



PostDoc
Latvia

Melleņu (*Vaccinium*) ģints sugu ģenētiskās daudzveidības izpēte Agnese Gailīte, Dainis Ruņģis



Valsts izglītības
attīstības aģentūra

NACIONĀLAIS
ATTĪSTĪBAS
PLĀNS 2020



EIROPAS SAVIENĪBA
Eiropas Reģionālās
attīstības fonds

IEGULDĪJUMS TAVĀ NĀKOTNĒ

- *Vaccinium* ģints augi tiek izmantoti gan kā selekcijas materiāls jaunu šķirņu ieguvei (Latvijā izveidotas vairākas brūkleņu un Eša zilēņu (*Vaccinium ashei* Reade) šķirnes), pārtikā, ir nozīmīgi ārstniecības augi, kā arī tiek izmantoti kā meža dzīvnieku un putnu barības avots. Tomēr ar molekulāri ģenētiskajām metodēm šīs ģints savvaļas sugas Latvijā nav pētītas. Pasaulē pārsvarā ir pētītas *Vaccinium* ģints sekcijas *Cyanococcus* sugas, kuras Latvijā savvaļā nav sastopamas.
- Pētījuma tiešais mērķis - veikt *Vaccinium* ģints sugu *in situ* apsekošanu Latvijā un molekulāri ģenētisko izpēti. Rezultātā iegūs informāciju par populāciju ģenētisko daudzveidību, kas ir viens no kritērijiem saglabājamo populāciju noteikšanai, kā arī iegūtie rezultāti dotu ieguldījumu CWR un savvaļā ražojošo augu stratēģijas izstrādei.

Mellenes (*V. 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.
- Paraugi vākti 21 vietā Latvijā, 9 – Lietuvā, 7 – Igaunijā
- salīdzinātas 3 vietās atrastās *V. myrtillus* var. *leucocarpum*

Brūklenes (*V. vitis –idaea* L.)



- Mūžzaļš ilgmūžīgs sīkrūms
- Vairošanās gan ģeneratīva, gan veģetatīva.
- Paraugi vākti 20 vietās Latvijā, 9 – Lietuvā, 7 – Igaunijā

Materiāls un metodes

- No augu lapām izdalīta DNS analīžu veikšanai
- Lietoti EST SSR marķieri, kas paredzēti *V.corymbosum*: mellenēm – 8, brūklenēm – 10.
- Veiktas PCR reakcijas, PCR produkti analizēti ar ģenētisko analizatoru (Applied Biosystems ABI Prism 3100xl Genetic Analyzer)
- Iegūtie rezultāti analizēti ar programmu GenAEx 6.501 (Peakall, Smouse, 2006).

