad ja lühiajalised õitsengud või liigiline koosseis, mis mõjutavad tugevalt vee spektraalseid omadusi (Groom jt, 2019; Mouw jt, 2017).

Samas erines klorofüll *a* tulemus mõnevõrra tsüanobakterite indikaatorite puhul (vt Lisa 12B). Kui enamasti muutusid ± 1 päeva andmetes seosed nõrgemaks, siis klorofüll *a* korral ilmsid kahe algoritmi puhul tugevamad seosed just ± 1 päeva andmetes. See võib viidata, et satelliidilt tuletatud optiline signaal ja veesambaproovist määratud klorofüll *a* sisaldus ei pruukinud ajaliselt täielikult kokku langeda. Klorofüll *a* kontsentratsiooni ja satelliidilt nähtavat pindmist signaali võivad lühiajaliselt mõjutada näiteks fütoplanktoni vertikaalne ja horisontaalne ümberpaiknemine, pinnale kogunemine ning vee optiliste omaduste varieerumine – seetõttu võis mõnel juhul tugevam seos avalduda mitte samal päeval, vaid ajalise nihkega (Simis jt, 2017; Toming jt, 2017).

Oluline on siiski arvestada, et ± 1 päeva akna kasutamine võimaldab suurendada kasutatavate satelliidipiltide hulka, mis on praktilises kaugseires sageli vajalik pilvisuse ja kvaliteetsete piltide vähesuse tõttu. Tulemused viitavad peamiselt sellele, et suurem andmemaht ei pruugi kompenseerida ajalise ebatäpsuse mõju ning täpsem ajaline vastavus võib olla olulisem kui suurem valim. See rõhutab vajadust planeerida välitöid ka satelliitide ülelendude ajaga kooskõlas ning arvestada ajalise nihke mõju kaugseireandmete interpreteerimisel.

6.4. Ühildatud meetodi piirangud ja edasiarendused

Töö tulemused näitasid, et satelliitkaugseire ja eDNA/eRNA põhiste bioloogiliste andmete ühildamine võimaldab tuvastada mitmeid olulisi seoseid fütoplanktoni koosluste ja vee optiliste omaduste vahel. Samas kaasneb sellise ühildatud lähenemisega mitmeid meetodilisi piiranguid, mis mõjutavad saadud seoste tugevust ja tõlgendamist.

Üks oluline piirang oli bioloogiliste proovide ja satelliidiandmete erinev ruumiline ning vertikaalne esindatus. Töös kasutatud veeproovid koguti kindlatest seirejaamadest umbes 5 m sügavuselt, samas kui Sentinel-3 OLCI andmed kirjeldavad ligikaudu 300 m suuruse piksli keskmist optilist signaali peamiselt veepinna lähedasest kihist. Satelliidilt registreeritava veest väljuva signaali vertikaalne esindatus sõltub valguse lainepikkusest ja vee optilistest omadustest. Läänemere optiliselt keerukates vetes võib rohelistes lainepikkustes pärinev signaal ulatuda sügavamast veekihi, samas kui punase ja eriti lähisinfra-puna piirkonna signaal kirjeldab valdavalt õhukest pinnalähedast kihti (Toming jt, 2017; Simis jt, 2017). Seetõttu ei pruugi satelliidipiksel ja veeproov kirjeldada täpselt sama veemassi ega sama fütoplanktoni jaotust. See on eriti oluline tsüanobakteriõitsengute korral, sest tsüanobakterid võivad koonduda veepinna lähedale ning moodustada ebaühtlaselt jaotunud pinnakogumikke. Sellisel juhul võib satelliit registreerida tugeva pindmise õitsengusignaali, samas kui sügavamalt kogutud veeproov kirjeldab seda nõrgemalt või ei kajasta samal määral selle ruumilist varieeruvust (Toming jt, 2017; Cazzaniga jt, 2023). Lisaks võivad hoovused, segunemine ja muu vee liikumine muuta nii

fütoplanktoni kui ka geneetilise materjali paiknemist, mistõttu ei pruugi veeproovist saadud bioloogiline info ja satelliidilt mõõdetud optiline signaal täielikult kattuda. Molekulaarsete andmete puhul suurendab seda erinevust eDNA omadus püsida keskkonnas kauem ning kanduda vee liikumisega algsest päritolukohast eemale. Seega võib eDNA kirjeldada osaliselt varasemat või mujalt transporditud bioloogilist signaali, samas kui satelliit mõõdab proovivõtuajale lähedast pinnakihi optilist seisundit (Giroux jt, 2022; Littlefair jt, 2022; Veilleux jt, 2021).

Molekulaarsete andmete tulemusi võis mõjutada proovivõtu ja laboratoorse töötamise varieeruvus. Keskkonnaproovidest DNA eraldamise efektiivsus võib olla erinev, mistõttu ei pruugi eDNA ja eRNA näitajad alati täpselt kirjeldada organismide tegelikku hulka vees (Bairoliya jt, 2022; Djurhuus jt, 2017; Mäki jt, 2017). See võib osaliselt selgitada, miks eDNA seosed satelliidiandmetega olid nõrgemad kui mikroskoopilise biomassi või klorofüll *a* puhul. eRNA puhul lisandub RNA väiksem stabiilsus ning selles töös ka väiksem valim, mistõttu võisid üksikud vaatlused tulemusi rohkem mõjutada.

Molekulaarsete andmete tõlgendamisel tuleb arvestada ka kasutatud markerite ja järjestuste referentsandmebaasi piirangutega. Kuna järjestuste taksonoomiline kuuluvus määrati NCBI andmebaasi põhjal, sõltus liikide ja rühmade tuvastamine sellest, kas neile vastavad võrdlusjärjestused olid andmebaasis olemas ja õigesti määratud. Kui mõne taksoni kohta puudub piisav võrdlusmaterjal või valitud marker ei võimalda lähedasi liike hästi eristada, võib osa organisme jääda tuvastamata või saada määratud üldisemal tasemel (Bukin jt, 2023; Esenkulova jt, 2020; MacNeil jt, 2022). See võib mõjutada eDNA- ja eRNA-põhiste näitajate seoseid satelliidiandmetega.

Täiendavat ebakindlust võib põhjustada ka laevaliikluse mõju mõõdetavale veekihi. Proovivõtu ja Ferrybox-mõõtmiste ajal võib laeva liikumine segada pinnakihti ning muuta osakeste ja fütoplanktoni lokaalset jaotust. See võib olla eriti oluline pindmiste tsüanobakteri õitsengute korral, kus biomass on koondunud õhukesse ja mehaaniliste häiringute suhtes tundlikku pinnakihti. Sellistes tingimustes võib satelliit registreerida tugeva pinnasignaali, samas kui laevapõhine proov kirjeldab juba osaliselt segunenud veekihti (Kutser, 2004; Reinart ja Kutser, 2006).

Läänemere tingimustes tuleb arvestada ka satelliidi andmete töötlusprotsessoritest tuleneva ebakindlusega. Toming jt (2017) näitasid, et Sentinel-3 OLCI C2RCC töötlusahel andis mitteõitsengu tingimustes üldiselt realistliku peegeldusspektri, kuid tsüanobakterite õitsengute korral võis töötlus eemaldada olulise signaali üle 700 nm lainepikkustel. See on käesoleva töö seisukohalt oluline, sest mitmed kasutatud algoritmid tuginesid punase ja *red-edge* piirkonna lainepikkustele. Seega võib algoritmide toimivus sõltuda sellest, kui hästi atmosfäärikorrektsioon säilitab bioloogiliselt olulise optilise signaali. Sellest tulenevalt võivad nõrgad või ootamatu suunaga seosed bioloogiliste näitajatega tuleneda osaliselt eeltöötuse ja atmosfäärikorrektsiooni piirangutest, mitte üksnes bioloogilise signaali puudumisest.

Satelliitandmete kasutamist piirasid ka ilmastiku- ja vaatlustingimused. Pilvkate, vine ja pilvevarjud vähendasid kasutatavate Sentinel-3 OLCI kujutiste hulka, mistõttu ei olnud võimalik kasutada kõiki proovivõtukuupäevi. Kuigi töös rakendati ± 1 päeva ajavahemikku sobiva kvaliteediga satelliidipiltide leidmiseks, võib ka lühike ajaline nihe mõjutada fütoplanktoni dünaamika tõlgendamist, eriti kiiresti

muutuvate õitsengute korral. Lisaks muudab Läänemere kõrge CDOM-i sisaldus atmosfäärikorrektsiooni keerulisemaks ning võib põhjustada vigu veepeegeldustegurite arvutamisel (Hieronymi jt, 2023; Simis jt, 2017; Toming jt, 2017). Seega ei pruugi osa kasutatud spektraalsetest indeksitest kirjeldada ainult fütoplanktoni muutusi, vaid võivad sisaldada ka teiste optiliselt aktiivsete ainete mõju.

Edasistes uuringutes võiks ühildatud meetodikat täiustada eelkõige proovivõtu täpsema ajastamisega satelliidi ülelennu suhtes. See vähendaks ajalist nihet bioloogiliste proovide ja optilise signaali vahel ning võimaldaks usaldusväärsemalt hinnata, kas satelliitandmed kirjeldavad samaaegset fütoplanktoni kooslust. Samuti oleks oluline kombineerida satelliitandmeid vertikaalsete veesamba profiilmõõtmistega, et selgitada, millisest sügavusest optiline signaal pärineb ja kuidas see seostub fütoplanktoni tegeliku jaotusega veesambas. See on eriti tähtis tsüanobakterite õitsengute korral, kus biomass võib koonduda õhukesse pinnakihti. Lisaks võiks suurendada eDNA ja eriti eRNA andmestike mahtu ning kaasata pikemaajalisi aegridu. See võimaldaks hinnata sesooneid ja aastatevahelisi muutusi usaldusväärsemalt ning kontrollida, kas aktiivse fütoplanktoni ja optiliste näitajate vahelised seosed püsivad erinevates keskkonnatingimustes. Edasist uurimist väärivad ka töö käigus testitud ND-tüüpi spektraalindeksid, eelkõige ND_{510_620}, ND_{510_665}, ND_{510_674}, ND_{560_620}, ND_{560_665} ja ND_{560_674}. Need indeksid näitasid seoseid fütoplanktoni koguarvukuse, tsüanobakteriteta arvukuse, tsüanobakterite biomassi ja osaliselt ka klorofüll α -ga. Kuna need indeksid võrdlevad roheline, punase ja *red-edge* piirkonna lainepikkusi, võivad need peegeldada nii klorofül α kui ka tsüanobakteritele iseloomuliku fükotsüaniini optilist mõju. GRI puhul ilmnesid mõõdukad, kuid statistiliselt mitteolulised seosed mõnede eDNA- ja eRNA/cDNA-põhiste näitajatega, eriti ränivetikate ja dinoflagellaatide eRNA/cDNA andmetega. See võib viidata võimalikule seosele metaboolselt aktiivse fütoplanktoni osaga, kuid vajab kinnitamist suurema valimi ja täpsemini ajastatud proovivõtu abil.

Kokkuvõte

Magistritöö eesmärk oli hinnata Sentinel-3 OLCI satelliidiandmete ühildatavust mikroskoopia, eDNA ja eRNA põhiste fütoplanktoni andmetega Läänemere tingimustes ning hinnata erinevate algoritmide võimet kirjeldada fütoplanktoni biomassi, arvukust ja taksonoomilist koosseisu. Lisaks võrreldi omavahel Sentinel-3A ja Sentinel-3B satelliitide tulemusi ning analüüsiti proovivõtukuupäeva ja ± 1 päeva satelliitvaatluste mõju korrelatsioonidele.

Analüüsi kaasati aastatel 2020–2023 Soome lahe seirejaamadest TH1 ja TH3 kogutud veeproovid ning nendele vastavad Sentinel-3 OLCI satelliitpildid. Satelliitandmete eeltöötlus viidi läbi SNAP tarkvaras ning sobivad vaatlused valiti RGB-komposiitpiltide, spektraalkõverate ja kvaliteedimaskide põhjal. Töös testiti erinevaid kirjanduses kasutatud fütoplanktoni kaugseire algoritme ning lisaks mitmeid spektraalkuju kirjeldavaid ND-indekseid. Bioloogiliste näitajate ja satelliitalgoritmide vahelisi seoseid hinnati Spearmani korrelatsioonanalüüsi abil.

Tulemused näitasid, et kõige tugevamad ja järjepidevamad seosed ilmnisid eelkõige traditsiooniliste bioloogiliste näitajatega, nagu klorofüll a kontsentratsioon, fütoplanktoni biomass ja arvukus. Üldist fütoplanktoni biomassi kirjeldavate algoritmide puhul tulid esile MPH, CHL, NDCI ja *red-edge* piirkonna indeksid, mis viitab nende võimekusele kirjeldada biomassi muutusi Läänemere optiliselt keerukates vetes. Tsüanobakterite näitajate puhul olid olulisemad 620 nm piirkonnaga seotud indeksid, mis peegeldavad fükotsüaniini mõju spektraalsele signaalile. Lisaks ilmnisid mitmete lihtsamate ND-spektriindeksite statistiliselt olulised seosed klorofüll a kontsentratsiooni, tsüanobakterite biomassi ja üldise fütoplanktoni arvukusega. eDNA ja eRNA andmetega esines samuti üksikuid statistiliselt olulisi seoseid, kuid need olid üldiselt nõrgemad ja vähem järjepidevad kui mikroskoopia- ja klorofüll a põhiste näitajate puhul.

Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus näitas, et mõlemad satelliidid andsid üldiselt sarnaseid tulemusi, kuid üksikute algoritmide puhul esines erinevusi korrelatsioonide tugevuses. Proovivõtukuupäeva ja ± 1 päeva andmete võrdlus näitas, et tugevamad korrelatsioonid ilmnisid üldiselt proovivõtukuupäevale vastavate satelliidiandmete kasutamisel. Tulemused rõhutavad, et fütoplanktoni kaugseires mõjutavad saadud seoseid lisaks bioloogilistele protsessidele ka vaatlusgeomeetria, atmosfääritingimused ning veesamba vertikaalne struktuur.

Töö tulemused viitavad, et eDNA ja eRNA andmete ühendamine satelliitkaugseirega on perspektiivikas lähenemine fütoplanktoni koosluste uurimiseks, kuid selle rakendamine vajab ulatuslikumat andmestikkue, täpsemalt ajastatud ja pinnalähedasele veekihile vastavat proovivõttu ning piirkondlikult kalibreeritud algoritme. Läänemere optiliselt keerukates tingimustes tuleb satelliidi andmete tõlgendamisel arvestada nii vee optiliste omaduste, fütoplanktoni koosseisu kui ka proovivõtu ja satelliidi ülelennu vahelise ajalise nihkega. Seega võib kombineeritud lähenemine täiendada traditsioonilist fütoplanktoni seiret, pakkudes paremat arusaama sellest, kuidas bioloogilised muutused kajastuvad kaugseire optilises signaalis.

Tänuavaldused

Täna oma lõputöö juhendajaid Sirje Sildeveri ja Age Aavastet innustava eeskuju, väärtuslike nõuannete, konstruktiivse tagasiside ning pideva toe eest kogu töö valmimise jooksul. Nende põhjalikkus, pühendumus ja asjatundlik juhendamine aitasid oluliselt kaasa nii minu teadmiste arengule kui ka lõputöö valmimisele. Samuti tänan Pille Leesmäge, kelle varasemale tööle tuginedes magistritöö edasi arenes ning kes abistas mind laboratoorsete tööde läbiviimisel, jagas praktilisi nõuandeid ja oli toeks ka töö teistes etappides.

Samuti tänan ka Satoshi Nagai'd sekveneerimisandmete bioinformaatilise töötamise eest ning Asper Biogene OÜ-d ja Tartu Ülikooli genoomika instituudi Genoomika tuumiklaborit töös kasutatud proovide sekveneerimise eest.

Soovin tänada ka oma lähedasi, kes on mulle kogu õpingute vältel kaasa elanud, mind toetanud ja innustanud ning alati edu soovinud.

Kirjanduse loetelu

- Alikas, K., Ansko, I., Vabson, V., Ansper, A., Kangro, K., Uudeberg, K. ja Ligi, M. (2020). Consistency of Radiometric Satellite Data over Lakes and Coastal Waters with Local Field Measurements. *Remote Sensing*, 12(4), 616. <https://doi.org/10.3390/rs12040616>
- Ammar, Y., Niiranen, S., Otto, S. A., Möllmann, C., Finsinger, W. ja Blenckner, T. (2021). The rise of novelty in marine ecosystems: The Baltic Sea case. *Global Change Biology*, 27(7), 1485–1499. <https://doi.org/10.1111/gcb.15503>
- Amplicon, P. C. R., Clean-Up, P. C. R. ja Index, P. C. R. (2013). 16s metagenomic sequencing library preparation. Illumina: San Diego, CA, USA, 21.
- Anderson, D. M., Glibert, P. M. ja Burkholder, J. M. (2002). Harmful algal blooms and eutrophication: Nutrient sources, composition, and consequences. *Estuaries*, 25(4), 704–726. <https://doi.org/10.1007/bf02804901>
- Andersson, A., Meier, H. E. M., Ripszam, M., Rowe, O., Wikner, J., Haglund, P., Eilola, K., Legrand, C., Figueroa, D., Paczkowska, J., Lindehoff, E., Tysklind, M. ja Elmgren, R. (2015). Projected future climate change and Baltic Sea ecosystem management. *AMBIO*, 44(S3), 345–356. <https://doi.org/10.1007/s13280-015-0654-8>
- Bairoliya, S., Xiang, J. K. Z. ja Cao, B. (2022). Extracellular DNA in environmental samples: occurrence, extraction, quantification, and impact on microbial biodiversity assessment. *Applied and Environmental Microbiology*, 88(3). <https://doi.org/10.1128/aem.01845-21>
- Bauknecht, R., Pellissier, L., Brosse, S., Prié, V., Lopes-Lima, M., Beja, P., Goralczyk, M. K., Fernandez, A. P., Moreno-Tilano, J. A., Neme, R., Gonzalez, M. A. ja Zong, S. (2025). Combining environmental DNA and remote sensing variables to model fish biodiversity in tropical river ecosystems. *Ecological Informatics*, 90, 103251. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2025.103251>
- Berdalet, E., Fleming, L. E., Gowen, R., Davidson, K., Hess, P., Backer, L. C., Moore, S. K., Hoagland, P. ja Enevoldsen, H. (2015). Marine harmful algal blooms, human health and wellbeing: challenges and opportunities in the 21st century. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 96(1), 61–91. <https://doi.org/10.1017/s0025315415001733>
- Binding, C., Greenberg, T. ja Bukata, R. (2013). The MERIS Maximum Chlorophyll Index; its merits and limitations for inland water algal bloom monitoring. *Journal of Great Lakes Research*, 39, 100–107. <https://doi.org/10.1016/j.jglr.2013.04.005>
- Boyd, P. W., Claustre, H., Levy, M., Siegel, D. A. ja Weber, T. (2019). Multi-faceted particle pumps drive carbon sequestration in the ocean. *Nature*, 568(7752), 327–335. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1098-2>

