



PostDoc
Latvia

Melleņu (*Vaccinium myrtillus* L.) ģenētiskās daudzveidības un populāciju struktūras izpēte

Agnese Gailīte, Dainis Ruņģis



Valsts izglītības
attīstības aģentūra

NACIONĀLAIS
ATTĪSTĪBAS
PLĀNS 2020



EIROPAS SAVIENĪBA
Eiropas Reģionālās
attīstības fonds

IEGULDĪJUMS TAVĀ NĀKOTNĒ

Mellenes (*Vaccinium myrtillus* L.)

- Vasarzaļš ilgmūžīgs 5-90 cm garš sīkkrūms, tipisks Z puslodes egļu un priežu mežos
- Vairošanās gan ģeneratīva, gan veģetatīva. Raksturīga rizomātiska augšana, veido kolonijas ar diametru līdz 15 m.



Paraugu ievākšanas vietas



Materiāls un metodes

- Pārbaudīti 18, izmantoti 8 EST SSR marķieri, kas paredzēti *V.corymbosum*. Jo vairāk marķieru izmanto, jo populāciju raksturojums ir objektīvāks.
- Veiktas PCR reakcijas, PCR produkti analizēti ar ģenētisko analizatoru (Applied Biosystems ABI Prism 3100xl Genetic Analyzer)
- Iegūtie rezultāti analizēti ar programmām GenAEx 6.501 (Peakall, Smouse, 2006), STRUCTURE 2.3.4. (Pritchard, Stephens, Donnelly, 2000).

Analizētie parametri

- marķieru piemērotība,
- alēļu frekvences populācijās, heterozigotāte (raksturo populācijas ģenētisko mainību),
- AMOVA (*analysis of molecular variance*),
- populāciju struktūra,
- Koordinātu analīze (PCoA)
- ģenētiskās (novērtē populāciju ģenētisko diferenciāciju) un ģeogrāfiskās distances un to salīdzinājums (telpiskā izolācija)

Marķieru daudzveidība

	NA741	CA236	CA421	CA112	CA483	NA961	VCCJ5	VCCK4
N	18.114	18.543	19.029	19.543	18.829	19.143	15.000	19.486
Na (alēļu sk.)	2.800	1.857	9.086	2.086	3.457	3.514	7.429	4.314
Ne (efekt. alēļu sk.)	1.684	1.184	3.522	1.153	2.260	2.470	4.716	3.035
I (inform. indekss)	0.630	0.246	1.588	0.229	0.922	0.997	1.663	1.210
Ho (heterozigot.)	0.297	0.120	0.661	0.124	0.569	0.300	0.249	0.647
He (sagaidāmā heterozigot.)	0.367	0.137	0.675	0.114	0.545	0.572	0.748	0.664
F (fiksācijas indekss)	0.199	0.066	0.025	-0.054	-0.038	0.480	0.676	0.026

Marķieri un informativitāte

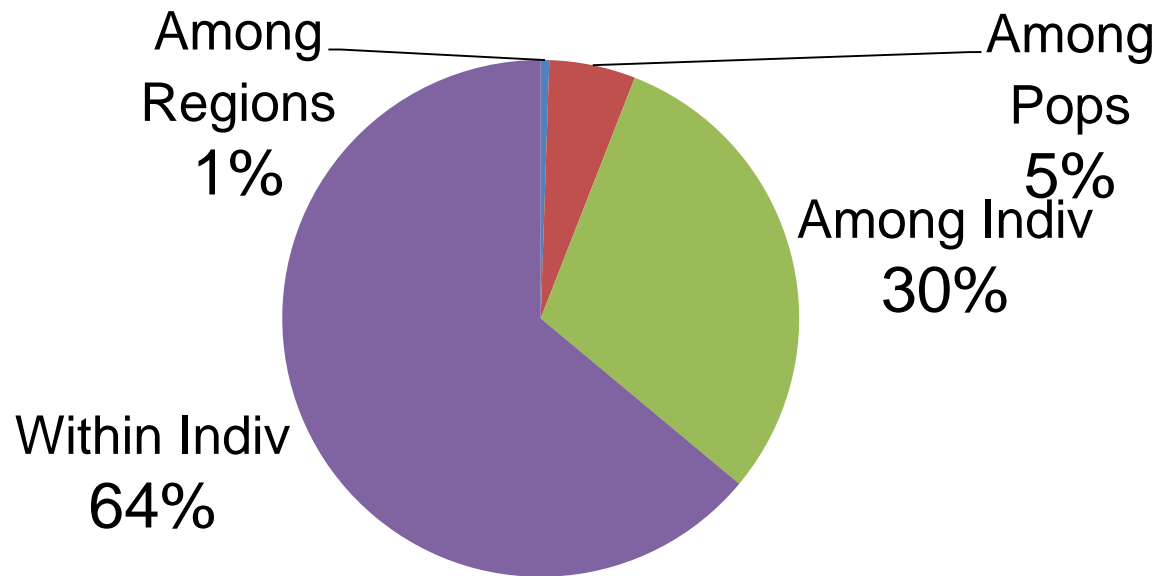
	alēļu skaits	kvalit.
NA741	4	iesp. 0 alēles
CA236	4	
CA421	22	
CA112	7	
CA483	7	
NA961	6	iesp. 0 alēles
VCCJ5	25	iesp. 0 alēles
VCKK4	10	