Analizētie parametri

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

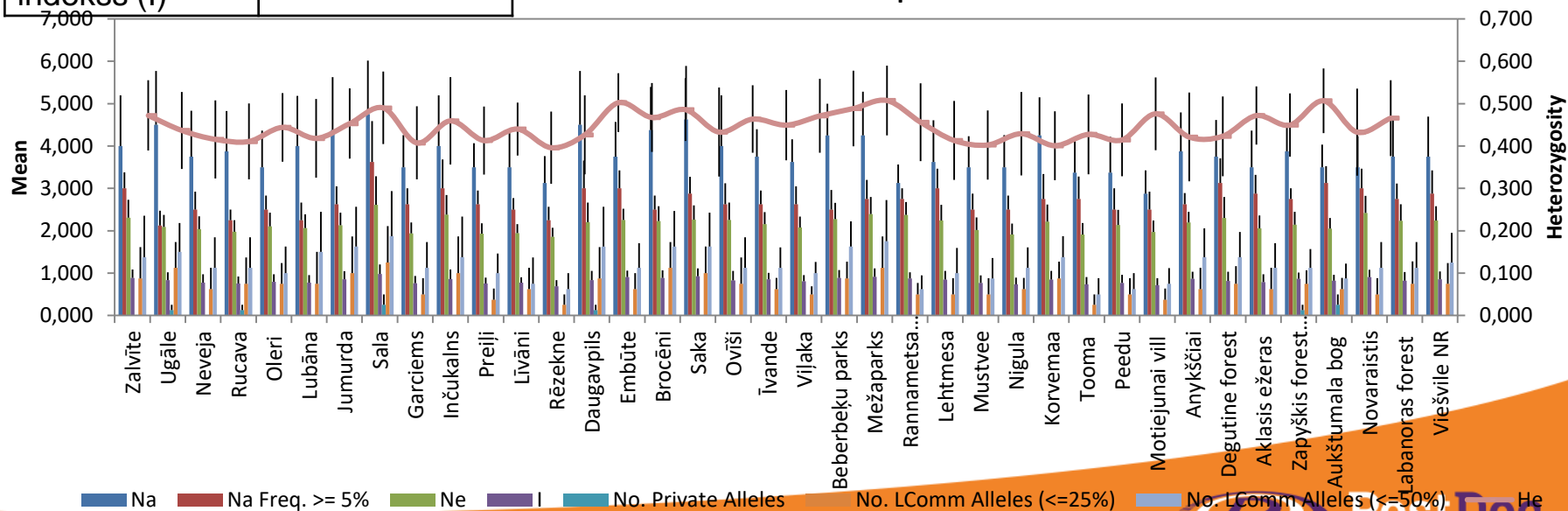
mellenes

| | |
|------------------------------|---------------------|
| | <i>V. myrtillus</i> |
| Alēļu skaits | 3,5-4,5 |
| Unikālo alēļu skaits | 0,125-0,250 |
| Heterozigotāte | 0,318-0,526 |
| Informativitātes indekss (I) | 0,717-0,914 |

Alēļu frekvences, heterozigotāte

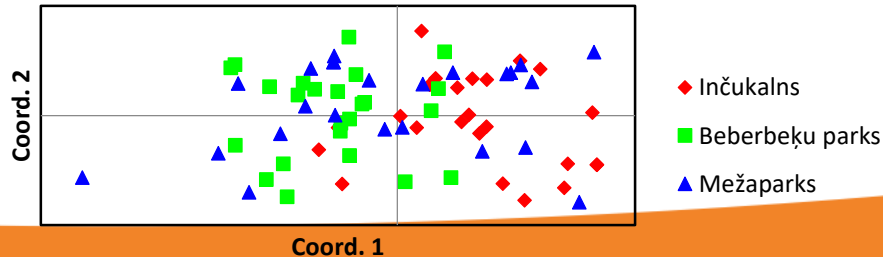


Allelic Patterns across Populations



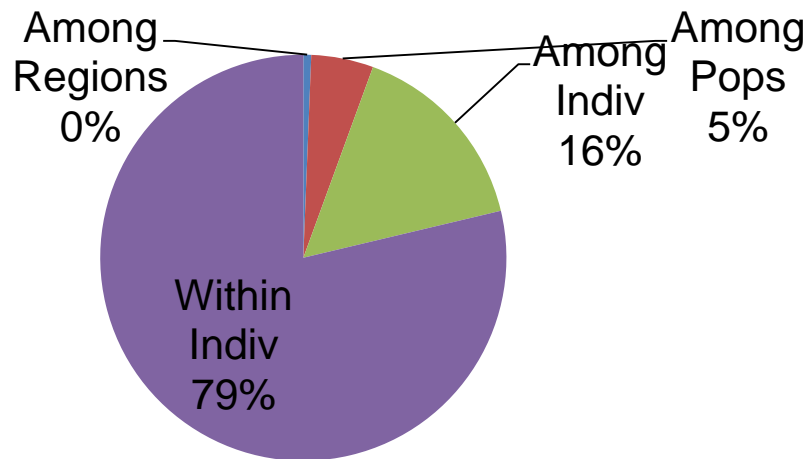
| Population | Beberbeķu parks | Mežaparks | Inčukalns |
|-----------------------------------|-----------------|-----------|-----------|
| Na | 4,250 | 4,250 | 4,000 |
| Na Freq. $\geq 5\%$ | 2,500 | 2,750 | 3,000 |
| Ne | 2,275 | 2,397 | 2,384 |
| I | 0,890 | 0,914 | 0,861 |
| No. Private Alleles | 0,000 | 0,000 | 0,000 |
| No. LComm Alleles ($\leq 25\%$) | 0,875 | 1,125 | 1,000 |
| No. LComm Alleles ($\leq 50\%$) | 1,625 | 1,750 | 1,375 |
| He | 0,471 | 0,488 | 0,459 |
| Ho | 0,452 | 0,403 | 0,463 |

Principal Coordinates (PCoA)