- Bricaud, A., Babin, M., Morel, A. ja Claustre, H. (1995). Variability in the chlorophyll-specific absorption coefficients of natural phytoplankton: Analysis and parameterization. *Journal of Geophysical Research Atmospheres*, 100(C7), 13321–13332. <https://doi.org/10.1029/95jc00463>
- Brockmann, C., Doerffer, R., Peters, M., Stelzer, K., Embacher, S. ja Ruescas, A. B. (2016). Evolution of the C2RCC neural Network for Sentinel 2 and 3 for the retrieval of ocean colour products in normal and extreme optically complex waters. *Living Planet Symposium*, 740, 54.
- Brown, O. B., Evans, R. H., Brown, J. W., Gordon, H. R., Smith, R. C. ja Baker, K. S. (1985). Phytoplankton blooming off the U.S. east Coast: A satellite description. *Science*, 229(4709), 163–167. <https://doi.org/10.1126/science.229.4709.163>
- Bukin, Y. S., Mikhailov, I. S., Petrova, D. P., Galachyants, Y. P., Zakharova, Y. R. ja Likhoshway, Y. V. (2023). The effect of metabarcoding 18S rRNA region choice on diversity of microeukaryotes including phytoplankton. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 39(9), 229. <https://doi.org/10.1007/s11274-023-03678-1>
- C2RCC. (2026). Documentation – C2RCC. <https://c2rcc.org/documentation/>
- Canuti, E. ja Penna, A. (2024). Dynamics of phytoplankton communities in the Baltic Sea: insights from a multi-dimensional analysis of pigment and spectral data—part I, pigment dataset. *Frontiers in Marine Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1425347>
- Cazzaniga, I., Zibordi, G. ja Mélin, F. (2023). Spectral features of ocean colour radiometric products in the presence of cyanobacteria blooms in the Baltic Sea. *Remote Sensing of Environment*, 287, 113464. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2023.113464>
- Cetinić, I., Rousseaux, C. S., Carroll, I. T., Chase, A. P., Kramer, S. J., Werdell, P. J., Siegel, D. A., Dierssen, H. M., Catlett, D., Neeley, A., Ramos, I. M. S., Wolny, J. L., Sadoff, N., Urquhart, E., Westberry, T. K., Stramski, D., Pahlevan, N., Seegers, B. N., Sirk, E., . . . Sayers, M. (2024). Phytoplankton composition from sPACE: Requirements, opportunities, and challenges. *Remote Sensing of Environment*, 302, 113964. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2023.113964>
- Chavez, F. P., Min, M., Pitz, K., Truelove, N., Baker, J., LaScala-Grunewald, D., Blum, M., Walz, K., Nye, C., Djurhuus, A., Miller, R. J., Goodwin, K. D., Muller-Karger, F. E., Ruhl, H. A. ja Scholin, C. A. (2021). Observing life in the sea using environmental DNA. *Oceanography*, 34(2), 102–119. <https://doi.org/10.5670/oceanog.2021.218>
- Cloern, J. E. ja Jassby, A. D. (2009). Patterns and scales of phytoplankton variability in Estuarine–Coastal ecosystems. *Estuaries and Coasts*, 33(2), 230–241. <https://doi.org/10.1007/s12237-009-9195-3>

- Closek, C., Claassens, L. ja Killeen, H. J. (2025). 12. Modern marine conservation using environmental nucleic acids (eDNA and eRNA). In Open Book Publishers (pp. 189–202). <https://doi.org/10.11647/obp.0395.12>
- Copernicus browser. (i.a.). Kasutatud 11.11.2025, <https://browser.dataspace.copernicus.eu/>
- Darecki, M., Weeks, A., Sagan, S., Kowalczyk, P. ja Kaczmarek, S. (2003). Optical characteristics of two contrasting Case 2 waters and their influence on remote sensing algorithms. *Continental Shelf Research*, 23(3–4), 237–250. [https://doi.org/10.1016/s0278-4343\(02\)00222-4](https://doi.org/10.1016/s0278-4343(02)00222-4)
- Djurhuus, A., Closek, C. J., Kelly, R. P., Pitz, K. J., Michisaki, R. P., Starks, H. A., Walz, K. R., Andruszkiewicz, E. A., Olesin, E., Hubbard, K., Montes, E., Otis, D., Muller-Karger, F. E., Chavez, F. P., Boehm, A. B. ja Breitbart, M. (2020). Environmental DNA reveals seasonal shifts and potential interactions in a marine community. *Nature Communications*, 11(1), 254. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-14105-1>
- Djurhuus, A., Port, J., Closek, C. J., Yamahara, K. M., Romero-Maraccini, O., Walz, K. R., Goldsmith, D. B., Michisaki, R., Breitbart, M., Boehm, A. B. ja Chavez, F. P. (2017). Evaluation of Filtration and DNA Extraction Methods for Environmental DNA Biodiversity Assessments across Multiple Trophic Levels. *Frontiers in Marine Science*, 4. <https://doi.org/10.3389/fmars.2017.00314>
- Doerffer, R. ja Schiller, H. (2007). The MERIS Case 2 water algorithm. *International Journal of Remote Sensing*, 28(3–4), 517–535. <https://doi.org/10.1080/01431160600821127>
- Dzhembekova, N., Moncheva, S., Ivanova, P., Slabakova, N. ja Nagai, S. (2018). Biodiversity of phytoplankton cyst assemblages in surface sediments of the Black Sea based on metabarcoding. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(6), 1507–1513. <https://doi.org/10.1080/13102818.2018.1532816>
- Esenkulova, S., Sutherland, B. J., Tabata, A., Haigh, N., Pearce, C. M. ja Miller, K. M. (2020). Comparing metabarcoding and morphological approaches to identify phytoplankton taxa associated with harmful algal blooms. *FACETS*, 5(1), 784–811. <https://doi.org/10.1139/facets-2020-0025>
- EUMETSAT. (2025). Sentinel-3 OLCI level 1 data guide. EUMETSAT User Portal. Kasutatud 31.12.2025, <https://user.eumetsat.int/resources/user-guides/sentinel-3-olci-level-1-data-guide>
- European Space Agency. (2025a). S3 Mission. Kasutatud 31.12.2025, <https://sentiwiki.copernicus.eu/web/s3-mission>
- European Space Agency. (2025b). S3 OLCI Instrument. Kasutatud 31.12.2025, <https://sentiwiki.copernicus.eu/web/s3-olci-instrument>
- European Space Agency. (2026). MphChlTool. Kasutatud 28.04.2026 <https://step.esa.int/main/wp-content/help/versions/9.0.0/snap-toolboxes/org.esa.s3tbx.s3tbx.mphchl/MphChlTool.html>

- Field, C. B., Behrenfeld, M. J., Randerson, J. T. ja Falkowski, P. (1998). Primary production of the biosphere: integrating terrestrial and oceanic components. *Science (New York, N.Y.)*, 281(5374), 237–240. <https://doi.org/10.1126/science.281.5374.237>
- Forsblom, L., Engström-Öst, J., Lehtinen, S., Lips, I. ja Lindén, A. (2019). Environmental variables driving species and genus level changes in annual plankton biomass. *Journal of Plankton Research*, 41(6), 925–938. <https://doi.org/10.1093/plankt/fbz063>
- Gasiūnaitė, Z., Cardoso, A., Heiskanen, A., Henriksen, P., Kauppila, P., Olenina, I., Pilkaitytė, R., Purina, I., Razinkovas, A., Sagert, S., Schubert, H. ja Wasmund, N. (2005). Seasonality of coastal phytoplankton in the Baltic Sea: Influence of salinity and eutrophication. *Estuarine Coastal and Shelf Science*, 65(1–2), 239–252. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2005.05.018>
- Giroux, M. S., Reichman, J. R., Langknecht, T., Burgess, R. M. ja Ho, K. T. (2022). Environmental RNA as a tool for Marine Community biodiversity assessments. *Scientific Reports*, 12(1), 17782. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-22198-w>
- Gitelson, A. A., Dall’Olmo, G., Moses, W., Rundquist, D. C., Barrow, T., Fisher, T. R., Gurlin, D. ja Holz, J. (2008). A simple semi-analytical model for remote estimation of chlorophyll-a in turbid waters: Validation. *Remote Sensing of Environment*, 112(9), 3582–3593. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2008.04.015>
- Gittings, J. A., Livanou, E., Sun, X., Brewin, R. J. W., Psarra, S., Mandalakis, M., Peltekis, A., Di Cicco, A., Brando, V. E. ja Raitsos, D. E. (2025). Remotely Sensing Phytoplankton Size Structure in the Mediterranean Sea: Insights from In Situ Data and Temperature-Corrected Abundance-Based Models. *Remote Sensing*, 17(14), 2362. <https://doi.org/10.3390/rs17142362>
- Gower, J. F. R., Doerffer, R. ja Borstad, G. A. (1999). Interpretation of the 685nm peak in water-leaving radiance spectra in terms of fluorescence, absorption and scattering, and its observation by MERIS. *International Journal of Remote Sensing*, 20(9), 1771–1786. <https://doi.org/10.1080/014311699212470>
- Gower, J., King, S., Borstad, G. A. ja Brown, L. (2005). Detection of intense plankton blooms using the 709 nm band of the MERIS imaging spectrometer. *International Journal of Remote Sensing*, 26(9), 2005–2012. <https://doi.org/10.1080/01431160500075857>
- Gower, J., King, S. ja Goncalves, P. (2008). Global monitoring of plankton blooms using MERIS MCI. *International Journal of Remote Sensing*, 29(21), 6209–6216. <https://doi.org/10.1080/01431160802178110>
- Gran-Stadniczeňko, S., Egge, E., Hostyeva, V., Logares, R., Eikrem, W. ja Edvardsen, B. (2018). Protist diversity and seasonal dynamics in Skagerrak Plankton communities as revealed by metabarcoding and microscopy. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 66(3), 494–513. <https://doi.org/10.1111/jeu.12700>

- Griffiths, J. R., Lehtinen, S., Suikkanen, S. ja Winder, M. (2020). Limited evidence for common interannual trends in Baltic Sea summer phytoplankton biomass. *PLoS ONE*, 15(4), e0231690. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231690>
- Groom, S., Sathyendranath, S., Ban, Y., Bernard, S., Brewin, R., Brotas, V., Brockmann, C., Chauhan, P., Choi, J., Chuprin, A., Ciavatta, S., Cipollini, P., Donlon, C., Franz, B., He, X., Hirata, T., Jackson, T., Kampel, M., Krasemann, H., . . . Wang, M. (2019). Satellite Ocean Colour: current status and future perspective. *Frontiers in Marine Science*, 6, 1–30. <https://doi.org/10.3389/fmars.2019.00485>
- Heisler, J., Glibert, P., Burkholder, J., Anderson, D., Cochlan, W., Dennison, W., Dortch, Q., Gobler, C., Heil, C., Humphries, E., Lewitus, A., Magnien, R., Marshall, H., Sellner, K., Stockwell, D., Stoecker, D. ja Suddleson, M. (2008). Eutrophication and harmful algal blooms: A scientific consensus. *Harmful Algae*, 8(1), 3–13. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2008.08.006>
- HELCOM (2023): State of the Baltic Sea. Third HELCOM holistic assessment 2016-2021. Baltic Sea Environment Proceedings n°194. https://helcom.fi/post_type/publ/holas3_sob
- HELCOM (2024). Guidelines on monitoring of phytoplankton species composition, abundance and biomass. Kasutatud 14.04.2026, <https://helcom.fi/wp-content/uploads/2024/09/Guidelines-for-monitoring-of-phytoplankton-species-composition-abundance-and-biomass.pdf>
- Hieronymi, M., Behr, D., Bi, S. ja Röttgers, R. (2026). Optical complexity of North Sea, Baltic Sea, and adjacent coastal and inland waters derived from Sentinel-3 OLCI satellite data. *Earth System Science Data*, 18(2), 1307–1329. <https://doi.org/10.5194/essd-18-1307-2026>
- Hieronymi, M., Bi, S., Müller, D., Schütt, E. M., Behr, D., Brockmann, C., Lebreton, C., Steinmetz, F., Stelzer, K. ja Vanhellefont, Q. (2023). Ocean color atmospheric correction methods in view of usability for different optical water types. *Frontiers in Marine Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmars.2023.1129876>
- Hjerne, O., Hajdu, S., Larsson, U., Downing, A. S. ja Winder, M. (2019). Climate driven changes in timing, composition and magnitude of the Baltic Sea phytoplankton spring bloom. *Frontiers in Marine Science*, 6. <https://doi.org/10.3389/fmars.2019.00482>
- Hourany, R. E., Karlusich, J. P., Zinger, L., Loisel, H., Levy, M. ja Bowler, C. (2024). Linking satellites to genes with machine learning to estimate phytoplankton community structure from space. *Ocean Science*, 20(1), 217–239. <https://doi.org/10.5194/os-20-217-2024>
- Huisman, J., Van Oostveen, P. ja Weissing, F. J. (1999). Critical depth and critical turbulence: Two different mechanisms for the development of phytoplankton blooms. *Limnology and Oceanography*, 44(7), 1781–1787. <https://doi.org/10.4319/lo.1999.44.7.1781>

- Hällfors, G. (2004). Checklist of Baltic Sea phytoplankton species (including some heterotrophic protistan groups) (Baltic Sea Environment Proceedings No. 95). Helsinki Commission. <https://www.helcom.fi/wp-content/uploads/2019/10/BSEP95.pdf>
- IOCCG (2000). Remote Sensing of Ocean Colour in Coastal, and Other Optically-Complex, Waters. Sathyendranath, S. (ed.), *Reports of the International Ocean-Colour Coordinating Group, No. 3, IOCCG, Dartmouth, Canada.*
- IOCCG (2006). Remote Sensing of Inherent Optical Properties: Fundamentals, Tests of Algorithms, and Applications. Lee, Z.-P. (ed.), *Reports of the International Ocean-Colour Coordinating Group, No. 5, IOCCG, Dartmouth, Canada.*
- IOCCG (2010). Atmospheric Correction for Remotely-Sensed Ocean-Colour Products. Wang, M. (ed.), *Reports of the International Ocean-Colour Coordinating Group, No. 10, IOCCG, Dartmouth, Canada.*
- IOCCG (2014). Phytoplankton Functional Types from Space. Sathyendranath, S. (ed.), *Reports of the International Ocean-Colour Coordinating Group, No. 15, IOCCG, Dartmouth, Canada.*
- IOCCG (2018). Earth Observations in Support of Global Water Quality Monitoring. (eds. Greb, S.; Dekker, A.; Binding, C.), *IOCCG Report Series, No. 17, International Ocean Colour Coordinating Group, Dartmouth, Canada.*
- IOCCG (2019). Uncertainties in Ocean Colour Remote Sensing. Mélin F. (ed.), *IOCCG Report Series, No. 18, International Ocean Colour Coordinating Group, Dartmouth, Canada.* <http://dx.doi.org/10.25607/OBP696>
- Jaanus, A. (2011). Phytoplankton in Estonian coastal waters – variability, trends and response to environmental pressures. <http://hdl.handle.net/10062/17523>
- Joint, I. ja Groom, S. B. (2000). Estimation of phytoplankton production from space: current status and future potential of satellite remote sensing. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 250(1–2), 233–255. [https://doi.org/10.1016/s0022-0981\(00\)00199-4](https://doi.org/10.1016/s0022-0981(00)00199-4)
- Kagzi, K., Hechler, R. M., Fussmann, G. F. ja Cristescu, M. E. (2022). Environmental RNA degrades more rapidly than environmental DNA across a broad range of pH conditions. *Molecular Ecology Resources*, 22(7), 2640–2650. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13655>
- Kaneko, H., Endo, H., Henry, N., Berney, C., Mahé, F., Poulain, J., Labadie, K., Beluche, O., Hourany, R. E., Coordinators, T. O., Acinas, S. G., Babin, M., Bork, P., Bowler, C., Cochrane, G., De Vargas, C., Gorsky, G., Guidi, L., Grimsley, N., . . . Ogata, H. (2023). Predicting global distributions of eukaryotic plankton communities from satellite data. *ISME Communications*, 3(1), 101. <https://doi.org/10.1038/s43705-023-00308-7>

- Karjalainen, M., Engström-Öst, J., Korpinen, S., Peltonen, H., Pääkkönen, J. P., Rönkkönen, S., ... Viitasalo, M. (2007). Ecosystem consequences of cyanobacteria in the northern Baltic Sea. *AMBIO: A Journal of the Human Environment*, 36(2), 195-202.
- Keskkonnaagentuur. (i.a). Keskkonnaseire infosüsteem. <https://kese.envir.ee/>
- Keskkonnaministeerium. (2020). Eesti mereala seire ja andmekogumise programm perioodiks 2021-2026. Kasutatud 11.11.2025, <https://kliimaministeerium.ee/media/290/download>
- Kirk, J. T. O. (2011). Light and photosynthesis in aquatic ecosystems (3rd ed.). Cambridge University Press.
- Klais, R., Tamminen, T., Kremp, A., Spilling, K. ja Olli, K. (2011). Decadal-Scale changes of dinoflagellates and diatoms in the anomalous Baltic Sea spring bloom. *PLoS ONE*, 6(6), e21567. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0021567>
- Konik, M., Bradtke, K., Stoń-Egiert, J., Soja-Woźniak, M., Śliwińska-Wilczewska, S. ja Darecki, M. (2023). Cyanobacteria Index as a tool for the satellite detection of cyanobacteria blooms in the Baltic Sea. *Remote Sensing*, 15(6), 1601. <https://doi.org/10.3390/rs15061601>
- Kratzer, S. ja Moore, G. (2018). Inherent optical properties of the Baltic Sea in comparison to other seas and oceans. *Remote Sensing*, 10(3), 418. <https://doi.org/10.3390/rs10030418>
- Kritten, L. (2021). Study on the Ocean Colour Fluorescence Product. https://www-cdn.eumetsat.int/files/2020-07/pdf_ss_olci_fluo_atbd.pdf
- Kutser, T. (2004). Quantitative detection of chlorophyll in cyanobacterial blooms by satellite remote sensing. *Limnology and Oceanography*, 49(6), 2179–2189. <https://doi.org/10.4319/lo.2004.49.6.2179>
- Kutser, T. (2009). Passive optical remote sensing of cyanobacteria and other intense phytoplankton blooms in coastal and inland waters. *International Journal of Remote Sensing*, 30(17), 4401–4425. <https://doi.org/10.1080/01431160802562305>
- Kutser, T., Metsamaa, L., Strömbeck, N. ja Vahtmäe, E. (2006). Monitoring cyanobacterial blooms by satellite remote sensing. *Estuarine Coastal and Shelf Science*, 67(1–2), 303–312. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2005.11.024>
- Kutser, T., Soomets, T., Toming, K., Uiboupin, R., Arikas, A., Vahter, K. ja Paavel, B. (2018). Assessing the Baltic Sea water quality with Sentinel-3 OLCI imagery. In *2018 IEEE/OES Baltic International Symposium (BALTIC)* (pp. 1–6). IEEE. <https://doi.org/10.1109/BALTIC.2018.8634849>
- Kyryliuk, D., ja Kratzer, S. (2019). Evaluation of Sentinel-3A OLCI Products Derived Using the Case-2 Regional CoastColour Processor over the Baltic Sea. *Sensors*, 19(16), 3609. <https://doi.org/10.3390/s19163609>