Alēļu frekvences



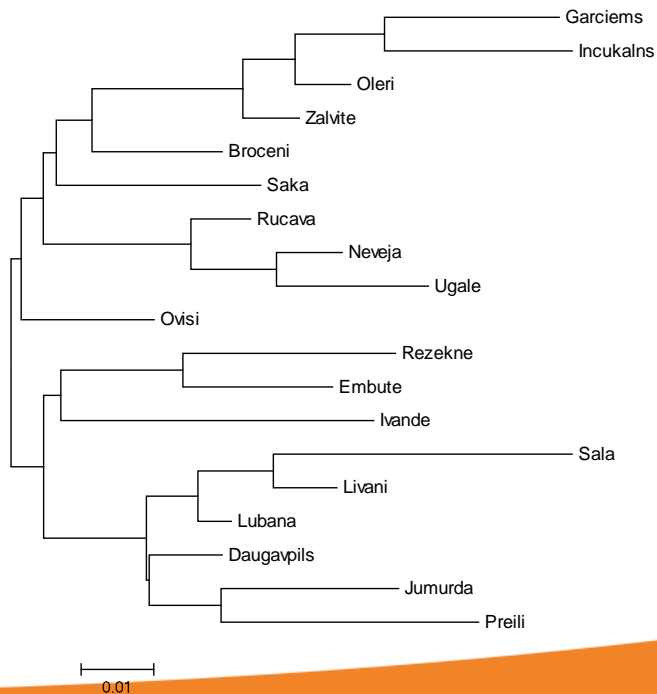
Population	Neveja	Ugāle	Jumurda	Mustvee	Nigula	Tooma	Aklasis ežeras	Zapyškis forest	Aukštum ala bog
Na	6,000	5,250	5,250	3,875	3,750	3,500	4,500	4,125	4,000
Na Freq. >= 5%	3,250	3,500	3,500	3,000	2,750	3,000	3,250	3,125	3,625
Ne (efekt. al.sk.)	2,972	3,031	2,732	2,663	2,150	2,062	2,629	2,458	2,428
I	1,095	1,056	1,048	0,908	0,808	0,801	0,958	0,968	0,948
No. Private Alleles	0,625	0,250	0,250	0,125	0,125	0,125	0,250	0,125	0,250
No. LComm Alleles (<=25%)	1,250	1,125	1,500	0,750	0,750	0,125	0,625	0,875	0,875
No. LComm Alleles (<=50%)	1,875	1,625	2,125	1,125	1,125	0,500	1,250	1,375	1,125
He	0,514	0,511	0,508	0,465	0,425	0,432	0,473	0,509	0,487

Latvijas, Lietuvas un Igaunijas populāciju salīdzinājums (Percentages of Molecular Variance)