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

mellenes



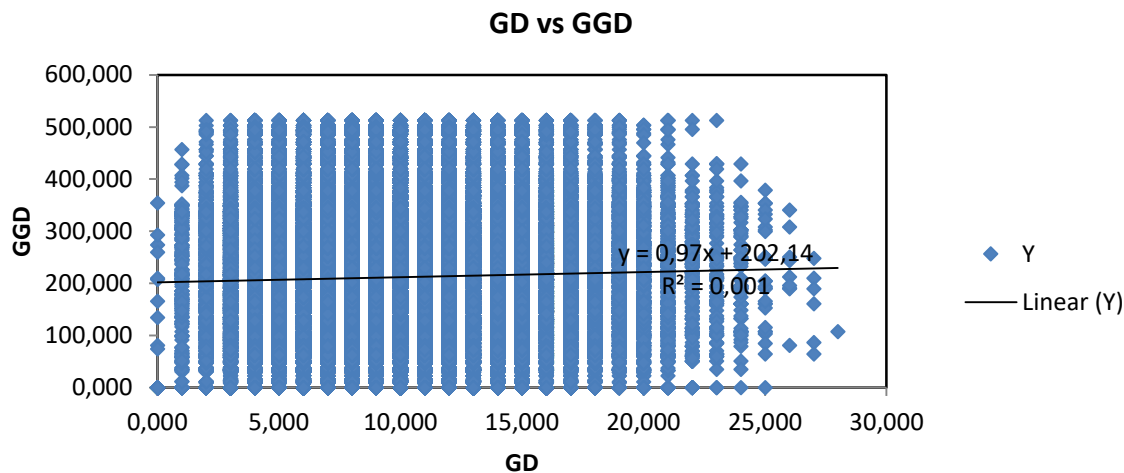
Fst 0,056 **P** 0,001

Ģenētiskā diferenciācija neliela

Ģenētiskās un ģeogrāfiskās distances salīdzinājums (IBD)



mellenes

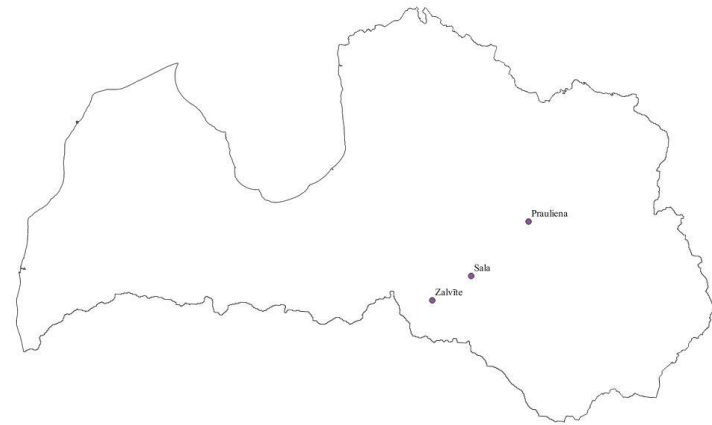


| Rxy | P(rxy-rand >= |
|-------|---------------|
| 0,032 | 0,004 |

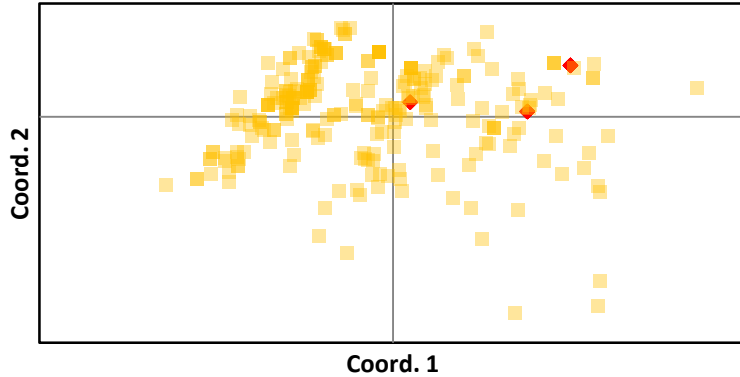
Korelācija starp ģenētisko un ģeogrāfisko
distanci neliela



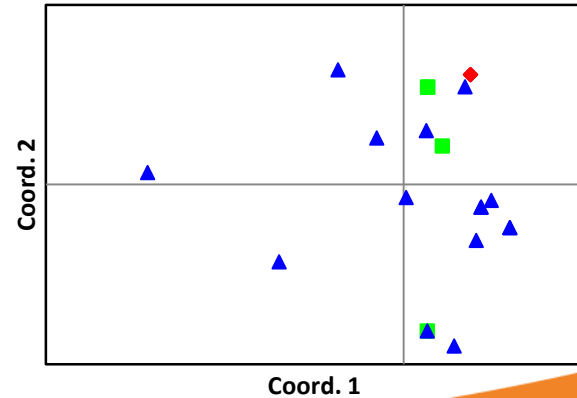
V. myrtillus var. leucocarpum



Principal Coordinates (PCoA)



