

Molekulārās ģenētikas metodes Latvijas mežzinātnē

Dainis Ruņģis, Vilnis Šķipars, Angelika Voronova, Baiba Krivmane, Ilze Gaile, Viktorija Beļeviča, Anna Korica, Krista Kānberga-Siliņa, Ilze Veinberga.



Ģenētisko resursu centrs,
LVMI “Silava”, Rīgas iela 111, Salaspils, Latvija, LV-2169
dainis.rungis@silava.lv



Ģenētisko resursu centra (ĢRC) molekulārās ģenētikas laboratorijā tiek veikti Latvijas mežsaimniecībai aktuālie pētījumi:

- 1) populāciju analīze ar DNS kodola, hloroplastu un mitohondriāliem marķieriem;
- 2) genoma strukturālās daudzveidības izpēte – gēnu kopiju skaita analīze un retrotranspozonu analīze;
- 3) gēnu ekspresijas pētījumi – proteīnus kodējošie gēni, retroelementu ekspresija, mikroRNS aktivitāte.

Parastās priedes rezistence pret patogēniem

Priežu sakņu trupe.

Izplatīta Latvijas priežu audzēs; izraisa patogēnā sēne *Heterobasidion annosum*; samazina koksnes pieaugumu; veicina vējgāzes un izraisa koku nokalšanu.

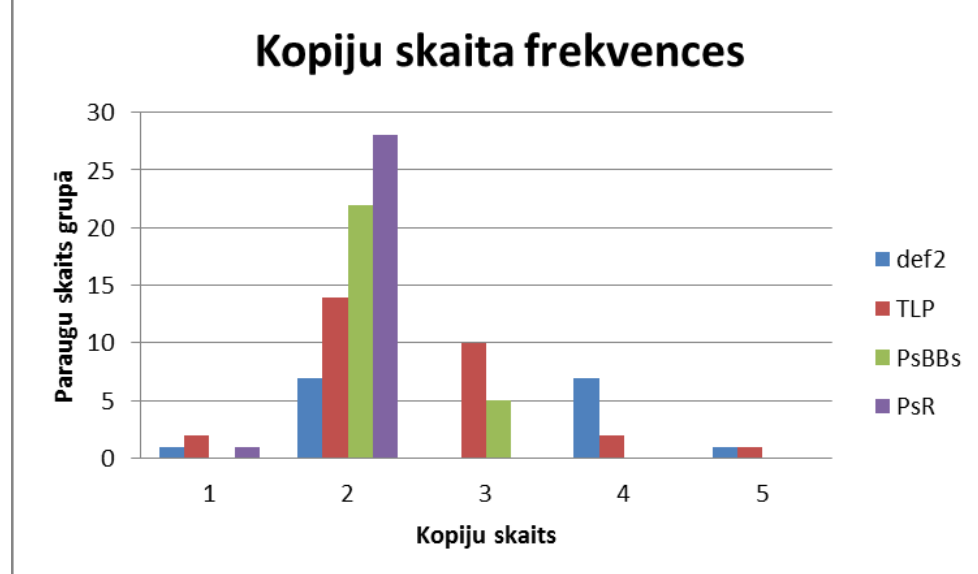
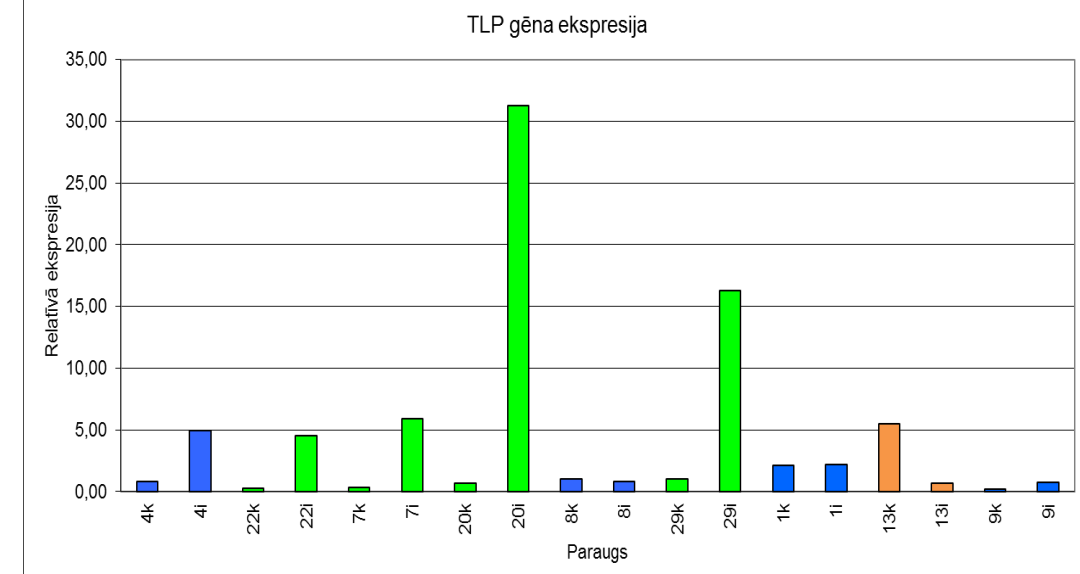
Brūnā priežu skujbire.