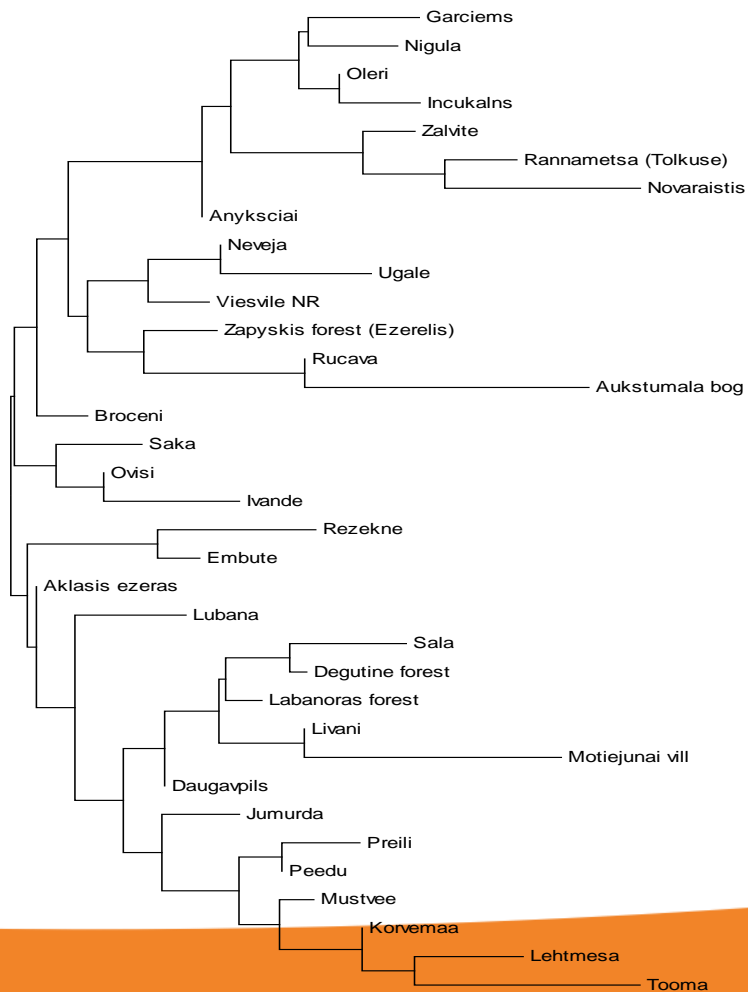


Dendrogramma - Latvijas populācijas

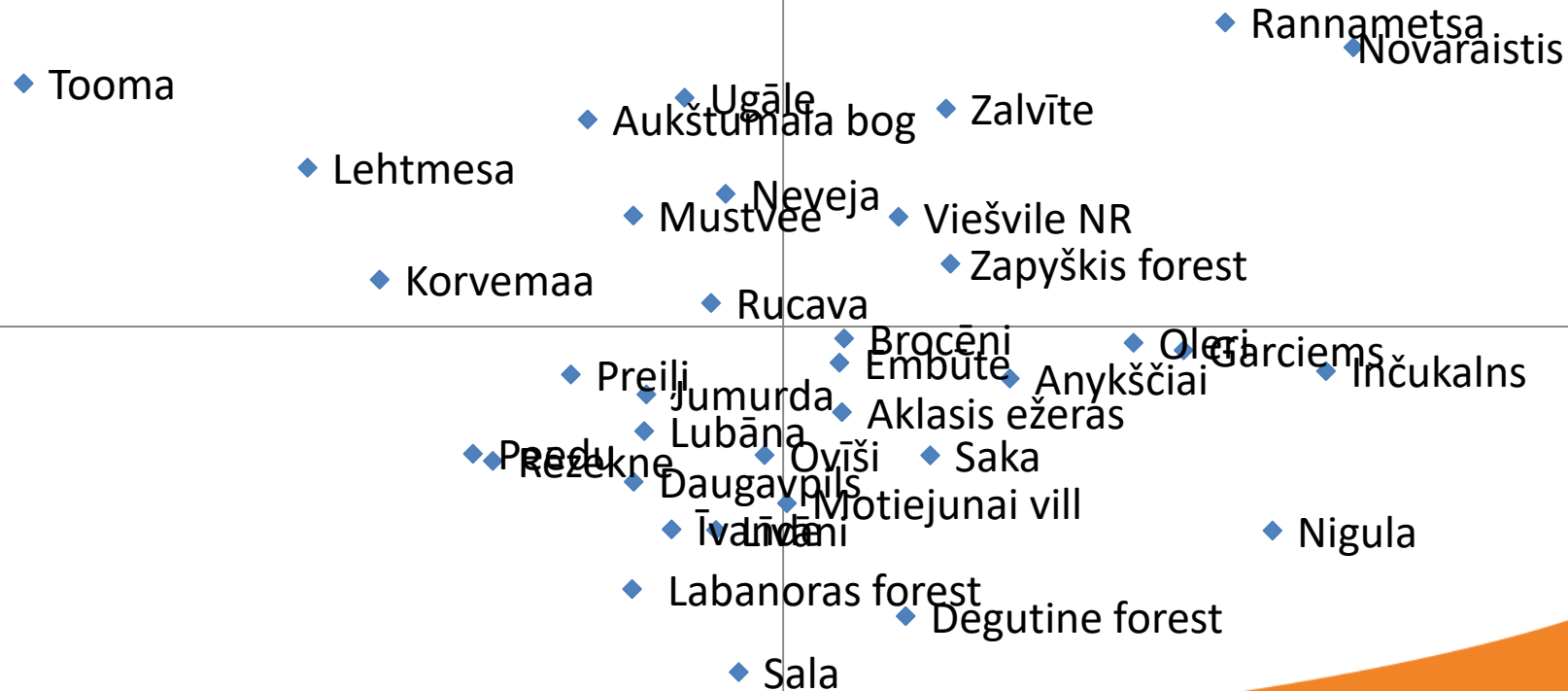
(Neighbour-joining dendrogramma veidota izmantojot Nei ģenēt. distances)