- ◆ baltas
- parastās



- ◆ Zalvīte b
- Zalvīte p.
- ▲ Zalvīte

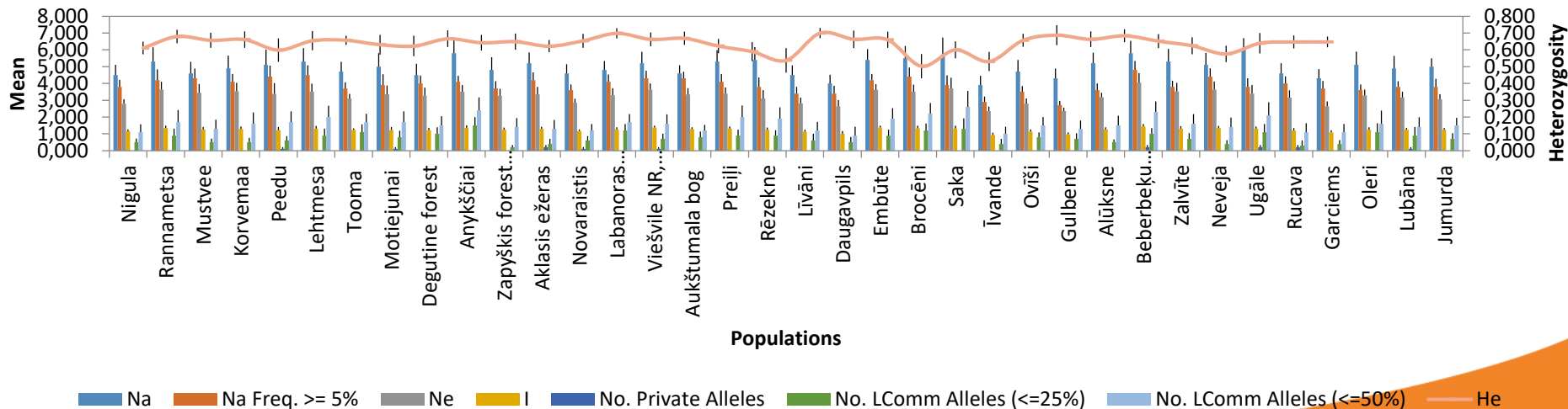
Katrā vietā atrasts viens genotips.

Alēļu frekvences, heterozigotāte

V. vitis-idaea

| | |
|------------------------------|-------------|
| Alēļu skaits | 4,2-6 |
| Unikālo alēļu skaits | 0,1-0,2 |
| Heterozigotāte | 0,4-0,638 |
| Informativitātes indekss (I) | 0,928-1,432 |