Nozīmīga slimība kokaudzētavās, vairāk skar jaunus kokus. Slimība un to izraisošā sēne (*Lophodermium* spp.) ir maz pētīta. Sadarbībā ar LVAI ir izveidota izolātu kolekcija un aprobētas inokulācijas metodikas.

Pētījumos tiek izmantotas kandidātģēnu kopiju skaita un ekspresijas analīzes. Iegūtie rezultāti liecina, ka, salīdzinot atsevišķus priedes indivīdus, novērojama kandidātģēnu kopiju skaita variācija. Konstatēts, ka kandidātģēna ekspresijas pieaugums pēc inokulācijas ar *H. annosum* ir lielāks indivīdos ar lielāku gēnu kopiju skaitu. Pētījumi par parastās priedes rezistenci pret patogēniem ir nepieciešami, lai iekļautu priedes materiālu ar palielinātu rezistenci selekcijas programmās.

Galvenie izpildītāji:

V. Šķipars, V. Beļeviča, I. Gaile, B. Krivmane, D. Ruņģis. Pētījums veikts projekta “Zinātniskās kapacitātes stiprināšana augļkopības, mežu un informācijas tehnoloģijas nozarēs, nodrošinot videi draudzīgu audzēšanas risinājumu, produktu izstrādes un ieviešanas izpēti ar datortehnoloģiju atbalstu” (Nr.2009/0228/1DP/1.1.1.2.0/09/APIA/VIAA/035) ietvaros.



Priedes genoma retroelementu izpēte

Saistībā ar iespējamām klimata izmaiņām tiek pievērsta paaugstināta uzmanība organismu pielāgošanās spējām dažādiem apkārtējās vides apstākļiem un šo spēju nosakošajiem mehānismiem. Koku sugas parasti ir svešapputes, ar ilgu vienas paaudzes nomaiņas laiku. Tāpēc svarīgi to genoma struktūras un plasticitātes pētījumi. Konstatēts, ka nekodējošās genoma sekvences, kas pamatā veido hromosomu struktūras, ir nozīmīgas stresa atbildes veidošanā. Tās nosaka struktūras stabilitāti, kā arī pārkārtojumu iniciēšanu genomā. Vienas no tām ir retrotranspozonu sekvences, un priedēs 70-75% no genoma sastāv no šīm retroelementa sekvencēm. Aktīvie retroelementi ir spējīgi autonomi pārvietoties organisma genomā, bet neaktīvie šo spēju ir zaudējuši sakrāto mutāciju dēļ. Zināms arī, ka retroelementu ekspresija palielinās stresa faktoru ietekmē.