Dendrogramma – visas populācijas



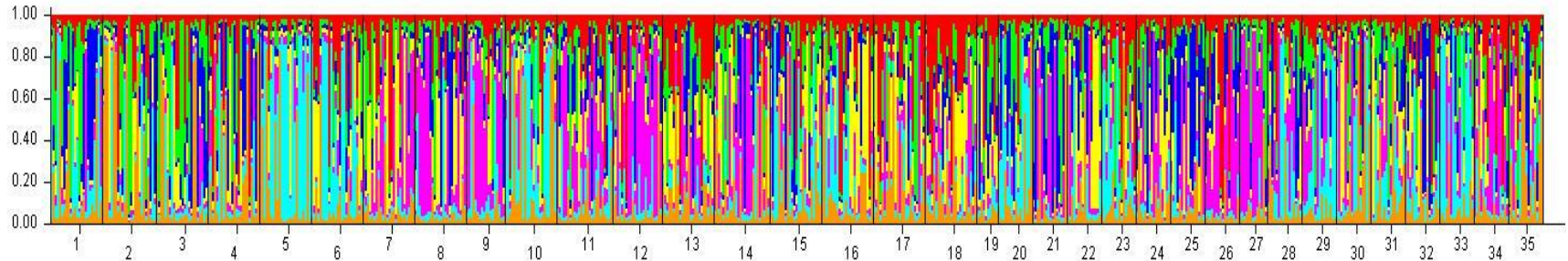
Coord. 2



Coord. 1

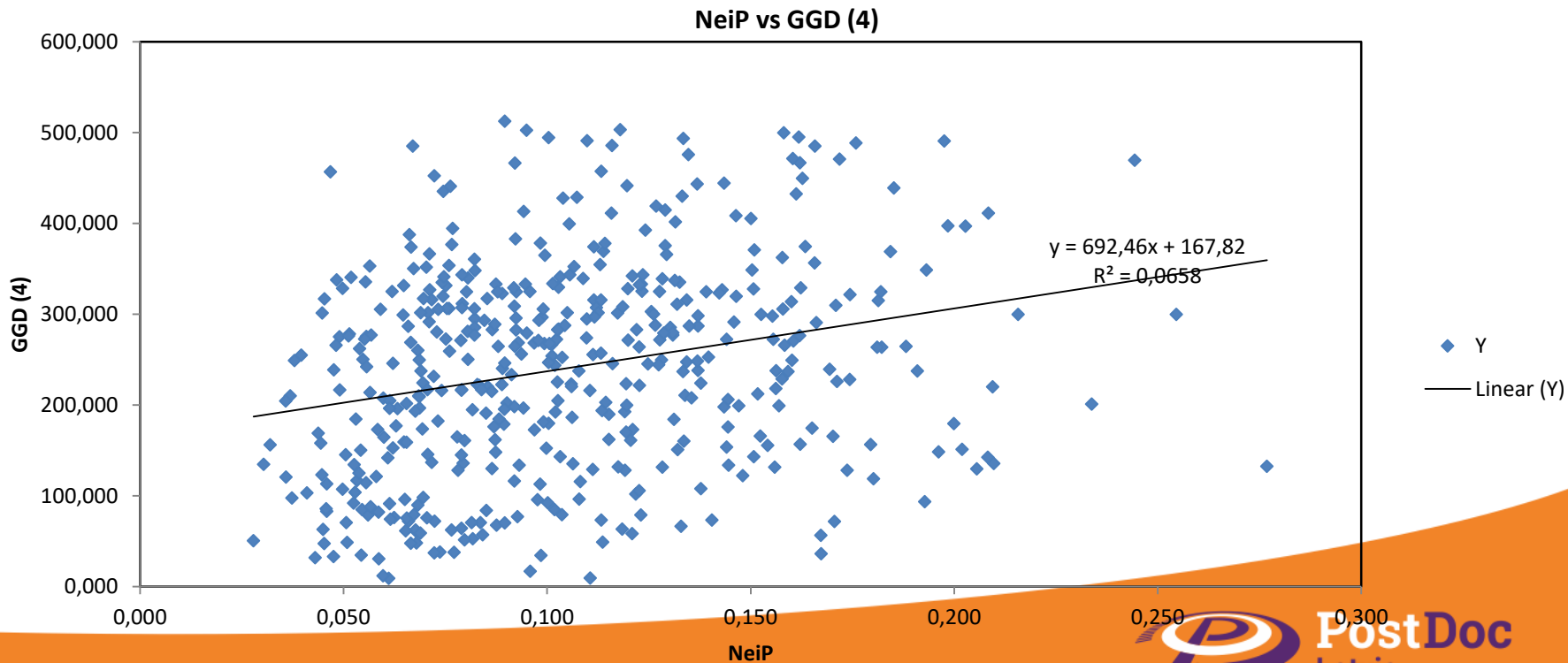
Populāciju struktūras analīze

- Izmantota STRUCTURE 2.3.4 programma (Pritchard et al. 2000)
- Nav izteiktas struktūras (vērtētas no 1-25 iespējamās grupas)



K=7

Ģenētiskās un ģeogrāfiskās distances salīdzinājums (IBD)



Secinājumi

- Pieejamie SSR ģenētiskie marķieri nav ļoti informatīvi, tomēr tos iespējams lietot ģenētiskās daudzveidības analīzēm un rezultāti ir ticami.
- Populācijas ir diezgan viendabīgas, nav daudz unikālo alēļu. No 19 analizētajām populācijām 3. Lietuvā - no 9 populācijām 3 bija ar privātām alēlēm, Igaunijā 3 no 7.
- Melleņu populācijas ir ģenētiski daudzveidīgas, lielākā daudzveidība ir indivīdu iekšienē, tomēr arī starp populācijām ir 5% atšķirības.
- Vērojama pozitīva korelācija starp ģenētisko un ģeogrāfisko distanci, kas norāda uz to, ka populācijas atdalītas ģeogrāfiski.
- Populācijas nav strukturētas, t.i., daudzveidība sadalīta vienmērīgi, nav izolētu populāciju.