- Lan, J., Liu, P., Hu, X. ja Zhu, S. (2024). Harmful algal blooms in eutrophic marine environments: Causes, monitoring, and treatment. *Water*, 16(17), 2525. <https://doi.org/10.3390/w16172525>
- Leesmäe, P. (2025). Fütoplanktoni kooslused Soome lahes keskkonna DNA ja RNA põhjal võrreldes mikroskoopiaga [Tallinna Tehnika Ülikool]. *TalTech raamatukogu digikogu*. <https://digikogu.taltech.ee/et/Item/252fce2a-3dc8-4570-9430-b8d61262af26>
- Li, Y., Devenish, C., Tosa, M. I., Luo, M., Bell, D. M., Lesmeister, D. B., Greenfield, P., Pichler, M., Levi, T. ja Yu, D. W. (2024). Combining environmental DNA and remote sensing for efficient, fine-scale mapping of arthropod biodiversity. *Philosophical Transactions of the Royal Society B Biological Sciences*, 379(1904), 20230123. <https://doi.org/10.1098/rstb.2023.0123>
- Ligi, M., Kutser, T., Kallio, K., Attila, J., Koponen, S., Paavel, B., Soomets, T. ja Reinart, A. (2017). Testing the performance of empirical remote sensing algorithms in the Baltic Sea waters with modelled and in situ reflectance data. *Oceanologia*, 59(1), 57–68. <https://doi.org/10.1016/j.oceano.2016.08.002>
- Lillesand, T., Kiefer, R. W. ja Chipman, J. (2015). Remote sensing and image interpretation. *John Wiley & Sons*.
- Lin, X., Li, K., Zhao, H., Gao, Y., Zhang, Z., Wang, L., Wang, X., Sanganyado, E., Zheng, Z., Gutang, Q., Liu, S., Li, P., Yan, X., Chen, Z., Lin, J. ja Liu, W. (2024). Seasonal changes of plankton community and its influencing factors in subtropical coastal marine areas revealed by eDNA-based network analysis. *Frontiers in Marine Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1416359>
- Littlefair, J. E., Rennie, M. D. ja Cristescu, M. E. (2022). Environmental nucleic acids: A field-based comparison for monitoring freshwater habitats using eDNA and eRNA. *Molecular Ecology Resources*, 22(8), 2928–2940. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13671>
- MacNeil, L., Desai, D. K., Costa, M. ja LaRoche, J. (2022). Combining multi-marker metabarcoding and digital holography to describe eukaryotic plankton across the Newfoundland Shelf. *Scientific Reports*, 12(1), 13078. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-17313-w>
- Marchese, C., Zoffoli, M. L., Ramond, P., Logares, R., Bouget, F., Galand, P. E., Tinta, T., Orel, N., Volpe, G., Landolfi, A. ja Organelli, E. (2026). Machine learning-driven mapping of prokaryotic community diversity in the Mediterranean Sea using omics, earth observation, and model data. *Ecological Informatics*, 95, 103747. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2026.103747>
- Marshall, N. T., Vanderploeg, H. A. ja Chaganti, S. R. (2021). Environmental (e)RNA advances the reliability of eDNA by predicting its age. *Scientific Reports*, 11(1), 2769. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82205-4>
- Mazur-Marzec, H., Andersson, A. F., Błaszczuk, A., Dąbek, P., Górecka, E., Grabski, M., Jankowska, K., Jurczak-Kurek, A., Kaczorowska, A. K., Kaczorowski, T., Karlson, B., Katarżyte, M., Kobos, J.,

- Kotlarska, E., Krawczyk, B., Łuczkiwicz, A., Piwosz, K., Rybak, B., Rychert, K., . . . Węgrzyn, A. (2024). Biodiversity of microorganisms in the Baltic Sea: the power of novel methods in the identification of marine microbes. *FEMS Microbiology Reviews*, 48(5). <https://doi.org/10.1093/femsre/fuae024>
- Matthews, M. W. (2011). A current review of empirical procedures of remote sensing in inland and near-coastal transitional waters. *International Journal of Remote Sensing*, 32(21), 6855–6899.
- Matthews, M. W., Bernard, S. ja Robertson, L. (2012). An algorithm for detecting trophic status (chlorophyll-a), cyanobacterial-dominance, surface scums and floating vegetation in inland and coastal waters. *Remote Sensing of Environment*, 124, 637–652. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2012.05.032>
- Matthews, M. W. ja Odermatt, D. (2015). Improved algorithm for routine monitoring of cyanobacteria and eutrophication in inland and near-coastal waters. *Remote Sensing of Environment*, 156, 374–382. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2014.10.010>
- Mishra, S. ja Mishra, D. R. (2012). Normalized difference chlorophyll index: A novel model for remote estimation of chlorophyll-a concentration in turbid productive waters. *Remote Sensing of Environment*, 117, 394–406. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2011.10.016>
- Mishra, S. ja Mishra, D. R. (2014). A novel remote sensing algorithm to quantify phycocyanin in cyanobacterial algal blooms. *Environmental Research Letters*, 9(11), 114003. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/9/11/114003>
- Mobley, C. D. (1994). Light and water: Radiative transfer in natural waters. Academic Press.
- Mobley, C. D. (2022) The Oceanic Optics Book. Dartmouth, NS, Canada, International Ocean Colour Coordinating Group (IOCCG). <http://dx.doi.org/10.25607/OBP-1710>
- Moisan, T. A., Rufty, K. M., Moisan, J. R. ja Linkswiler, M. A. (2017). Satellite observations of phytoplankton functional type spatial distributions, phenology, diversity, and ecotones. *Frontiers in Marine Science*, 4. <https://doi.org/10.3389/fmars.2017.00189>
- Morel, A. ja Prieur, L. (1977). Analysis of variations in ocean color. *Limnology and Oceanography*, 22(4), 709–722. <https://doi.org/10.4319/lo.1977.22.4.0709>
- Mouw, C. B., Greb, S., Aurin, D., DiGiacomo, P. M., Lee, Z., Twardowski, M., Binding, C., Hu, C., Ma, R., Moore, T., Moses, W. ja Craig, S. E. (2015). Aquatic color radiometry remote sensing of coastal and inland waters: Challenges and recommendations for future satellite missions. *Remote Sensing of Environment*, 160, 15–30. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2015.02.001>
- Mouw, C. B., Hardman-Mountford, N. J., Alvain, S., Bracher, A., Brewin, R. J. W., Bricaud, A., Ciotti, A. M., Devred, E., Fujiwara, A., Hirata, T., Hirawake, T., Kostadinov, T. S., Roy, S. ja Uitz, J. (2017). A

- Consumer's guide to satellite remote sensing of multiple phytoplankton groups in the global Ocean. *Frontiers in Marine Science*, 4. <https://doi.org/10.3389/fmars.2017.00041>
- Mäki, A., Salmi, P., Mikkonen, A., Kremp, A. ja Tirola, M. (2017). Sample preservation, DNA or RNA extraction and data analysis for High-Throughput Phytoplankton community sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 8, 1848. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01848>
- Nagai, S., Sildever, S., Nishi, N., Tazawa, S., Basti, L., Kobayashi, T. ja Ishino, Y. (2022). Comparing PCR-generated artifacts of different polymerases for improved accuracy of DNA metabarcoding. *Metabarcoding and Metagenomics*, 6, e77704. <https://doi.org/10.3897/mbmg.6.77704>
- Nair, A., Sathyendranath, S., Platt, T., Morales, J., Stuart, V., Forget, M., Devred, E. ja Bouman, H. (2008). Remote sensing of phytoplankton functional types. *Remote Sensing of Environment*, 112(8), 3366–3375. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2008.01.021>
- NASA Earthdata. (2026a). Moderate Resolution Imaging Spectroradiometer (MODIS). NASA. Kasutatud 17.03.2026, <https://www.earthdata.nasa.gov/data/instruments/modis>
- NASA Earthdata. (2026b). Sentinel-2 Multispectral Imager (MSI). NASA. Kasutatud 17.03.2026, <https://www.earthdata.nasa.gov/data/instruments/sentinel-2-msi>
- NASA Science. (2025). Spectral bands and applications. Kasutatud 17.03.2026, <https://science.nasa.gov/mission/landsat/spectral-bands-and-applications/>
- Ogashawara, I. (2019). Advances and limitations of using satellites to monitor cyanobacterial harmful algal blooms. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 31, e103.
- Ojaveer, H., Jaanus, A., MacKenzie, B. R., Martin, G., Olenin, S., Radziejewska, T., Telesh, I., Zettler, M. L. ja Zaiko, A. (2010). Status of biodiversity in the Baltic Sea. *PLoS ONE*, 5(9), e12467. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0012467>
- Olli, K. (2026) Long-term changes in phytoplankton phenology, biomass, and community structure in the northern Baltic Sea, EGU sphere. [preprint], <https://doi.org/10.5194/egusphere-2026-811>
- Olli, K., Klais, R., Tamminen, T., Ptacnik, R. ja Andersen, T. (2011). Long term changes in the Baltic Sea phytoplankton community. *Boreal Environment Research*, 16, 3.
- Olofsson, M., Suikkanen, S., Kobos, J., Wasmund, N. ja Karlson, B. (2020). Basin-specific changes in filamentous cyanobacteria community composition across four decades in the Baltic Sea. *Harmful Algae*, 91, 101685. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2019.101685>
- Pahlevan, N., Smith, B., Schalles, J., Binding, C., Cao, Z., Ma, R., Alikas, K., Kangro, K., Gurlin, D., Hà, N., Matsushita, B., Moses, W., Greb, S., Lehmann, M. K., Ondrusek, M., Oppelt, N. ja Stumpf, R.

- (2020). Seamless retrievals of chlorophyll-a from Sentinel-2 (MSI) and Sentinel-3 (OLCI) in inland and coastal waters: A machine-learning approach. *Remote Sensing of Environment*, 240, 111604. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2019.111604>
- Penna, A., ja Galluzzi, L. (2012). The quantitative real-time PCR applications in the monitoring of marine harmful algal bloom (HAB) species. *Environmental Science and Pollution Research*, 20(10), 6851–6862. <https://doi.org/10.1007/s11356-012-1377-z>
- Preisendorfer, R. W. (1976). Hydrologic optics : Volume I - Introduction.
- Qi, L., Hu, C., Duan, H., Cannizzaro, J. ja Ma, R. (2014). A novel MERIS algorithm to derive cyanobacterial phycocyanin pigment concentrations in a eutrophic lake: Theoretical basis and practical considerations. *Remote Sensing of Environment*, 154, 298–317. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2014.08.026>
- Qin, P., Simis, S. G. ja Tilstone, G. H. (2017). Radiometric validation of atmospheric correction for MERIS in the Baltic Sea based on continuous observations from ships and AERONET-OC. *Remote Sensing of Environment*, 200, 263–280. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2017.08.024>
- R Core Team. (2025a). *cor.test: Test for association/correlation between paired samples*. In *R stats package manual*. R Foundation for Statistical Computing. <https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/stats/html/cor.test.html>
- R Core Team. (2025b). *p.adjust: Adjust P-values for multiple comparisons*. In *R stats package manual*. R Foundation for Statistical Computing. <https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/stats/html/p.adjust.html>
- R Core Team. (2025c). *shapiro.test: Shapiro-Wilk normality test*. In *R stats package manual*. R Foundation for Statistical Computing. <https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/stats/html/shapiro.test.html>
- Rahn, I., Kangro, K., Jaanus, A. ja Alikas, K. (2023). Application of Satellite-Derived Summer bloom Indicators for Estonian coastal waters of the Baltic Sea. *Applied Sciences*, 13(18), 10211. <https://doi.org/10.3390/app131810211>
- Reinart, A. ja Kutser, T. (2006). Comparison of different satellite sensors in detecting cyanobacterial bloom events in the Baltic Sea. *Remote Sensing of Environment*, 102(1–2), 74–85. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2006.02.013>
- Reynolds, C. S. (2006). *The ecology of phytoplankton*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/cbo9780511542145>
- Riha, S. ja Krawczyk, H. (2013). Remote sensing of cyanobacteria and green algae in the Baltic Sea. In *Proceedings of ASPRS 2013 Annual Conference* (pp. 1–8). ASPRS. <https://elib.dlr.de/70918/1/Riha.pdf>

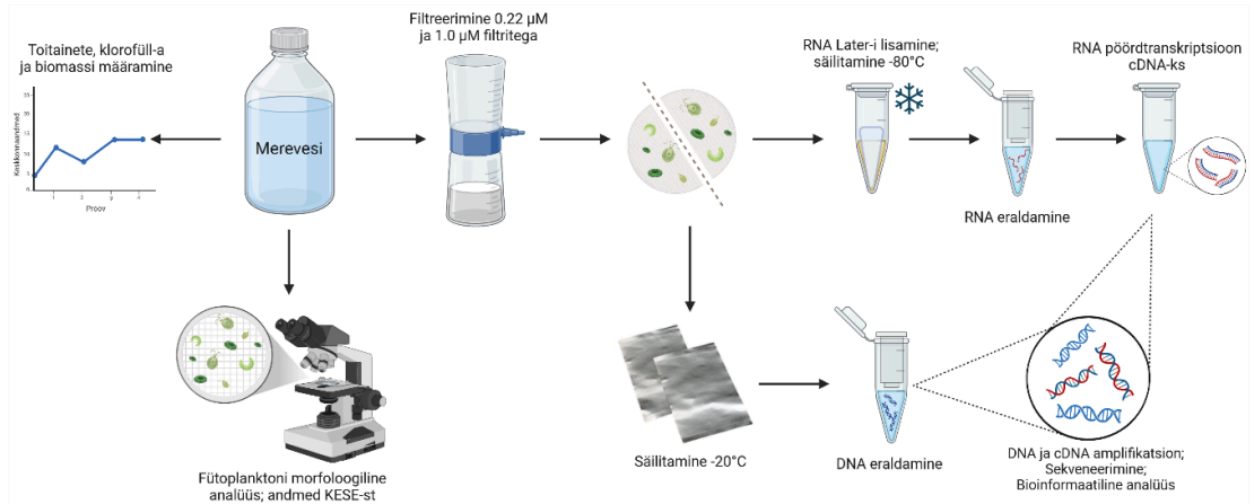
- Ruppert, K. M., Kline, R. J. ja Rahman, M. S. (2019). Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation*, 17, e00547. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>
- Salama, M. S., Spaias, L., Poser, K., Peters, S. ja Laanen, M. (2022). Validation of Sentinel-2 (MSI) and Sentinel-3 (OLCI) water quality products in turbid estuaries using fixed monitoring stations. *Frontiers in Remote Sensing*, 2. <https://doi.org/10.3389/frsen.2021.808287>
- Salls, W., Schaeffer, B., Pahlevan, N., Coffey, M., Seegers, B., Werdell, P., Ferriby, H., Stumpf, R., Binding, C. ja Keith, D. (2024). Expanding the Application of Sentinel-2 Chlorophyll Monitoring across United States Lakes. *Remote Sensing*, 16(11), 1977. <https://doi.org/10.3390/rs16111977>
- Seppälä, J., Ylöstalo, P. ja Kuosa, H. (2005). Spectral absorption and fluorescence characteristics of phytoplankton in different size fractions across a salinity gradient in the Baltic Sea. *International Journal of Remote Sensing*, 26(2), 387–414. <https://doi.org/10.1080/01431160410001723682>
- Sildever, S., Kawakami, Y., Kanno, N., Kasai, H., Shiimoto, A., Katakura, S. ja Nagai, S. (2019). Toxic HAB species from the Sea of Okhotsk detected by a metagenetic approach, seasonality and environmental drivers. *Harmful Algae*, 87, 101631. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2019.101631>
- Sildever, S., Laas, P., Kolesova, N., Lips, I., Lips, U. ja Nagai, S. (2021). Plankton biodiversity and species co-occurrence based on environmental DNA – a multiple marker study. *Metabarcoding and Metagenomics*, 5. <https://doi.org/10.3897/mbmg.5.72371>
- Sildever, S., Nishi, N., Tazawa, S., Kasai, H., Hirai, J., Shiimoto, A., Kikuchi, T., Katakura, S. ja Nagai, S. (2023). Eight years of weekly eDNA monitoring in the North-Western Pacific. *Environmental DNA*, 5(6), 1202–1215. <https://doi.org/10.1002/edn3.452>
- Simis, S. G. H., Peters, S. W. M. ja Gons, H. J. (2005). Remote sensing of the cyanobacterial pigment phycocyanin in turbid inland water. *Limnology and Oceanography*, 50 (1), 237–245. <https://doi.org/10.4319/lo.2005.50.1.0237>
- Simis, S. G. H., Ylöstalo, P., Kallio, K. Y., Spilling, K. ja Kutser, T. (2017). Contrasting seasonality in optical-biogeochemical properties of the Baltic Sea. *PLoS ONE*, 12(4), e0173357. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0173357>
- Simon, N., Cras, A., Foulon, E. ja Lemée, R. (2008). Diversity and evolution of marine phytoplankton. *Comptes Rendus Biologies*, 332(2–3), 159–170. <https://doi.org/10.1016/j.crv.2008.09.009>
- Sinclair, L., Osman, O. A., Bertilsson, S. ja Eiler, A. (2015). Microbial community composition and diversity via 16S rRNA gene amplicons: evaluating the illumina platform. *PLoS one*, 10(2), e0116955. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116955>