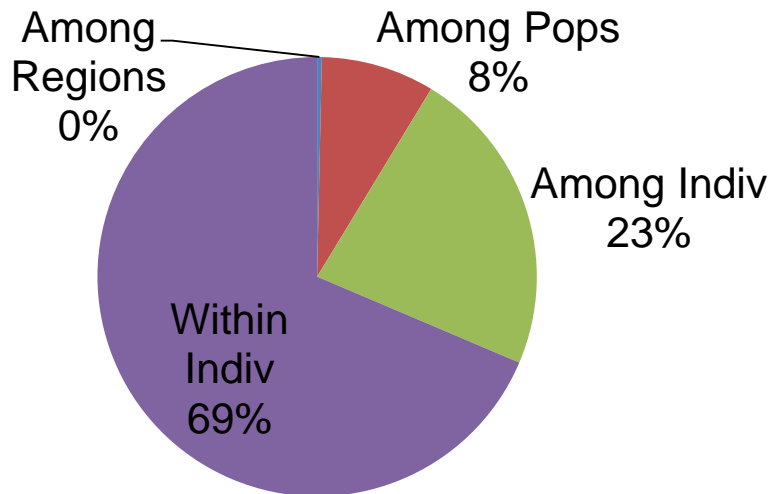
Allelic Patterns across Populations



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



brūklenes



Fst 0,087 P 0,001

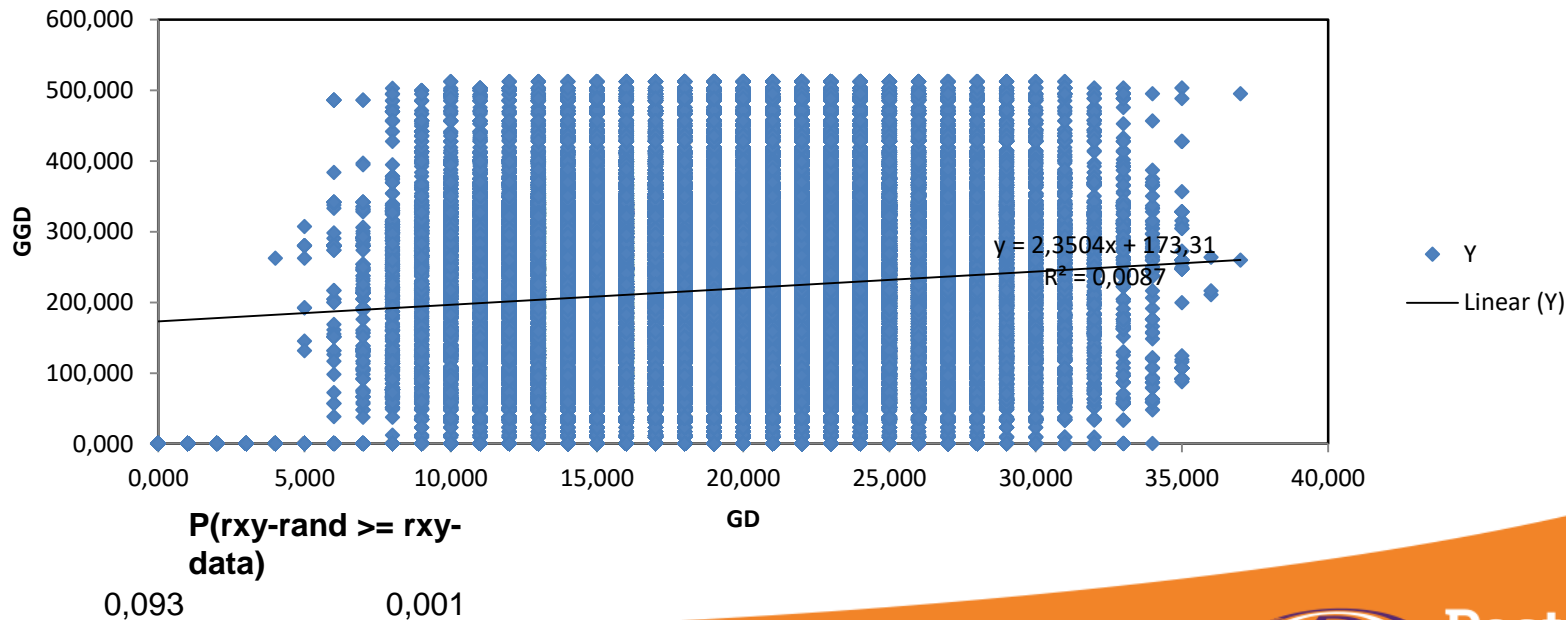
Ģenētiskā diferenciacija vidēja

Ģenētiskās un ģeogrāfiskās distances salīdzinājums (IBD)



brūklenes

GD vs GGD



Korelācija starp ģenētisko un ģeogrāfisko distanci neliela

Secinājumi

- Populācijas ir samērā viendabīgas, nav daudz unikālo alēļu.
- Gan brūkļu, gan melleņu populācijas ir ģenētiski diferencētas, lielākā daudzveidība ir indivīdu iekšienē, tomēr arī starp populācijām ir 5% (mellenēm) - 8% (brūklenēm) atšķirības.
- Nav būtiskas atšķirības ģenētiskajā daudzveidībā starp aizsargājamajās teritorijās, mežos vai parkos augušajām mellenēm.
- Vērojama neliela pozitīva korelācija starp ģenētisko un ģeogrāfisko distanci, kas norāda uz to, ka populācijas atdalītas ģeogrāfiski.
- *V. myrtillus* var. *leucocarpum* katrā vietā atrasts viens genotips, kas krasi neatšķiras no pārējās populācijas. Tas norāda, ka visticamāk šīs varietātes izcelsme ir spontāna.

- 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 rezultāti rāda, ka gan apdzīvotās un izmantotās vietās, gan aizsargātās dabas teritorijās, gan mežos ģenētiskā daudzveidība būtiski neatšķiras, tad daudzveidības saglabāšanai nav nepieciešams obligāti izvēlēties šo sugu saglabāšanu aizsargājamajās teritorijās.
- Tā kā Latvijā iespējamās melleņu formas ar dažādas krāsas augļiem, 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 «Melleņu (*Vaccinium*) ģints ģenētisko resursu izpēte Latvijā» ietvaros.
- Paldies Leldei Stirnai un Lāsmai Lasmanei par dalīšanos ar informāciju par *V. myrtillus var. leucocarpum* atradnēm.
- 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!

