

Valsts pētījumu programmas apakšprojekta „**Inovātīvu meža audzēšanas tehnoloģiju izstrāde mežsaimnieciskās ražošanas produktivitātes un mežsaimniecības konkurētspējas palielināšanai**” 2011. gads

3. temats. **DNS marķieru metožu izmantošana meža koku selekcijā un ģenētisko resursu izvērtēšanā** (atbilstīgais izpildītājs - LVMI Silava vadošais pētnieks Dainis Ruņģis).

**Problēmas raksturojums, pamatojums:**

Meža koku selekcija un fenotipiskā izvērtēšana ir ļoti laikietilpīgi procesi. Izmantojot DNS marķierus, šo darbu var paātrināt un precizēt. Sēklu plantāciju genotipēšana ir nepieciešama, lai noskaidrotu un apstiprinātu plantāciju shēmas, nodrošinātu, ka ģenētiskā daudzveidība mežaudzēs selekcijas programmas realizācijas rezultātā ir līdzīga tai neselekcionētajās mežaudzēs, kā arī, lai varētu sertificēt sēklu plantācijas. „*Breeding without breeding*” ir jauna koncepcija meža koku selekcijā, ar kuru, izmantojot esošos koku stādījumus, iespējams noteikt galvenās selekcijas vērtības. DNS marķierus var izmantot, lai rekonstruētu ģimenes struktūru esošos stādījumos un no tā izrēķinātu selekcijas vērtības dažādām īpašībām, kā arī atlasīt elitārās ģimenes. Metodes priekšrocība ir tāda, ka nav nepieciešami jauni kontrolētie krustojumi un nav jāierīko stādījumi, tādejādi ietaupot daudzus gadus selekcijas ciklā.

Ģenētisko resursu izpētē DNS marķierus var izmantot dabisko audžu izcelsmes un ģenētiskās struktūras noskaidrošanai, kā arī, lai identificētu starpsugu hibrīdus. Ar DNS marķieru palīdzību var raksturot un salīdzināt ģenētisko daudzveidību kokos un audzēs, kuri ir apzināti kā ģenētiskie resursi, ar to, kas ir atrodamā dabiskās populācijās.

**Programmas temata uzdevumi 4 gadu periodā:**

1. Sēklu plantāciju klonu un citu meža ģenētisko resursu aprakstīšana ar DNS marķieriem un augstvērtīgu ģenētisko etalonu izdalīšanai nepieciešamās informācijas nodrošināšanai.
2. „*Breeding without breeding*” metodikas aprobācija. Pluskoku pēcnācēju ģimenes struktūras noteikšana ar DNS marķieriem, ģimenes selekcijas vērtības noskaidrošana.
3. Vienotas Latvijas meža koku ģenētiskās datubāzes izveide, apkopojot iegūto informāciju.

**Izdarītais 2010. gadā:**

1. izanalizēta un pasportizēta Zlēku priežu sēklas plantācija (176 paraugi);
2. izanalizēti Zvirgzdes priežu stādījuma kloni (211 paraugi);
3. papildināta genotipēšana mežu atjaunošanas reproduktīvā materiāla kontroles metodikas aprobācijai (440 paraugi);
4. izanalizēta un pasportizēta daļa Suntažu egles sēklas plantācijas (126 paraugi);
5. pēc dīgtspējas, un citām metodikām izvērtētas sēklas no kontrolēta krustojuma starp baltalkšņa (tēvs) un melnalkšņa (mātes koks);
6. uzsākta meža koku datubāzes izvērtēšana;
7. uzlabota ģenētisko resursu izpētes institucionālā un tehniskā kapacitāte (iegādāta datortehnika un izveidotas 10 datoru darba stacijas LVMI Silava meža selekcijas un ģenētikas pētījumu virzienam).

**Darāmais 2011. gadā**

1. Amulas priežu plantācijas ģenētiskā pasportizācija ar 3 SSR marķieriem (2 rameti no katra 122 kloniem, kopā 244 paraugi. Amulas plantācija ir jaunierīkota priežu plantācija un ir nepieciešams to ģenētiski pasportizēt, lai apstiprinātu plantācijas shēmu un lai nākotnē varētu pārbaudīt sēklu materiālu, kas tiks iegūts no šīs plantācijas.
2. Koku radniecības novērtējums audzes ietvaros, izmantojot 9 SSR marķierus (84 gadus vecā, dabiski atjaunotā audzē, 250 koki, kopā 250 paraugi), lai noskaidrotu koku radniecības pakāpi un iespējamo ģimenes struktūru dabiski atjaunotā audzē. Tas būtu pirmais solis, lai varētu izrēķināt selekcijas vērtības šai audzei un turpmāk izmantotu šo materiālu '*breeding without breeding*' pētījumos.
3. Misas priežu plantācijas pēcnācēju izpēte (tiks ievākti čiekuri no 70 kokiem un analizētas 6 sēklas no katra mātes koka, kopā 420 paraugi), iegūstot informāciju par putekšņu plūsmu plantācijā, iespēju kontrolēt sēklas izcelsmi, kā arī par putekšņa fona ietekmi.
4. Izveidot vienotu priežu klonu datu bāzi, kas dos iespēju salīdzināt pasportizācijas datus starp plantācijām. Izveidojot kopēju datubāzi, būs iespējams mērķtiecīgāk identificēt klonus krustošanai un citiem selekcijas programmas aktivitātēm.