- Soja-Woźniak, M., Darecki, M., Wojtasiewicz, B. ja Bradtke, K. (2017). Laboratory measurements of remote sensing reflectance of selected phytoplankton species from the Baltic Sea. *Oceanologia*, 60(1), 86–96. <https://doi.org/10.1016/j.oceano.2017.08.001>
- Soomets, T. ja Kutser, T. (2024). Monitoring Water Status with Remote Sensing: A Case Study in Estonian Coastal Water. *SSRN Electronic Journal*. <https://doi.org/10.2139/ssrn.5077735>
- Soomets, T., Toming, K., Paavel, B. ja Kutser, T. (2022). Evaluation of remote sensing and modeled chlorophyll-a products of the Baltic Sea. *Journal of Applied Remote Sensing*, 16(04). <https://doi.org/10.1117/1.jrs.16.046516>
- Soomets, T., Uudeberg, K., Jakovels, D., Brauns, A., Zagars, M. ja Kutser, T. (2020). Validation and comparison of water quality products in Baltic lakes using Sentinel-2 MSI and Sentinel-3 OLCI data. *Sensors*, 20(3), 742. <https://doi.org/10.3390/s20030742>
- Spilling, K., Olli, K., Lehtoranta, J., Kremp, A., Tedesco, L., Tamelander, T., Klais, R., Peltonen, H. ja Tamminen, T. (2018). Shifting Diatom—Dinoflagellate Dominance During Spring Bloom in the Baltic Sea and its Potential Effects on Biogeochemical Cycling. *Frontiers in Marine Science*, 5. <https://doi.org/10.3389/fmars.2018.00327>
- Spyrakos, E., O'Donnell, R., Hunter, P. D., Miller, C., Scott, M., Simis, S. G. H., Neil, C., Barbosa, C. C. F., Binding, C. E., Bradt, S., Bresciani, M., Dall'Olmo, G., Giardino, C., Gitelson, A. A., Kutser, T., Li, L., Matsushita, B., Martinez-Vicente, V., Matthews, M. W., . . . Tyler, A. N. (2017). Optical types of inland and coastal waters. *Limnology and Oceanography*, 63(2), 846–870. <https://doi.org/10.1002/lno.10674>
- Staal, M., Stal, L. J., Hekkert, S. T. L. ja Harren, F. J. M. (2003). Light Action Spectra of N₂ Fixation by Heterocystous Cyanobacteria from the Baltic Sea. *Journal of Phycology*, 39(4), 668–677. <https://doi.org/10.1046/j.1529-8817.2003.02116.x>
- Suikkanen, S., Pulina, S., Engström-Öst, J., Lehtiniemi, M., Lehtinen, S. ja Brutemark, A. (2013). Climate change and eutrophication induced shifts in northern summer Plankton communities. *PLoS ONE*, 8(6), e66475. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066475>
- Sverdrup, H. U. (1953). On conditions for the vernal blooming of phytoplankton. *ICES Journal of Marine Science*, 18(3), 287–295. <https://doi.org/10.1093/icesjms/18.3.287>
- Zaiko, A., Pochon, X., Garcia-Vazquez, E., Olenin, S. ja Wood, S. A. (2018). Advantages and Limitations of environmental DNA/RNA tools for marine biosecurity: Management and surveillance of non-indigenous species. *Frontiers in Marine Science*, 5. <https://doi.org/10.3389/fmars.2018.00322>
- Zamora-Terol, S., Novotny, A. ja Winder, M. (2020). Reconstructing marine plankton food web interactions using DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 29(17), 3380–3395. <https://doi.org/10.1111/mec.15555>

- Zhang, Y., Qiu, Y., Liu, K., Zhong, W., Yang, J., Altermatt, F. ja Zhang, X. (2024). Evaluating eDNA and eRNA metabarcoding for aquatic biodiversity assessment: From bacteria to vertebrates. *Environmental Science and Ecotechnology*, 21, 100441. <https://doi.org/10.1016/j.esec.2024.100441>
- Tao, B., Mao, Z., Lei, H., Pan, D., Bai, Y., Zhu, Q. ja Zhang, Z. (2017). A semianalytical MERIS green-red band algorithm for identifying phytoplankton bloom types in the East China Sea. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 122(3), 1772–1788. <https://doi.org/10.1002/2016JC012368>
- Tao, B., Mao, Z., Pan, D., Shen, Y., Zhu, Q. ja Chen, J. (2013). Influence of bio-optical parameter variability on the reflectance peak position in the red band of algal bloom waters. *Ecological Informatics*, 16, 17–24. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2013.04.005>
- Toming, K., Kutser, T., Uiboupin, R., Arikas, A., Vahter, K. ja Paavel, B. (2017). Mapping water quality parameters with Sentinel-3 Ocean and Land Colour Instrument imagery in the Baltic Sea. *Remote Sensing*, 9(10), 1070. <https://doi.org/10.3390/rs9101070>
- Veilleux, H. D., Misutka, M. D. ja Glover, C. N. (2021). Environmental DNA and environmental RNA: Current and prospective applications for biological monitoring. *The Science of the Total Environment*, 782, 146891. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146891>
- Verlencar, X. ja Desai, S. (2004). Phytoplankton Identification Manual. *National Institute of Oceanography*. <https://drs.nio.org/drs/bitstream/2264/97/1/Phytoplankton-manual.PDF>
- Vilas, L. G., Brando, V. E., Di Cicco, A., Colella, S., D'Alimonte, D., Kajiyama, T., Attila, J. ja Schroeder, T. (2024). Assessment of ocean color atmospheric correction methods and development of a regional ocean color operational dataset for the Baltic Sea based on Sentinel-3 OLCI. *Frontiers in Marine Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmars.2023.1256990>
- Wang, Z., Li, F., Wu, F., Guo, F., Gao, W., Zhang, Y. ja Yang, Z. (2024). Environmental DNA and remote sensing datasets reveal the spatial distribution of aquatic insects in a disturbed subtropical river system. *Journal of Environmental Management*, 351, 119972. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2023.119972>
- Warren, M., Simis, S., Martinez-Vicente, V., Poser, K., Bresciani, M., Alikas, K., Spyrakos, E., Giardino, C. ja Ansper, A. (2019). Assessment of atmospheric correction algorithms for the Sentinel-2A MultiSpectral Imager over coastal and inland waters. *Remote Sensing of Environment*, 225, 267–289. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2019.03.018>
- Wasmund, N., Nausch, G., Gerth, M., Busch, S., Burmeister, C., Hansen, R. ja Sadkowiak, B. (2019). Extension of the growing season of phytoplankton in the western Baltic Sea in response to climate change. *Marine Ecology Progress Series*, 622, 1–16. <https://doi.org/10.3354/meps12994>

- Wasmund, N., Tuimala, J., Suikkanen, S., Vandepitte, L. ja Kraberg, A. (2011). Long-term trends in phytoplankton composition in the western and central Baltic Sea. *Journal of Marine Systems*, 87(2), 145–159. <https://doi.org/10.1016/j.jmarsys.2011.03.010>
- Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant graphics for data analysis. <https://ggplot2.tidyverse.org/>
- Wickham, H., Averick, M., Bryan, J., Chang, W., McGowan, L., François, R., Golemund, G., Hayes, A., Henry, L., Hester, J., Kuhn, M., Pedersen, T., Miller, E., Bache, S., Müller, K., Ooms, J., Robinson, D., Seidel, D., Spinu, V., . . . Yutani, H. (2019). Welcome to the Tidyverse. *The Journal of Open Source Software*, 4(43), 1686. <https://doi.org/10.21105/joss.01686>
- Winder, M., ja Sommer, U. (2012). Phytoplankton response to a changing climate. *Hydrobiologia*, 698(1), 5–16. <https://doi.org/10.1007/s10750-012-1149-2>
- Woźniak, M., Bradtke, K., Darecki, M. ja Krężel, A. (2016). Empirical model for phycocyanin concentration estimation as an indicator of cyanobacterial bloom in the optically complex coastal waters of the Baltic Sea. *Remote Sensing*, 8(3), 212. <https://doi.org/10.3390/rs8030212>
- Wynne, T. T., Stumpf, R. P., Tomlinson, M. C., Warner, R. A., Tester, P. A., Dyble, J. ja Fahnenstiel, G. L. (2008). Relating spectral shape to cyanobacterial blooms in the Laurentian Great Lakes. *International Journal of Remote Sensing*, 29(12), 3665–3672. <https://doi.org/10.1080/01431160802007640>
- Wynne, T. T., Stumpf, R. P., Tomlinson, M. C. ja Dyble, J. (2010). Characterizing a cyanobacterial bloom in Western Lake Erie using satellite imagery and meteorological data. *Limnology and Oceanography*, 55(5), 2025–2036. <https://doi.org/10.4319/lo.2010.55.5.2025>
- Xi, H., Bretagnon, M., Losa, S. N., Brotas, V., Gomes, M., Peeken, I., Alvarado, L. M. A., Mangin, A. ja Bracher, A. (2023). Satellite monitoring of surface phytoplankton functional types in the Atlantic Ocean over 20 years (2002–2021). *State of the Planet*, 1-osr7, 1–13. <https://doi.org/10.5194/sp-1-osr7-5-2023>
- Yarimizu, K., Sildever, S., Hamamoto, Y., Tazawa, S., Oikawa, H., Yamaguchi, H., Basti, L., Mardones, J. I., Paredes-Mella, J. ja Nagai, S. (2021). Development of an absolute quantification method for ribosomal RNA gene copy numbers per eukaryotic single cell by digital PCR. *Harmful Algae*, 103, 102008. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2021.102008>
- Yates, M. C., Derry, A. M. ja Cristescu, M. E. (2021). Environmental RNA: a revolution in ecological resolution? *Trends in Ecology & Evolution*, 36(7), 601–609. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.03.001>
- Yoshiyama, K., Mellard, J. P., Litchman, E. ja Klausmeier, C. A. (2009). Phytoplankton competition for nutrients and light in a stratified water column. *The American Naturalist*, 174(2), 190–203. <https://doi.org/10.1086/600113>

Lisa 1. Fütoplanktoni liikide tuvastamiseks kasutatud meetodid



Lisa 1. Fütoplanktoni liikide tuvastamiseks kasutatud meetodid (Leesmäe, 2025)

Lisa 2. Veeproovide metaandmed

Proovivõtu kuupäev	Jaama nimi	Tehtud analüüsid (Leesmäe, 2025)	Tehtud lisaanalüüsid
29.07.2020	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
17.08.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
23.08.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
31.08.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
11.09.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
18.09.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
21.09.2020	TH1	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
	TH3	DNA, RNA 18S	DNA, RNA 16S
05.07.2021	TH3	DNA 18S	DNA 16S

14.07.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
20.07.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
29.07.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
05.08.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
29.08.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
05.09.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
12.09.2021	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
02.05.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
15.05.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S

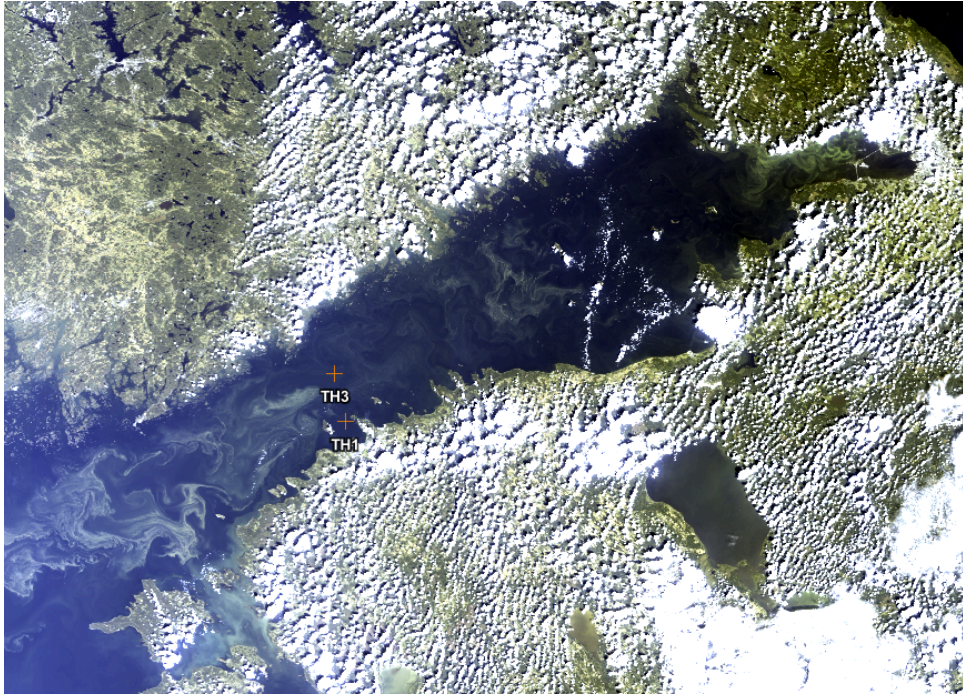
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
23.05.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
01.06.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
06.06.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
13.06.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
21.06.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
27.06.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
05.07.2022	TH3	DNA 18S	DNA 16S
12.07.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
26.07.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
02.08.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S

	TH3	DNA 18S	DNA 16S
09.08.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S
14.08.2022	TH1	DNA 18S	DNA 16S
	TH3	DNA 18S	DNA 16S

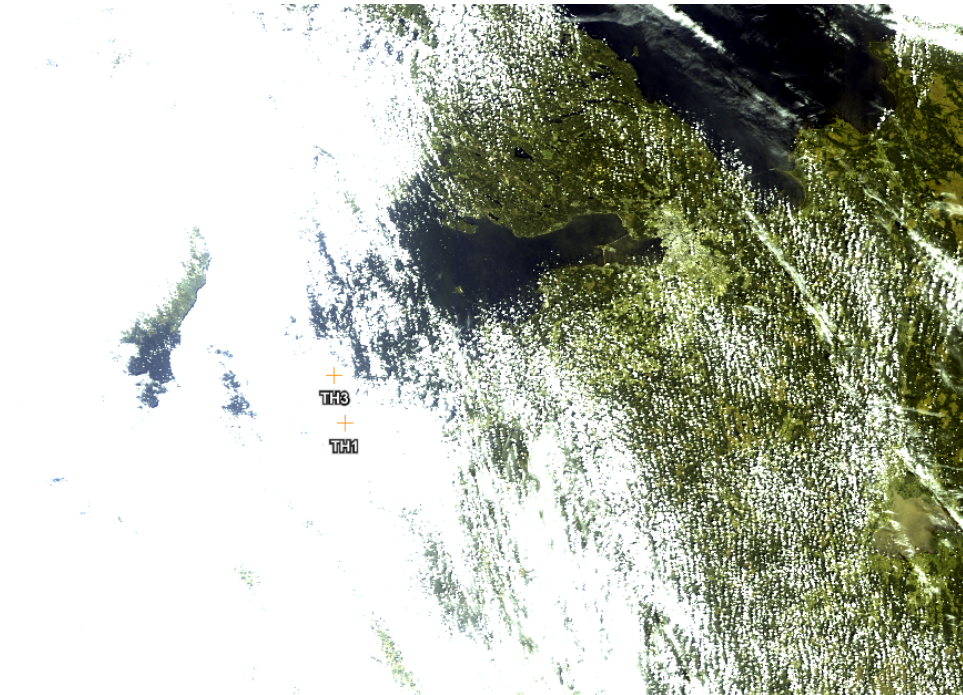
Lisa 3. SNAP programmis läbiviidud eeltöötlus

1. Read - .SEN3 formaadis algfaili laadimine töötluskeskkonda.
2. Subset - huvipiirkonna ruumiline väljalõige geoRegion-polügooni alusel, et vähendada andmemahtu ja kiirendada arvutusi. Polügoon genereeriti veebipõhise tööriista kaudu ning lisati XML-töövoogu.
3. Idepix.Olci - pikslite klassifitseerimine pilvede, pilvevarjude, jää, maismaa ja teiste kvaliteediklasside osas. Kasutati ka 2-pikslit pilvepuhvrit, et pilvealasad laiemalt välistada.
4. BandMaths (I) - Idepix.Olci väljundi põhjal pilvemaski loomine. Kus pilved ja varjud seati väärtusele NaN ning ülejäänud pikslid väärtusele 1.
5. c2rcc.olci - rakendati C2RCC (*Case-2 Regional CoastColour*) OLCI protsessorit, mis põhineb bio-optilise mudeli närvivõrgustikule. Esmalt teostab protsessor satelliitandmete atmosfäärikorrektsiooni, mille käigus tuletatakse atmosfääri mõju suhtes korrigeeritud ehk BOA (ingl *bottom of atmosphere*) kaugseire peegeldustegurid $R_{rs}(\lambda)$. Need on sisendiks bio-optilisele mudelile, mille abil hinnatakse vee optilisi omadusi ning seejärel tuletatakse neist veekvaliteedi parameetrid. Viimasteks on näiteks klorofüll a , heljumi sisaldus (TSM) ja värvunud lahustunud orgaaniline aine (CDOM) (C2RCC, 2026; Kutser jt, 2018; Rahn jt, 2023). Töös kasutati C2RCC väljunditest nii peegeldusteguri andmeid kui ka klorofüll a hinnanguid. C2RCC protsessor on Läänemere kaugseire uuringutes oluline tööriist, kuna see on spetsiaalselt välja töötatud optiliselt keerukate ehk *Case II* veekogude jaoks (C2RCC, 2026). Läänemere kontekstis kasutatakse C2RCC produkte eelkõige seetõttu, et alternatiivsed tooted ei anna piisavalt täpseid tulemusi. Näiteks Copernicuse CMEMS-i standardtoodetel on Läänemeres nõrk seos *in situ* mõõtmistega, samas kui C2RCC annab vähemalt mõõduka korrelatsiooni (Soomets ja Kutser, 2024). Samuti on leitud, et teiste protsessoritega (näiteks POLYMER) võrreldes annab C2RCC sageli rohkem kasutuskõlblikke pikseleid ja katvust, mis on oluline operatiivse seire seisukohalt (Rahn jt, 2023). Samas on selle kasutamisel olulised piirangud: tulemused sõltuvad tugevalt hooajast, veetüübist ja bio-optilistest tingimustest ning eriti õitsengute ja kõrge CDOM sisalduse korral võivad vead olla märkimisväärsed (Kutser jt, 2018; Kyriliuk ja Kratzer, 2019; Rahn jt, 2023). Seetõttu rõhutatakse vajadust asukohapõhiste kohanduste, täiendava kalibreerimise ja paremate valideerimisandmete järele, et algoritmi Läänemere tingimustes usaldusväärsemaks muuta (Kyriliuk ja Kratzer, 2019; Soomets ja Kutser, 2024).
Mudelisse sisestati uuritavale piirkonnale ja ajaperioodile vastavad hinnangulised keskmised keskkonnaparameetrid. Soolsuse väärtuseks määrati 5,6 ‰ ning veetemperatuuriks 18 °C, mis iseloomustavad uurimisala suvise perioodi tüüpilisi tingimusi.
6. BandMath (II) - c2rcc.olci kvaliteedimärgiste (clour_risk, valid_PE) põhjal loodud täiendav mask, et eemaldada võimalikud ebakvaliteetsed veepikslid.
7. BandMerge - kõik eeltöötamise käigus saadud kihid (Idepix, C2RCC, maskid) ühendati ühtseks andmekogumks.
8. Reproject - andmed reprojekteeriti L-EST97 (EPSG:3301) koordinaatsüsteemi.
9. Write - töötamise tulemused salvestati BEAM-DIMAP (.dim) formaadis väljundkausta.