- Iegūtie rezultāti rāda, ka ar izmantotajiem marķieriem neuzrādās ģenētiski unikālas populācijas, tomēr veidojot *in situ* saglabāšanas stratēģiju būtu jāņem vērā ģeogrāfiskās un ģenētiskās distances korelācija. Tā kā Latvijā iespējamās melleņu formas ar dažādas krāsas augļiem, bet šobrīd nav savākts pietiekošs paraugu skaits ģenētiskajai analīzei, tad veidojot *in situ* saglabāšanas stratēģiju būtu jāmēģina ietvert šīs dažādās formas un dokumentēt to atrašanās vietas.

Pateicības

- Pētījums veikts VIAA pēcdoktorantūras projekta nr. 1.1.1.2/VIAA/1/16/123 ietvaros.
- Paldies maniem kolēģiem ĢRC par atbalstu, it sevišķi Anitai Gailei par palīdzību karšu veidošanā, kā arī Annai Koricai, Krišam Biteniekam, Viktorijai Beļēvičai un Baibai Krivmanei par palīdzību DNS izdalīšanā.
- Paldies Igaunijas gēnu bankas vadītājai Külli Annamaa un Lietuvas gēnu bankas darbiniekiem Bronislovas Gelvonauskis, Raimondas Baltrenas, Laima Šveistyte par palīdzību paraugu vākšanā Igaunijā un Lietuvā.

Paldies!