No priedes kokiem, kuri ir bijuši mākslīgi pakļauti stresa ietekmei, tiek izdalīti ekspresētie retroelementi un nosekvenēti. Tiek pētītas retrotranspozonu sekvences, identificēta to homoloģija ar zināmajām sekvencēm un piederība noteiktai retrotranspozonu klasei, analizētas aktivitātes iespējas. Tiek pārbaudīts atrasto retrotranspozonu polimorfisms priedes dabiskajās audzēs.

Galvenā izpildītāja: A. Voronova. Pētījums veikts projekta “ Ģenētisko faktoru nozīme adaptēties spējīgu un pēc koksnes īpašībām kvalitatīvu mežaudžu izveidē ” (2009/0200/1DP/1.1.1.2.0/09/APIA/VIAA/146) ietv.

Bērzu koksnes iekrāsojums

Bērzs aizņem gandrīz 30% no kopējās Latvijas mežu platības. Strauji attīstoties saplākšņa ražošanai, pieaug pieprasījums pēc kvalitatīvas bērza koksnes. Ekonomiskie zaudējumi saplākšņa ražošanā ir saistīti ar bērza koksnes iekrāsojumu, kuru izraisa dažādi patogēni. To identitāte un izplatība Latvijas bērzu audzēs nav pētīta, kā arī nav noskaidroti iespējamie bērza rezistences ģenētiskie faktori.

Izmantojot mikrobioloģiskās un molekulāri ģenētiskās metodes, tiek izdalītas un identificētas iekrāsotā koksnē esošas sēnes, noteikta bērza koksni iekrāsojošo patogēnu izplatība bērzu audzēs Latvijas reģionos.



Rezultāti dos iespēju turpmākos pētījumos identificēt rezistentākos klonus, kuru izmantošana selekcijā nodrošinās saplākšņa ražošanu no augstvērtīgāka izejmateriāla.