Lisa 4. Näide sobivast ja ebasobivast satelliitpildist



Lisa 4A. Näide sobivast satelliitpildist naturaalkärvvldes RGB-komposiidi põhjal (09.08.2022, Sentinel-3B OLCI).

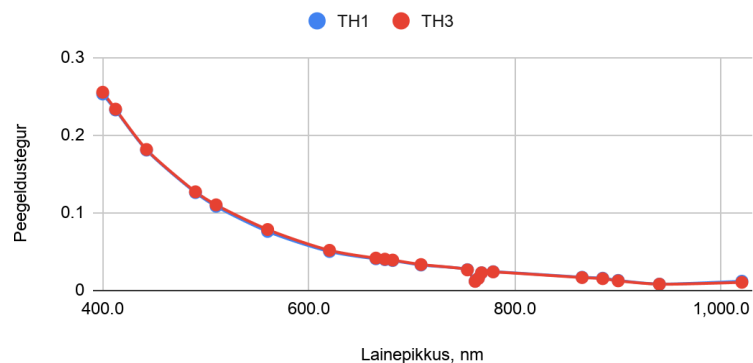


Lisa 4B. Näide pilvkatte tõttu ebasobivast satelliitpildist naturaalkärvvldes RGB-komposiidi põhjal (18.08.2021, Sentinel-3B OLCI).

Lisa 5. Näide sobivast ja ebasobivast spektraalkõverast

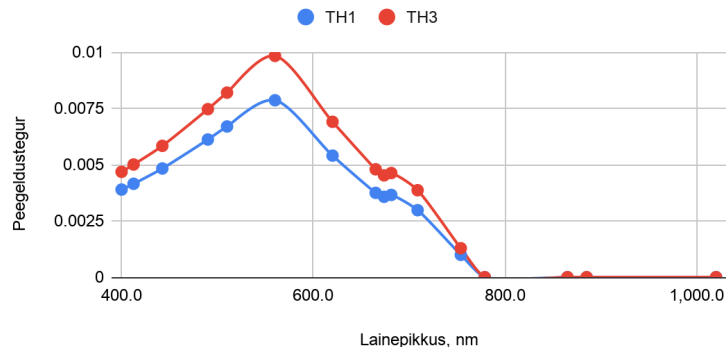
TOA

09.08.2022



BOA

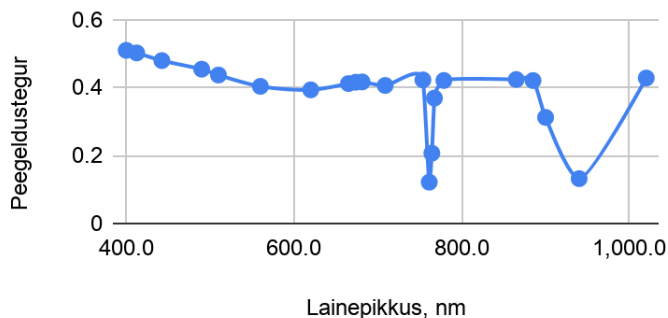
09.08.2022



Lisa 5A. Näide sobivastest spektraalkõveratest, tegemist on 09.08.2022 Sentinel-3B spektraalkõveratega. Vasakul on atmosfääri ülapiiri peegeldustegur (TOA) ning paremal atmosfäärikorrektsiooni järel saadud normaliseeritud veest väljuv peegeldustegur (BOA; C2RCC väljund *rown*).

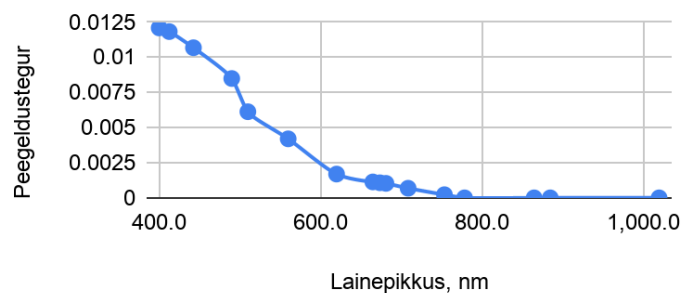
TOA

18.08.2021



BOA

18.08.2021



Lisa 5B. Näide ebasobivastest spektraalkõveratest, tegemist on 18.08.2021 Sentinel-3B spektraalkõveratega. Vasakul on atmosfääri ülapiiri peegeldustegur (TOA) ning paremal atmosfäärikorrektsiooni järel saadud normaliseeritud veest väljuv peegeldustegur (BOA; C2RCC väljund *rown*).

Lisa 6. Analüüsitud proovivõtukuupäevad

Proovivõtu kuupäev	Jaama nimi	Klorofüll-a (mg/m ³)	Fütoplanktoni biomass (mg/m ³)
29.07.2020	TH3	2,29	360,2
17.08.2020	TH1	4,12	362,1
	TH3	4,19	1190,9
23.08.2020	TH1	6,5	520
	TH3	4,63	540,52
31.08.2020	TH1	4,16	360,91
	TH3	6,7	784,01
11.09.2020	TH1	4,98	535,19
	TH3	3,9	506,72
18.09.2020	TH1	3,46	437,97
	TH3	3,99	276,18
21.09.2020	TH1	3,16	272,15
	TH3	5,94	829,24
30.09.2020	TH1	7,11	477,3

	TH3	5,54	985,64
05.07.2021	TH3	5,69	1503,2
06.07.2021	TH1	0,73	646,8
	TH3	2,67	2013,7
14.07.2021	TH1	1,71	1128,6
	TH3	1,42	311,9
20.07.2021	TH1	3,75	494,1
	TH3	1,94	437,97
29.07.2021	TH1	2	355,5
	TH3	2,87	1966,39
05.08.2021	TH1	2,06	1586,81
	TH3	1,81	1288,72
18.08.2021	TH1	2,05	732,51
24.08.2021	TH1	1,72	712,3
	TH3	2,51	1179,28
29.08.2021	TH1	1,15	422,51
	TH3	2,22	715,48

05.09.2021	TH1	2,1	453,22
	TH3	2,94	647,94
12.09.2021	TH1	2,05	497,82
	TH3	2,13	273,62
19.09.2021	TH1	1,07	226,22
	TH3	1,9	552,38
02.05.2022	TH1	8,38	2207,03
	TH3	3,25	3634,93
15.05.2022	TH1	2,59	971,48
	TH3	3,83	1439,27
23.05.2022	TH1	2,83	549,96
01.06.2022	TH1	2,17	548
	TH3	1,47	394,48
06.06.2022	TH1	1,98	206,7
	TH3	2,28	453,54
13.06.2022	TH1	2,02	502,82
	TH3	2,41	710,71

21.06.2022	TH1	3,58	868,9
27.06.2022	TH1	3,55	1346,67
	TH3	1,76	1134,8
05.07.2022	TH3	5,95	1402,7
12.07.2022	TH1	5,99	711,86
	TH3	7,48	710,71
26.07.2022	TH1	4,74	576,92
	TH3	3,29	823,6
02.08.2022	TH1	5,35	938,11
	TH3	3,43	1190,44
09.08.2022	TH1	3,32	378,23
	TH3	2,51	1069,22
14.08.2022	TH1	4,35	863,64
	TH3	2,69	800,36

Lisa 7. Sobivad proovivõtukuupäevad

Proovivõtu kuupäev	Proovivõtu kuupäev ± 1	Jaama nimi
29.07.2020	30.07.2020	TH3
17.08.2020	-	TH1
		TH3
23.08.2020	-	TH1
	-	TH3
31.08.2020	01.09.2020	TH1
		TH3
11.09.2020	-	TH3
18.09.2020	19.09.2020	TH1
		TH3
21.09.2020	20.09.2020	TH1
		TH3
05.07.2021	-	TH3
14.07.2021	15.07.2021	TH1

14.07.2021	-	TH3
20.07.2021	21.07.2021	TH1
	19.07.2021	TH3
29.07.2021	-	TH1
		TH3
05.08.2021	-	TH1
		TH3
29.08.2021	-	TH1
29.08.2021	30.08.2021	TH3
05.09.2021	04.09.2021	TH3
12.09.2021	11.09.2021	TH1
02.05.2022	03.05.2022	TH3
15.05.2022	-	TH1
		TH3
23.05.2022	-	TH1
01.06.2022	-	TH1
		TH3

06.06.2022	-	TH1
		TH3
13.06.2022	-	TH1
13.06.2022	12.06.2022	TH3
21.06.2022	-	TH1
27.06.2022	-	TH1
		TH3
05.07.2022	-	TH3
12.07.2022	11.07.2022	TH1
		TH3
26.07.2022	25.07.2022	TH1
		TH3
02.08.2022	-	TH1
		TH3
09.08.2022	-	TH1
		TH3
14.08.2022	-	TH1

		TH3
--	--	-----

Märkus: Sinisega on märgitud kuupäevad, millel sobiks kasutamiseks proovivõtuga sama kuupäev.

Lisa 8. Sentinel-3 OLCI andmetel testitavad spektraalsed algoritmid fütoplanktoni koosseisu ja õitsengute iseloomustamiseks

Algoritmide valemid on kohandatud Sentinel-3 OLCI spektraalkanalitele (kesklainepikkustele).

Algoritmi sümbol	Algoritmi valem	Eesmärk	Viide / füüsikaline alus
A. Õitsengud ja (kogu)biomass			
FLH-BOA	$R_{rs}(681) - \left[R_{rs}(665) + \left(\frac{681.25 - 665}{708.75 - 665} \right) * (R_{rs}(708.75) - R_{rs}(665)) \right]$	Aktiivne fütoplankton (fluorestsentsi komponents), õitsengu faas.	Gower jt, 1999;
FLH-TOA	$\rho_{TOA}(681.25) - \left[\rho_{TOA}(665) + \left(\frac{681.25 - 665}{708.75 - 665} \right) * (\rho_{TOA}(708.75) - \rho_{TOA}(665)) \right]$	Aktiivne fütoplankton (fluorestsentsi komponents), õitsengu faas.	Gower jt, 1999;
MCI-BOA	$R_{rs}(708.75) - \left[R_{rs}(681.25) + \left(\frac{708.75 - 681.25}{753.75 - 681.25} \right) * (R_{rs}(753.75) - R_{rs}(681.25)) \right]$	Väga kõrge fütoplanktoni biomass/intensiivne õitseng.	Gower jt, 2005; Gower jt, 2008
MCI-TOA	$\rho_{TOA}(708.75) - \left[\rho_{TOA}(681.25) + \left(\frac{708.75 - 681.25}{753.75 - 681.25} \right) * (\rho_{TOA}(753.75) - \rho_{TOA}(681.25)) \right]$	Väga kõrge fütoplanktoni biomass/intensiivne õitseng.	Gower jt, 2005; Gower jt, 2008
MPH	$\rho_{BRR}(\lambda_{max}) - \left[\rho_{BRR}(665) + \left(\frac{\lambda_{max} - 665}{885 - 665} \right) * (\rho_{BRR}(885) - \rho_{BRR}(665)) \right]$	Intensiivsed õitsengud, tsüanobakteritega seotud HAB-olukorrad.	Matthews jt, 2012; Matthews ja Odermatt, 2015;

NDCI	$\frac{R_{rs}(708.75) - R_{rs}(665)}{R_{rs}(708.75) + R_{rs}(665)}$	Üldine fütoplanktoni biomass.	Mishra ja Mishra, 2012
ND_681_709	$\frac{R_{rs}(708.75) - R_{rs}(681.25)}{R_{rs}(708.75) + R_{rs}(681.25)}$	<i>Red-edge</i> kuju, biomass.	<i>Red-edge</i> piirkonna seos klorofüll-a ja biomassi jaotusega (Gitelson jt, 2008; Mishra ja Mishra, 2012)
R_665_754	$\frac{R_{rs}(665)}{R_{rs}(753.75)}$	Red vs NIR/ <i>red-edge</i> kontrast, üldine fütoplanktoni biomass.	Toming jt, 2017
R_674_754	$\frac{R_{rs}(674)}{R_{rs}(753.75)}$	NIR/ <i>red-edge</i> kontrast, üldine fütoplanktoni biomass.	Toming jt, 2017
R_674_709	$\frac{R_{rs}(674)}{R_{rs}(708.75)}$	Red vs <i>red-edge</i> kontrast, üldine fütoplanktoni biomass.	Toming jt, 2017
R_709_665	$\frac{R_{rs}(708.75)}{R_{rs}(665)}$	<i>Red-edge</i> referents vs Chl-a neeldumine.	Simis jt, 2005
B. Tsüanobakterid (fükotsüaniin)			
CI	$R_{rs}(681.25) - R_{rs}(665) - (R_{rs}(708.75) - R_{rs}(665)) * \frac{(681.25 - 665)}{(708.75 - 665)}$	Tsüanobakterite domineerimine ja õitsengud.	Wynne jt, 2008; Wynne jt, 2010

PCI	$\left[R_{rs}(560) + \frac{(620 - 560)}{(665 - 560)} * (R_{rs}(665) - R_{rs}(560)) \right] - R_{rs}(620)$	Tsüanobakterid (fükotsüaniin).	Qi jt, 2014
PC3	$\left(\frac{1}{R_{rs}(620)} - \frac{1}{R_{rs}(665)} \right) * R_{rs}(708.75)$	Fükotsüaniini indikaator, taustamõjude vähendamine.	Mishra ja Mishra, 2014
R_665_620	$\frac{R_{rs}(665)}{R_{rs}(620)}$	Fükotsüaniini (~ 620 nm) ja Chl-a (~ 665 nm) kontrast.	Simis jt, 2005
R_709_620	$\frac{R_{rs}(708.75)}{R_{rs}(620)}$	PC kontrast <i>red-edge</i> 'i suhtes.	Simis jt, 2005
ND_620_665	$\frac{(R_{rs}(620) - R_{rs}(665))}{(R_{rs}(620) + R_{rs}(665))}$	Normaliseeritud fükotsüaniini–Chl-a kontrast	Simis jt, 2005; Gitelson jt, 2008
ND_620_709	$\frac{(R_{rs}(620) - R_{rs}(708.75))}{(R_{rs}(620) + R_{rs}(708.75))}$	Normaliseeritud fükotsüaniini– <i>red-edge</i> kontrast.	Gower jt, 2005; Mishra ja Mishra, 2012
R_620_665p709	$\frac{R_{rs}(620)}{(R_{rs}(665) + R_{rs}(708.75))}$	Fükotsüaniini indikaator, korrigeeritud Chl ja biomassi suhtes. Mitme spektraalse komponendi kombineerimine taustamõjude vähendamiseks.	Simis jt, 2005; Gitelson jt, 2008; katsetusindeks

ND_620_665p709	$\frac{(R_{rs}(620) - (R_{rs}(665) + R_{rs}(708.75)))}{R_{rs}(620) + (R_{rs}(665) + R_{rs}(708.75))}$	Normaliseeritud variant eelmisest.	ND-metoodika, füüsikaline alus: Mishra ja Mishra, 2012; Gitelson jt, 2008; katsetusindeks
C. Spektraalkuju indeksid (green-red-NIR)			
GRI	$\frac{R_{rs}(560) * R_{rs}(620)}{(R_{rs}(560) - R_{rs}(620))} * \frac{1}{R_{rs}(510)}$	Õitsengutüübi eristamine.	Tao jt, 2017
DI _{MERIS}	$\frac{R_{rs}(620) - \left[R_{rs}(560) + \frac{560 - 620}{560 - 665} * (R_{rs}(665) - R_{rs}(560)) \right]}{R_{rs}(620)}$	Õitsengutüübi eristamine (ränivetikad).	Tao jt, 2017
ND_510_620	$\frac{(R_{rs}(510) - R_{rs}(620))}{(R_{rs}(510) + R_{rs}(620))}$	Green-red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (tsüanobakterid vs muu).	Katsetusindeks
ND_510_665	$\frac{(R_{rs}(510) - R_{rs}(665))}{(R_{rs}(510) + R_{rs}(665))}$	Green-red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (ränivetikad/dinoflagellaadid jne).	Katsetusindeks
ND_510_674	$\frac{(R_{rs}(510) - R_{rs}(673.75))}{(R_{rs}(510) + R_{rs}(673.75))}$	Green-red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (ränivetikad/dinoflagellaadid jne).	Katsetusindeks

ND_560_620	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(620)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(620)}$	Green–red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (tsüanobakterid vs muu).	Katsetusindeks
ND_560_665	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(665)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(665)}$	Green–red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (ränivetikad/dinoflagellaadid jne).	Katsetusindeks
ND_560_674	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(673.75)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(673.75)}$	Green–red spektraalkuju; koosluse muutuste hüpotees (ränivetikad/dinoflagellaadid jne).	Katsetusindeks
ND_510_681	$\frac{R_{rs}(510) - R_{rs}(681.25)}{R_{rs}(510) + R_{rs}(681.25)}$	Green vs <i>red-edge</i> spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks
ND_510_709	$\frac{R_{rs}(510) - R_{rs}(708.75)}{R_{rs}(510) + R_{rs}(708.75)}$	Green vs <i>red-edge</i> spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks
ND_560_681	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(681.25)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(681.25)}$	Green vs <i>red-edge</i> spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks
ND_560_709	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(708.75)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(708.75)}$	Green vs <i>red-edge</i> spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks
ND_510_754	$\frac{R_{rs}(510) - R_{rs}(753.75)}{R_{rs}(510) + R_{rs}(753.75)}$	Green vs NIR spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks

ND_560_754	$\frac{R_{rs}(560) - R_{rs}(753.75)}{R_{rs}(560) + R_{rs}(753.75)}$	Green vs NIR spektraalkuju, koosluse muutuste hüpotees.	Katsetusindeks
R_510_620	$\frac{R_{rs}(510)}{R_{rs}(620)}$	Green–red spektraalkuju; koosluse muutuste testimine.	Füüsikaline alus: Tao jt, 2017; Gitelson jt, 2008
R_560_620	$\frac{R_{rs}(560)}{R_{rs}(620)}$	Green–red spektraalkuju; diatomeedid vs dinoflagellaadid (hüpotees).	Füüsikaline alus: Tao jt, 2017; Mishra ja Mishra, 2012
D. Tuletatud klorofüll <i>a</i> produktid			
CHL_C2RCC	SNAP C2RCC töötlusahelas tuletatud klorofüll- <i>a</i> hinnang	Klorofüll <i>a</i> kontsentratsiooni hindamine C2RCC bio-optilise mudeli abil	Doerffer ja Schiller, 2007; Brockmann jt, 2016
CHL_MPH	SNAP MPH/CHL töötlusahelas tuletatud klorofüll- <i>a</i> hinnang	Klorofüll <i>a</i> kontsentratsiooni hindamine MPH-põhise lähenemise abil	Matthews jt, 2012

Lisa 9. Algoritmide ja bioloogia andmete korrelatsioonid

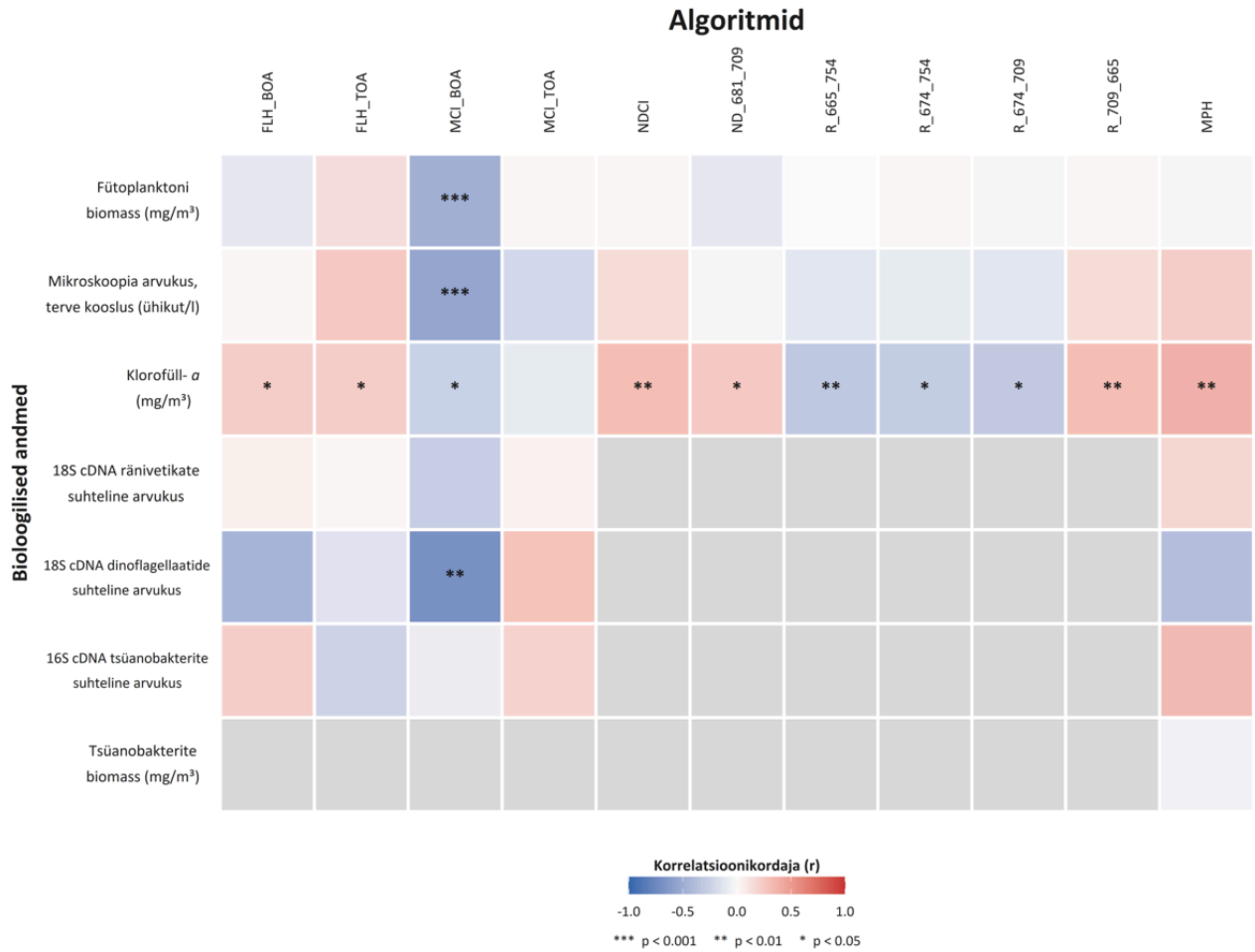
Algoritmi tähis	Bioloogia andmed
A. Öitsengud ja (kogu)biomass	
FLH_BOA/ FLH_TOA	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) cDNA järjestuste suhteline arvukus (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
MCI_BOA/ MCI_TOA	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) cDNA järjestuste suhteline arvukus (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
MPH	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Mikroskoopia tsüanobakterite biomass cDNA järjestuste suhteline arvukus (terve kooslus) 16S cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
NDCI	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_681_709	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_665_754	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_674_754	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_674_709	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_709_665	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
B. Tsüanobakterid (fükotsüaniin)	
CI	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
PCI	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
PC3	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus

	Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_665_620	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_709_620	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_620_665	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_620_709	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_620_665p709	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_620_665p709	Mikroskoopia tsüanobakterite biomass 16S DNA ja cDNA tsüanobakterite suhteline järjestuste arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
C. Spektraalkuju indeksid (<i>green-red-NIR</i>)	
GRI	Mikroskoopia biomass (terve kooslus) 18S ja 16S DNA ja cDNA järjestuste suhteline arvukus (ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
DIMERIS	Mikroskoopia biomass (ränivetikad) 18S DNA ja cDNA ränivetikate järjestuste suhteline arvukus Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_620	Mikroskoopia biomass ja arvukus (tsüanobakterid + ülejäänud) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_665	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_674	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_620	Mikroskoopia biomass ja arvukus (tsüanobakterid + ülejäänud)

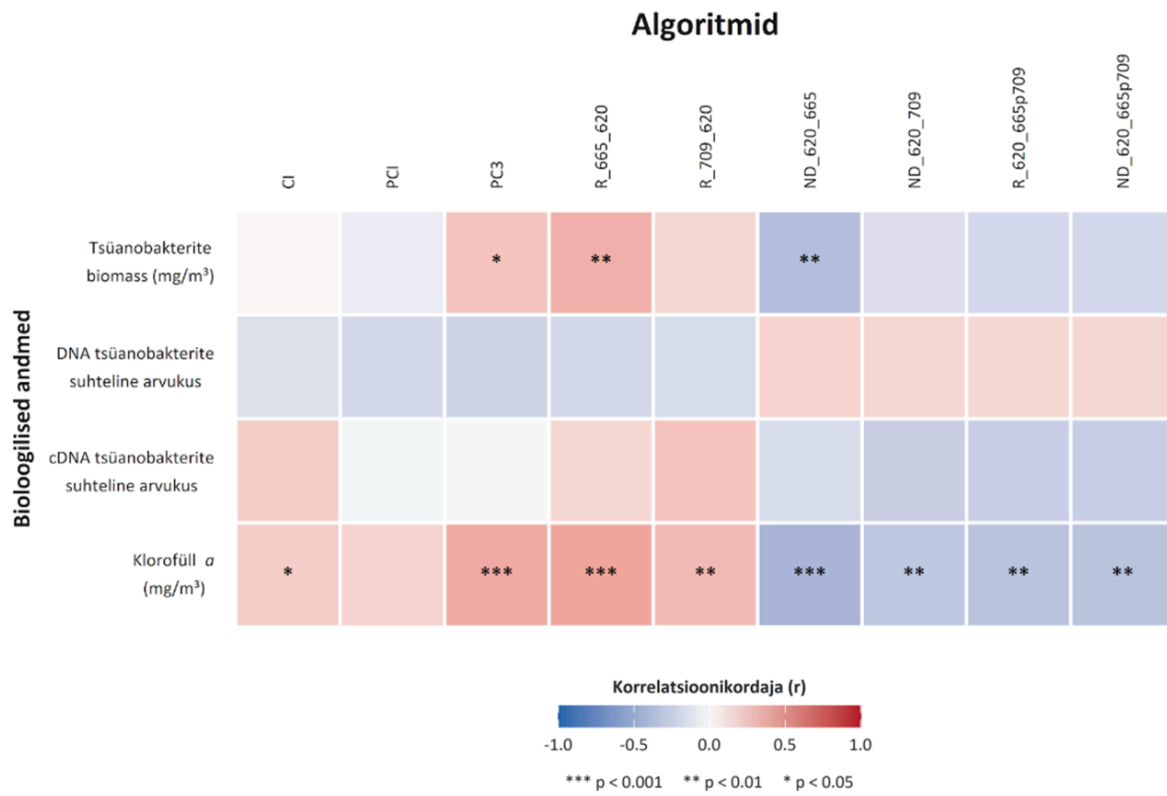
	Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_665	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad ja dinoflagelaadid) 18S DNA ja cDNA järjestuste arvukus ränivetikatel ja dinoflagellaatidel Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_674	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad ja dinoflagelaadid) 18S DNA ja cDNA järjestuste arvukus ränivetikatel ja dinoflagellaatidel Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_681	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_709	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_681	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_709	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_510_754	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
ND_560_754	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_510_620	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
R_560_620	Mikroskoopia biomass ja arvukus (ränivetikad ja dinoflagelaadid) 18S DNA ja cDNA järjestuste arvukus ränivetikatel ja dinoflagellaatidel Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
D. Tuletatud klorofüll <i>a</i> produktid	
CHL_C2RCC	Mikroskoopia biomass ja arvukus (terve kooslus, ränivetikad, dinoflagelaadid, tsüanobakterid) cDNA järjestuste suhteline arvukus (terve kooslus) 18S ja 16S DNA ja cDNA järjestuste suhteline arvukus (ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid)

	Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon
CHL_MPH	Mikroskoopia biomass ja arvukus (terve kooslus, ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid) cDNA järjestuste suhteline arvukus (terve kooslus) 18S ja 16S DNA ja cDNA järjestuste suhteline arvukus (ränivetikad, dinoflagellaadid, tsüanobakterid) Klorofüll <i>a</i> kontsentratsioon

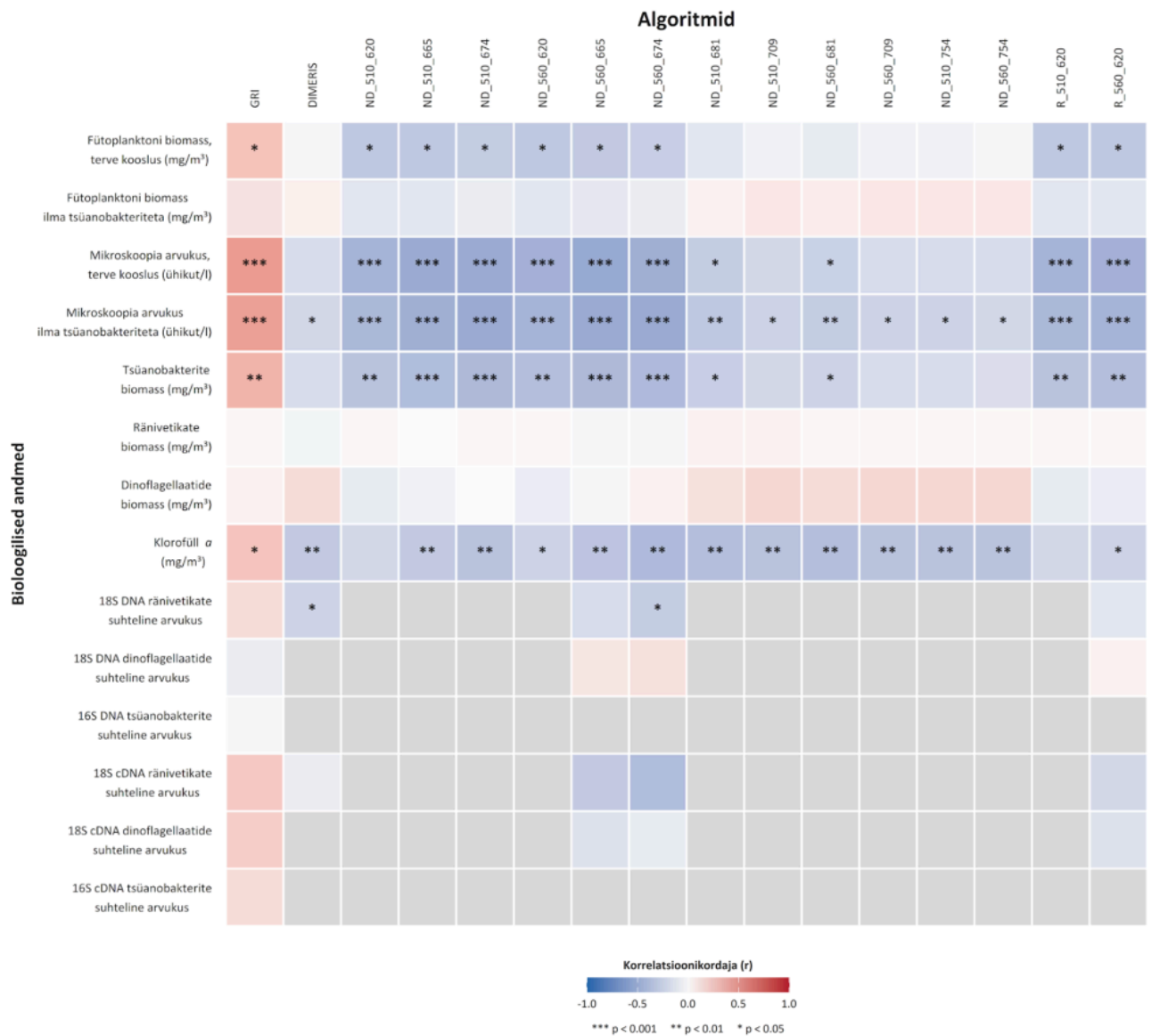
Lisa 10. Algoritmide korrelatsioon bioloogia andmetega



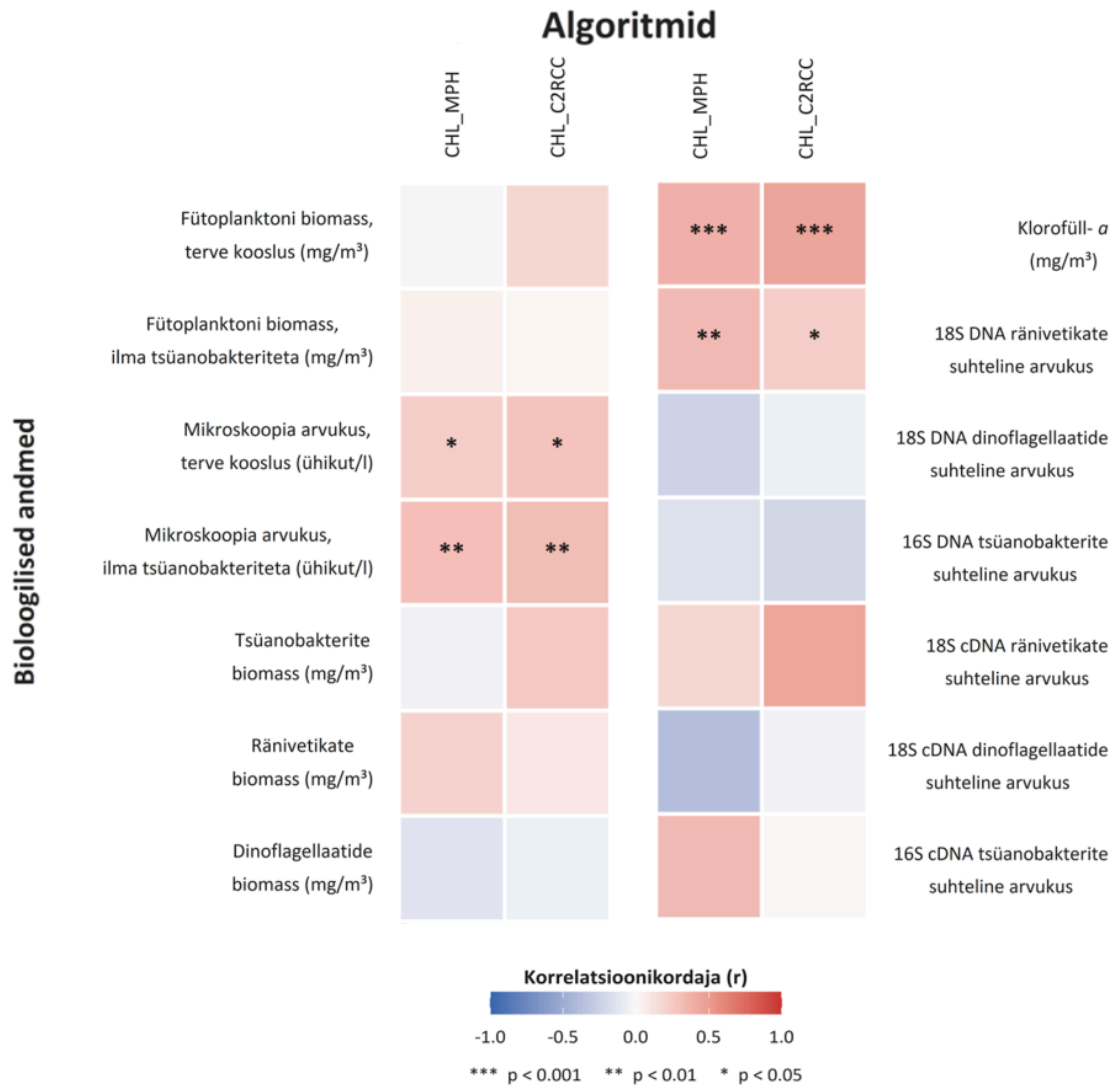
Lisa 10A. Üldindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).



Lisa 10B. Tsüanobakteri indikaatorite korrelatsioon bioloogia andmetega.