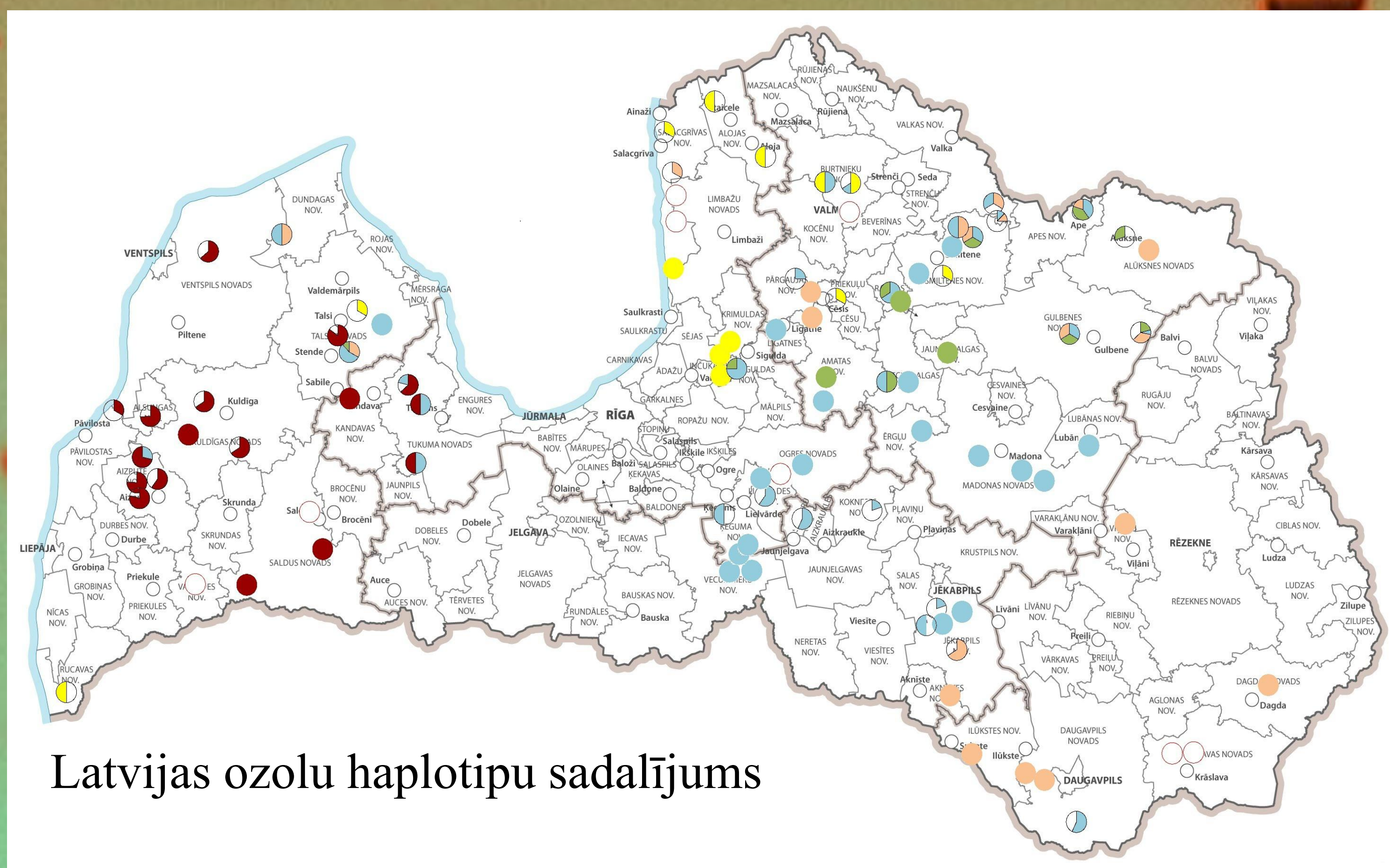
Galvenie izpildītāji: A. Korica, I. Veinberga, D. Ruņģis, Ž. Bacāns (AS ‘Latvijas Finieris’). Pētījums veikts MNKC ietvaros.

Ozola populāciju ģenētiskās struktūras un izcelsmes analīze

Latvijas ozolu paraugi analizēti ar hloroplastu SSR marķieriem un sadalīti pa haplotipiem (īpatņu grupām). Atlasītie indivīdi no katras haplotipa grupas tālāk analizēti ar hloroplasta PCR-RFLP marķieriem. Tā kā hloroplastu DNS lapu kokos tiek pārmantoti pa mātes līniju, tad analizējot to ģenētisko daudzveidību un atšķirību starp audzēm un indivīdiem, iespējams noteikt ozola indivīda izcelsmi. Iegūtie rezultāti salīdzināti ar Baltkrievijas, kā arī ar Eiropas ozolu haplotipiem.

Izdalītas trīs haplotipu grupas Latvijas ozoliem: haplotipi, kuri ir identiski ar Baltkrievijas ozoliem, haplotipi, kuri ir atšķirīgi no Baltkrievijas ozoliem, bet tomēr tiem radnieciski, un haplotipi, kuri ir ar pilnīgi atšķirīgu izcelsmi, radnieciski Zviedrijas ozoliem. Vadoties pēc šiem rezultātiem iespējams atlasīt Baltkrievijas ozola populācijas, kuras līdzīgākas Latvijā esošām audzēm un indivīdiem, lai veidotu ozola izmēģinājuma stādījumus.

Galvenie izpildītāji: I. Veinberga, I. Baumanis, D. Ruņģis. Pētījums veikts Latvijas un Baltkrievijas sadarbības projekta ietvaros.



Latvijas ozolu haplotipu sadalījums