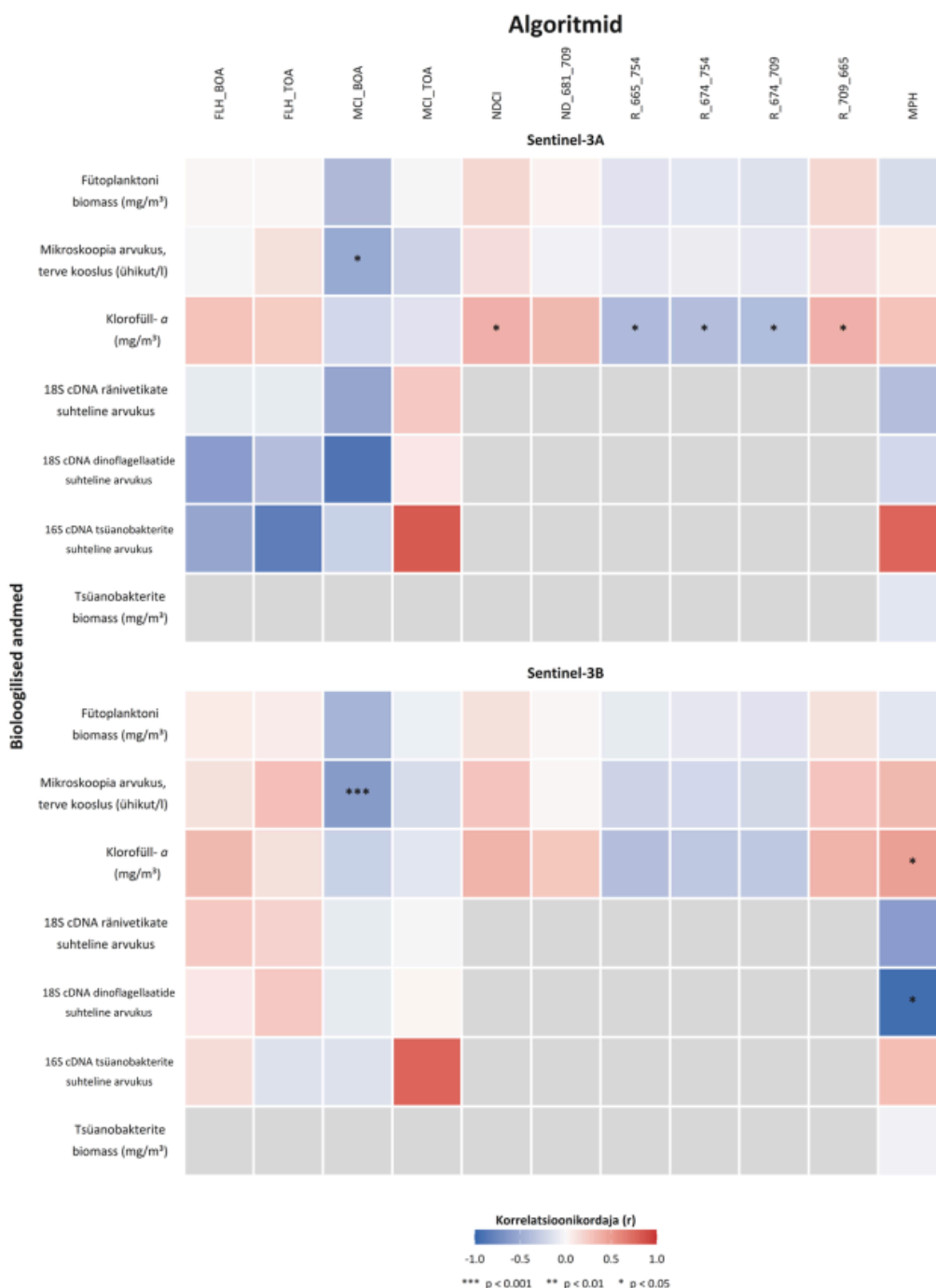


Lisa 10C. Spektraalindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatud (vt Lisa 9).

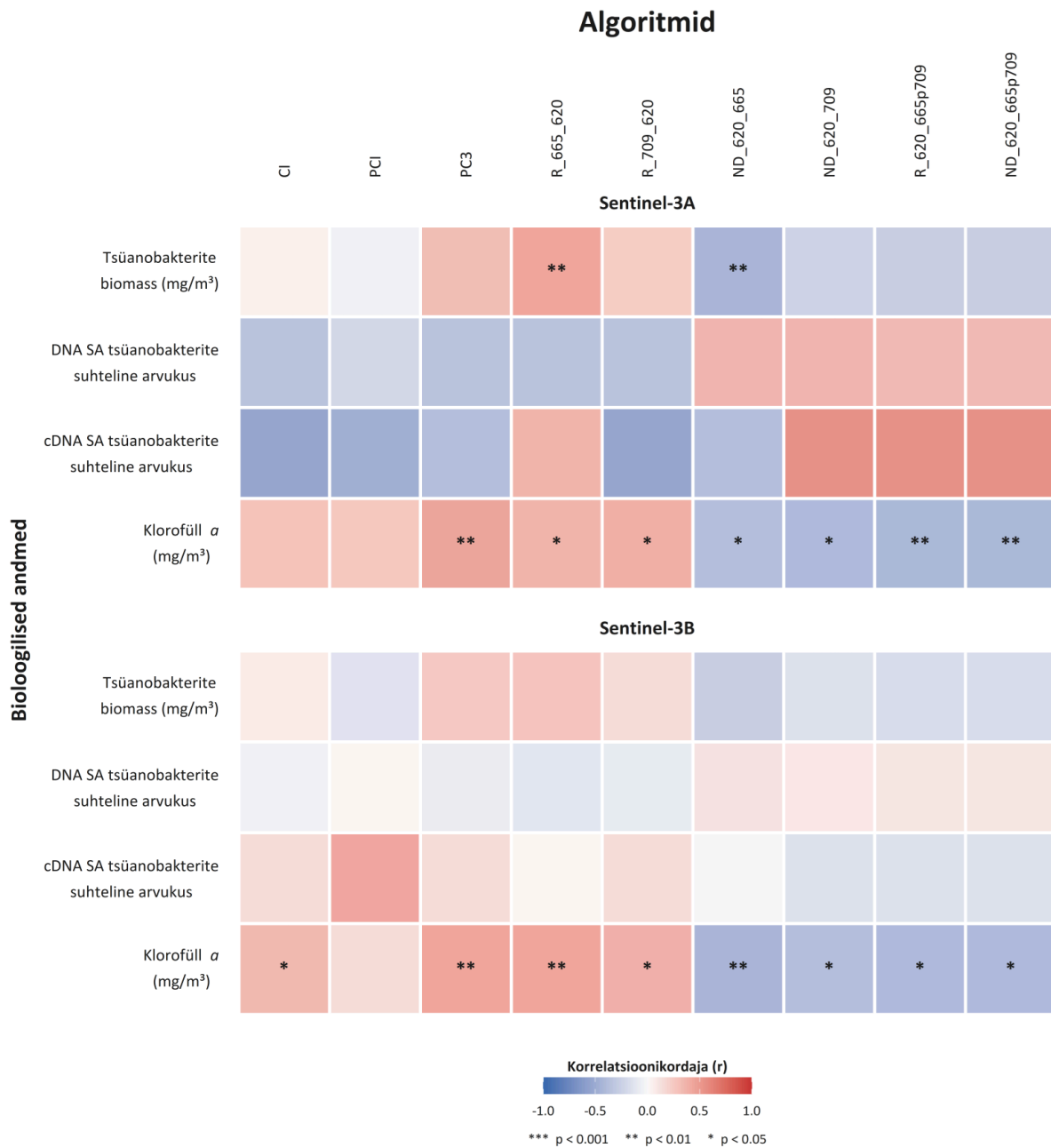


Lisa 10D. Tuletatud klorofüll *a* produktide korrelatsioon bioloogia andmetega.

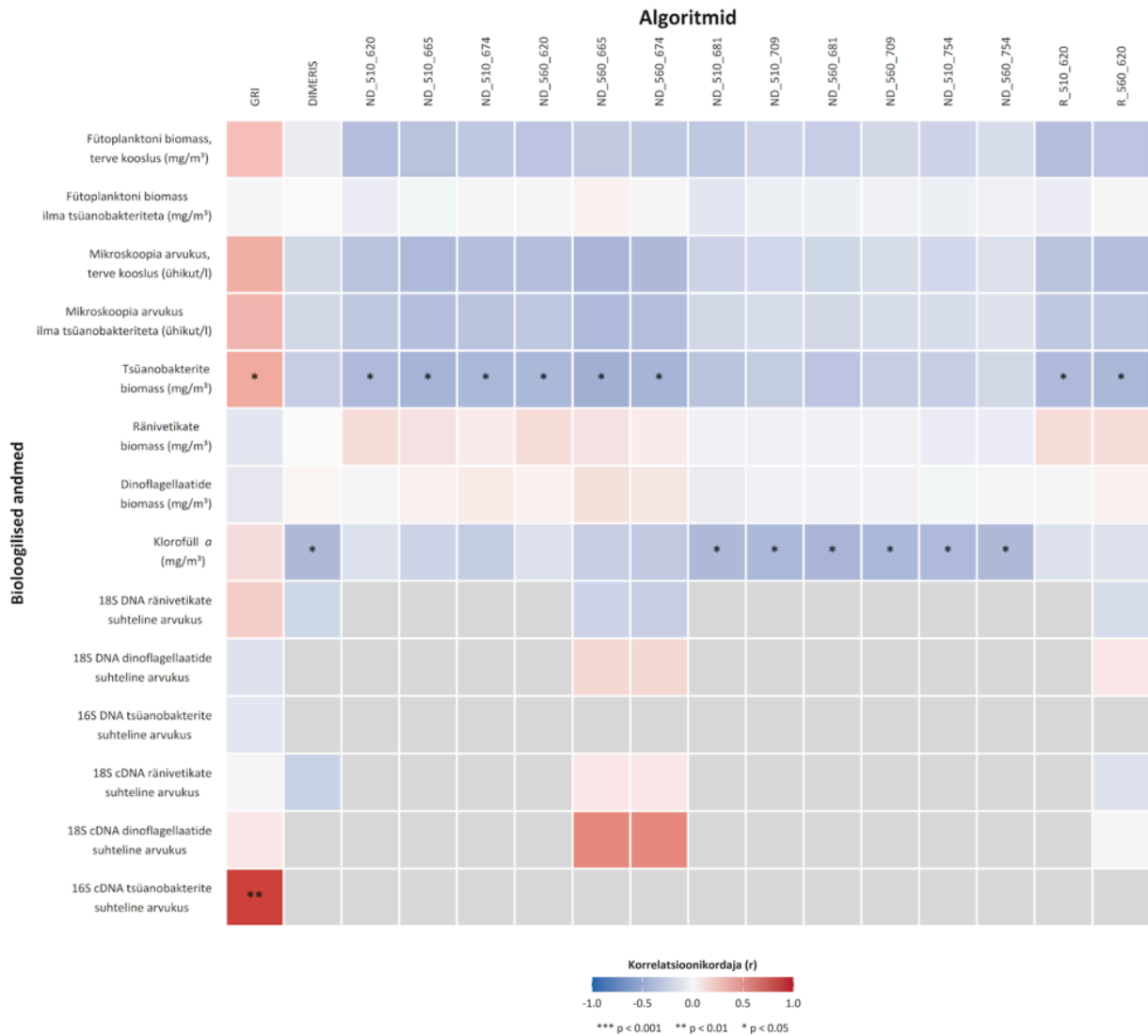
Lisa 11. Algoritmide korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel 3A ja Sentinel 3B võrdlus



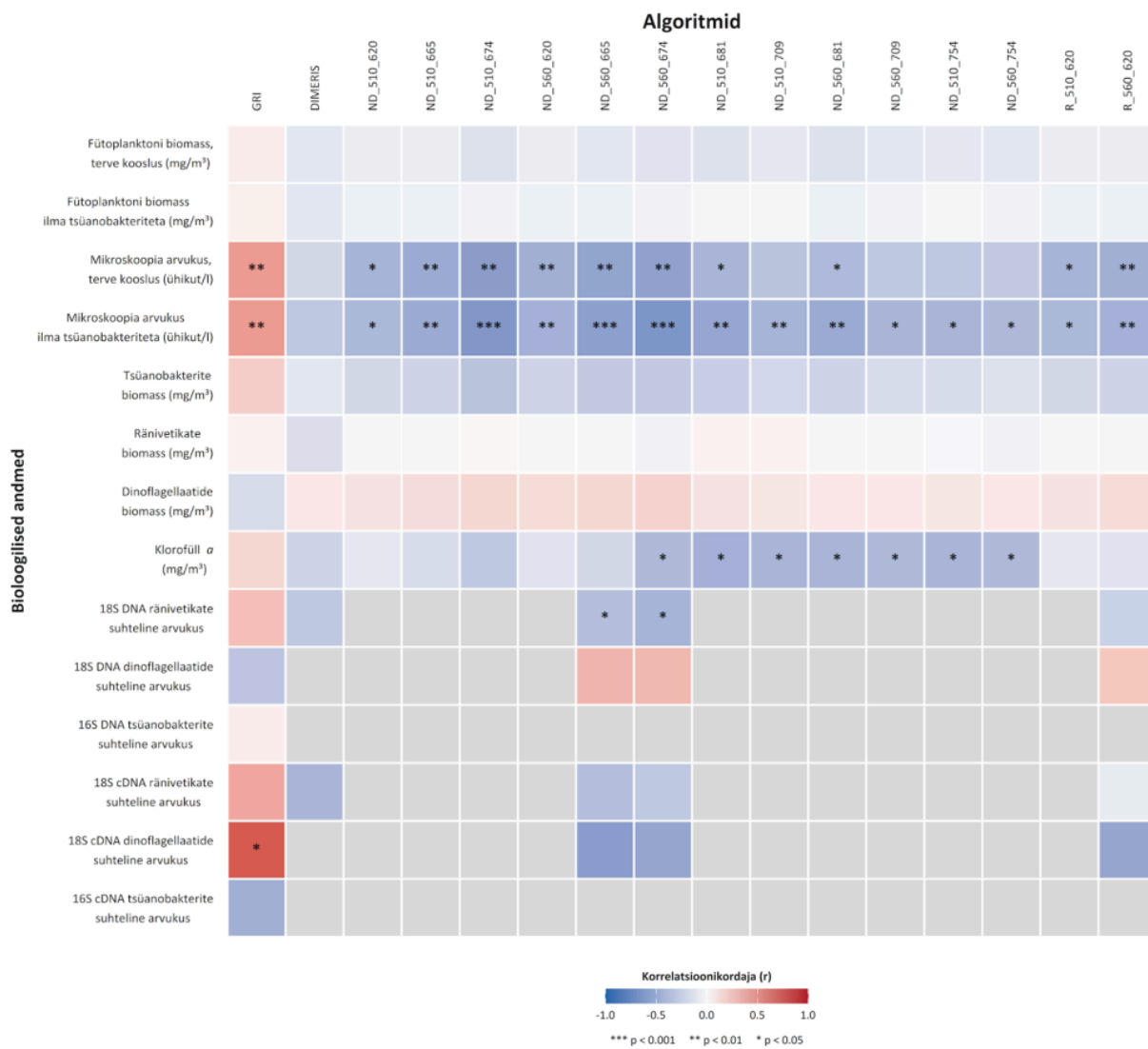
Lisa 11A. Üldindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel 3A ja Sentinel 3B võrdlus. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatud (vt Lisa 9).



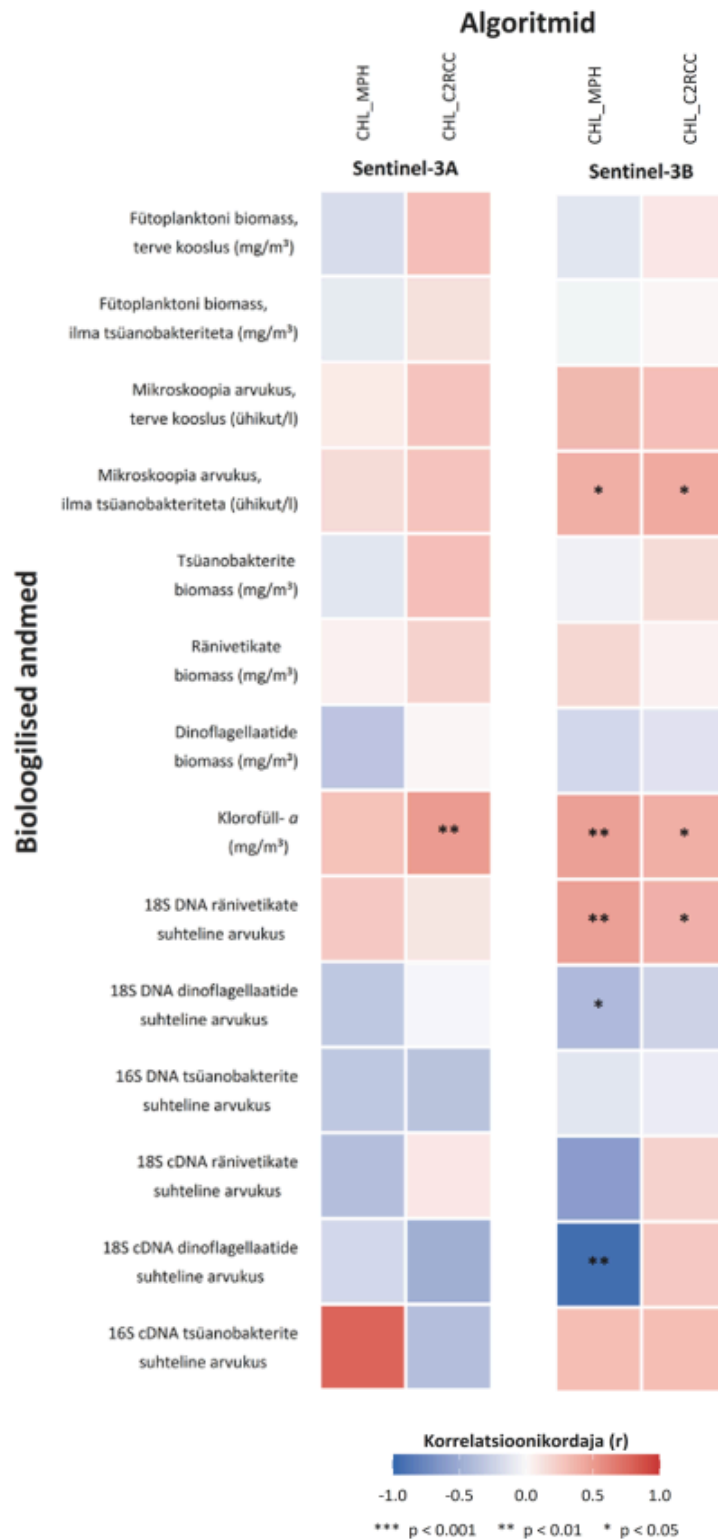
Lisa 11B. Tsüanobakterite indikaatorite korrelatsioon bioloogia andemetega – Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus.



Lisa 11C. Spektraalindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel-3A. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).

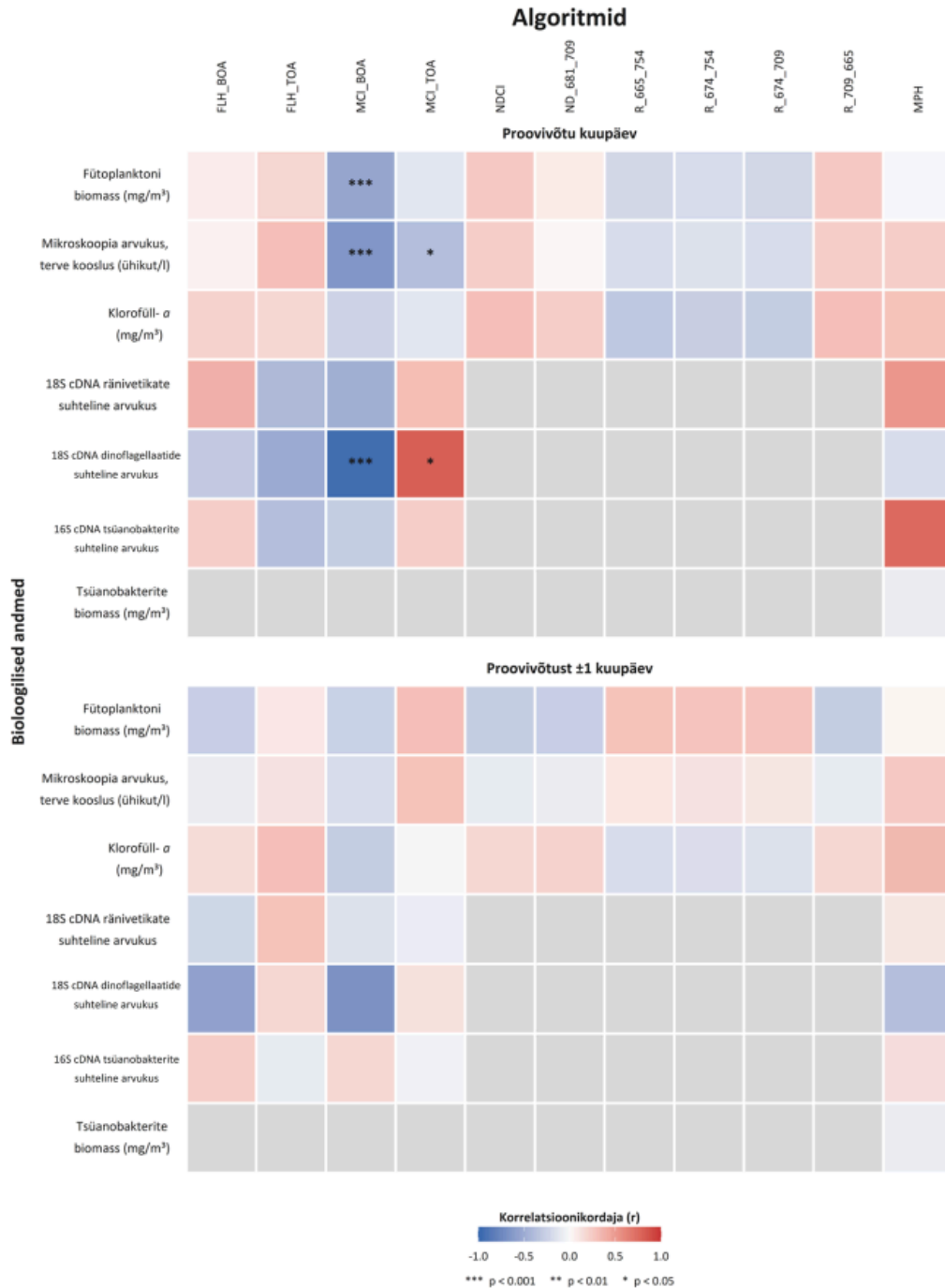


Lisa 11D. Spektraalindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel-3B. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).

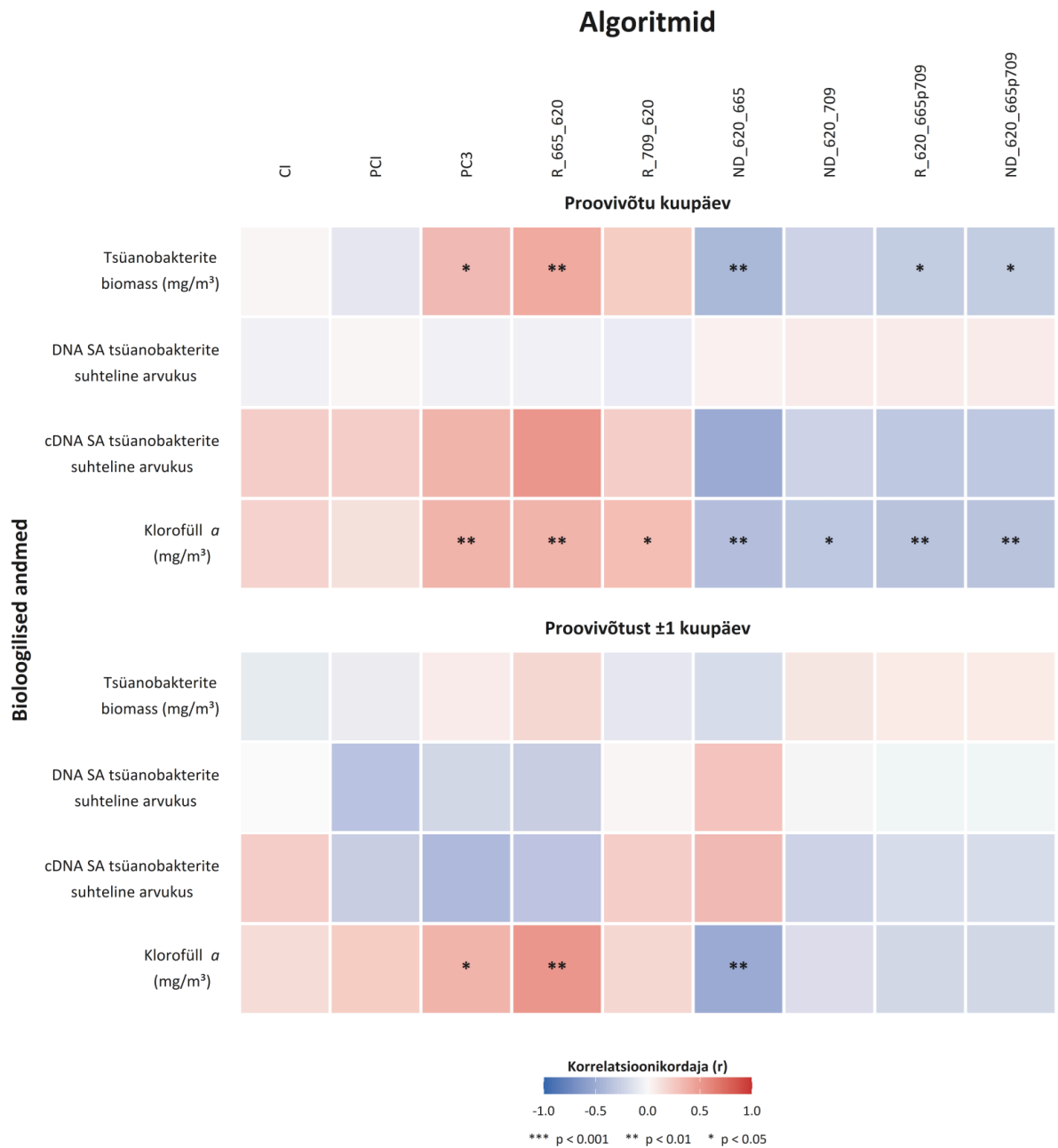


Lisa 11E. Tuletatud klorofüll *a* produktide korrelatsioon bioloogia andmetega – Sentinel-3A ja Sentinel-3B võrdlus.

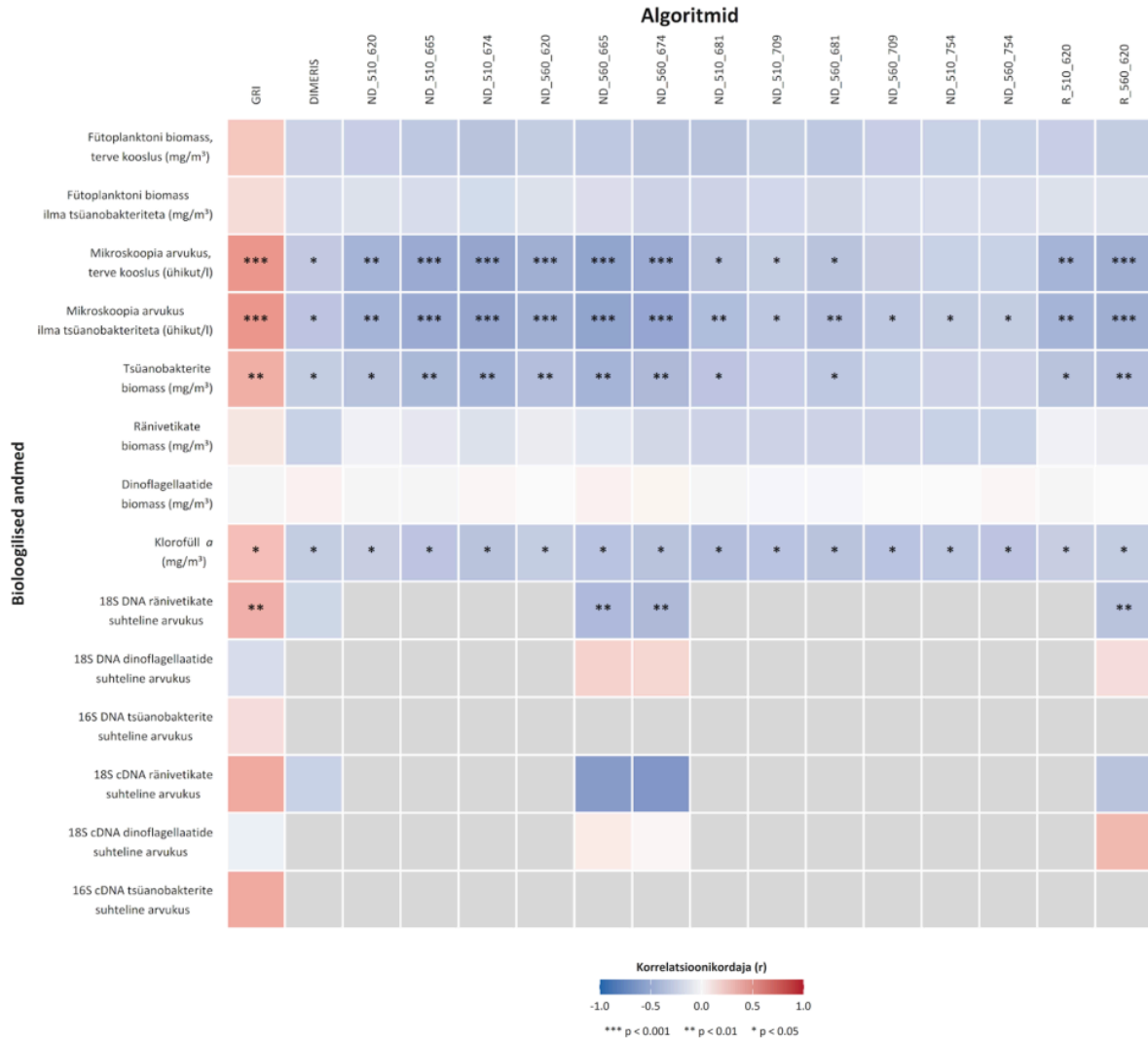
Lisa 12. Algoritmide korrelatsioonid bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ±1 päevaga



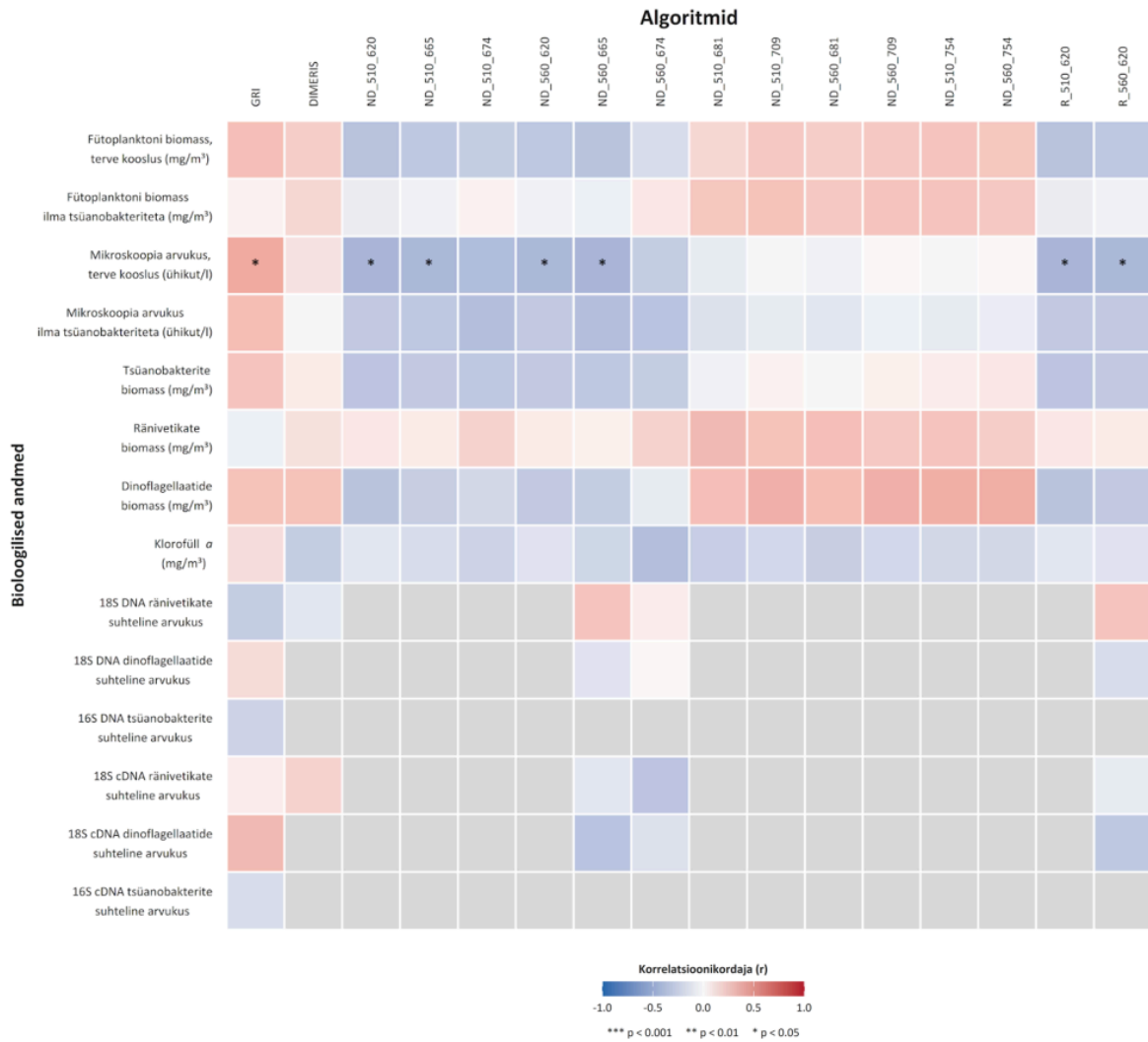
Lisa 12A. Üldindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ±1 päevaga. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).



Lisa 12B. Tsüanobakterite indikaatorite korrelatsioon bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ±1 päevaga.



Lisa 12C. Spektraalindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäev. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).

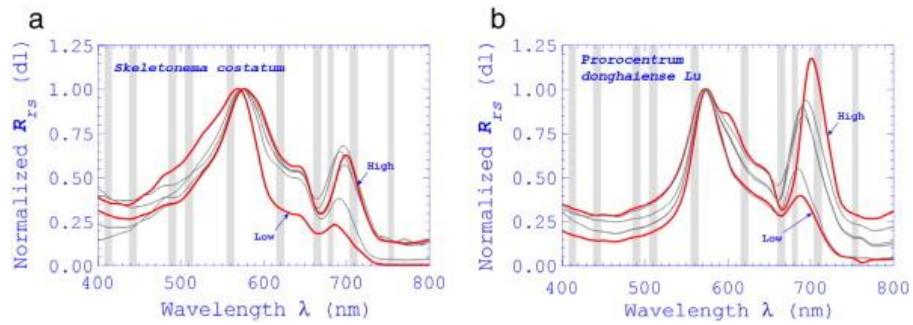


Lisa 12D. Spektraalindeksite korrelatsioon bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäevast ±1 päev. Halliga on märgitud algoritmid ja bioloogilised andmed, mille vahel korrelatsioone ei arvatatud (vt Lisa 9).

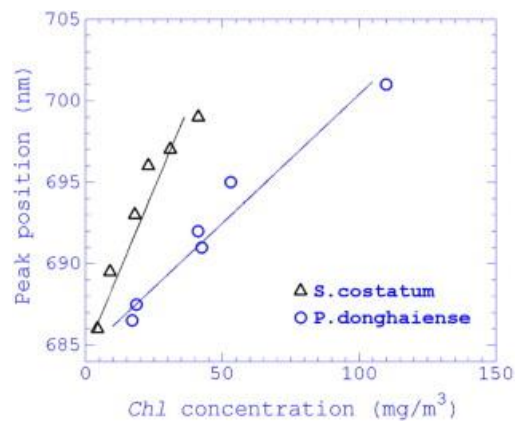


Lisa 12E. Tuletatud klorofüll-*a* produktide korrelatsioon bioloogia andmetega – proovivõtu kuupäeva võrdlus ±1 päevaga.

Lisa 13. Fütoplanktoni spektraalkõverate ja red-edge piirkonna muutuste näited



Lisa 13A. Ränivetika *Skeletonema costatum* ja dinoflagellaadi *Prorocentrum donghaiense* spektraalsed peegelduskõverad erinevate kontsentratsioonitasemete juures (Tao jt, 2013).



Lisa 13B. Red-edge piirkonna spektraalse maksimumi nihkumine sõltuvalt klorofüll *a* kontsentratsioonist ränivetikate (*Skeletonema costatum*) ja dinoflagellaatide (*Prorocentrum donghaiense*) puhul (Tao jt, 2013).

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja lõputöö üldsusele kättesaadavaks tegemiseks¹

Mina Lola Link

1. Annan Tallinna Tehnikaülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) enda loodud teose
Satelliitpiltide ühildamine fütoplanktoni bioloogiliste näitajatega,

mille juhendajad on Sirje Sildever ja Age Aavaste,

1.1 reprodutseerimiseks lõputöö säilitamise ja elektroonse avaldamise eesmärgil, sh Tallinna
Tehnikaülikooli raamatukogu digikogusse lisamise eesmärgil kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja
lõppemiseni;

1.2 üldsusele kättesaadavaks tegemiseks Tallinna Tehnikaülikooli veebikeskkonna kaudu, sealhulgas
Tallinna Tehnikaülikooli raamatukogu digikogu kaudu kuni autoriõiguse kehtivuse tähtaja
lõppemiseni.

2. Olen teadlik, et käesoleva lihtlitsentsi punktis 1 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.

3. Kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei rikuta teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete
kaitse seadusest ning muudest õigusaktidest tulenevaid õigusi.

25.05.2026

¹ Lihtlitsents ei kehti juurdepääsupiirangu kehtivuse ajal vastavalt üliõpilase taotlusele lõputööle juurdepääsupiirangu kehtestamiseks, mis on allkirjastatud teaduskonna dekaani poolt, välja arvatud ülikooli õigus lõputööd reprodutseerida üksnes säilitamise eesmärgil. Kui lõputöö on loonud kaks või enam isikut oma ühise loomingulise tegevusega ning lõputöö kaas- või ühisautor(id) ei ole andnud lõputööd kaitsvale üliõpilasele kindlaksmääratud tähtjaks nõusolekut lõputöö reprodutseerimiseks ja avalikustamiseks vastavalt lihtlitsentsi punktidele 1.1. ja 1.2., siis lihtlitsents nimetatud tähtaja jooksul ei kehti.