



IEGULDĪJUMS TAVĀ NĀKOTNĒ

PĀRSKATS

par projekta vienošanās Nr. 2014/0002/1DP/1.1.1.2.0/13/APIA/VIAA/053
„Savvaļas sugu ģenētiskā monitoringa sistēmas izveide”
zinātniskās grupas paveikto periodā
no 2015.gada 1.februāra līdz 2015.gada 31.maijam

2.1. Līdz medību sezonas noslēgumam (31.marts) turpināta paraugu ievākšana no nomedītajiem vilkiem, lūšiem un staltbriežiem. Kopumā šī projekta ietvaros DNS analīzēm izmantojamo paraugu skaits ir sekojošs: 418 vilku, 263 lūši un 100 staltbriežu. Paraugu ievākšana un izpēte tiek un tiks turpināta arī ārpus projektā plānotajām aktivitātēm, jo viens no projekta mērķiem ir ģenētiskā monitoringa sistēmas kā nepārtraukta procesa izveide.

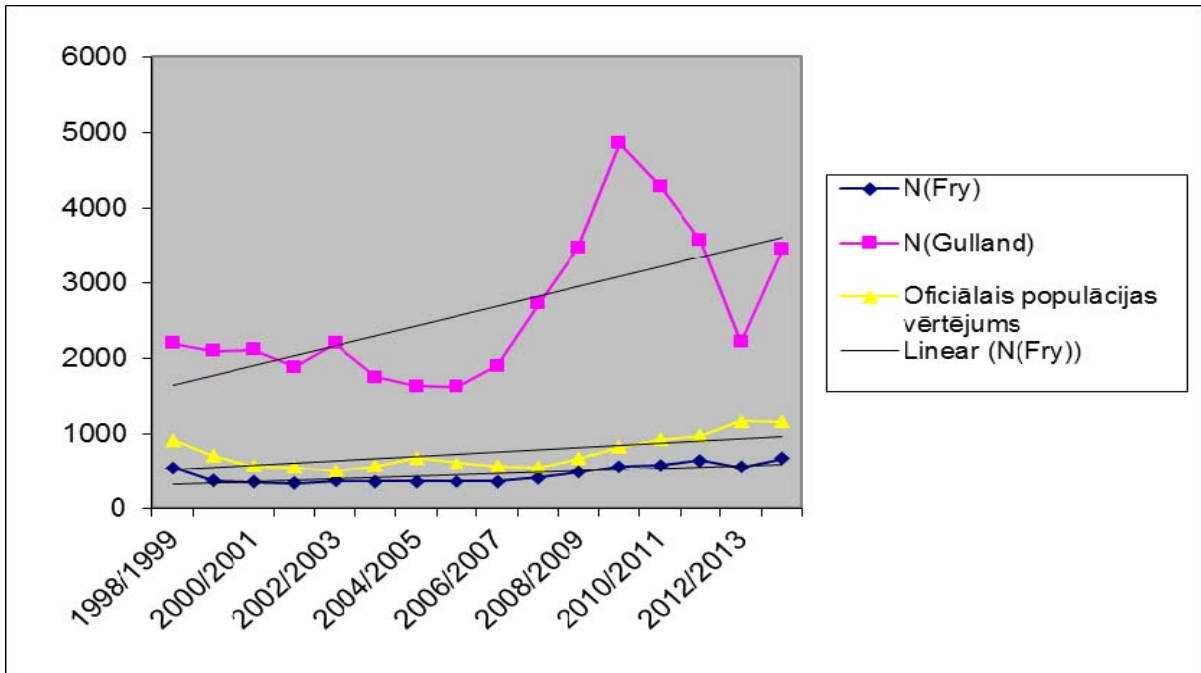
2.2. Turpināta DNS izdalīšana no lūšu un staltbriežu materiāla. Veikta DNS amplificēšana ar izvēlētiem marķieriem, ģenētiskās analīzes un sekvenšu noteikšana. Radniecības struktūras analīze starp nomedītajiem lūšiem un staltbriežiem devusi atšķirīgus rezultātus un darba pieredzi nekā vilku gadījumā. Tas tādēļ, ka šo sugu populāciju vairošanos nosaka atšķirīgas sociālās sistēmas. Viena lūšu mātīte var pāroties gan ar vienu, gan vairākiem tēviņiem, bet tēviņi parasti pārojas ar vairākām mātītēm. Līdz ar to šai sugai salīdzinājumā ar vilkiem sagaidāms mazāks īpatsvars to pēcnācēju, kas cēlušies no vieniem vecākiem. Tādējādi, ja vilkiem tiešo radnieku skaits samazinās, pastiprinoties medībām, kuru rezultātā tiek izjaukti stabilie pāri un baru struktūra, tad lūšiem šādu parādību ietekmē gan sugai raksturīgais dzīvesveids, gan arī daudzi citi apstākļi, kas ietekmē indivīdu teritoriju veidošanos, pārvietošanās un izplatīšanās gaitu un sezonālītāti. Kamēr vilkiem identificēti vismaz 86 radniecīgi grupējumi, kas Latvijā veidojušies piecu gadu laikā, lūšiem šajā laikā tieša radniecība, analizējot DNS no 263 indivīdiem, pierādīta tikai 30 grupējumos.

Vēl mazāk informācijas par populācijas radniecības struktūru iegūts no staltbriežu DNS analīzēm. Šo dzīvnieku sociālās sistēmas pamatā ir rieta harēms. Ārpus rieta sezonas staltbrieži dzīvo lielākos vai mazākos baros atkarībā no populācijas blīvuma, kopējās dzimuma un vecuma struktūras, kā arī apdzīvotās ainavas īpatnībām. Vienai staltbriežu mātītei gadā dzimst tikai 1-2 teļi. Nomedīta tiek daudz mazāka daļa no populācijas nekā tas ir vilkiem un lūšiem, toties daudz lielāka nozīme ir citiem mirstības faktoriem. Līdz ar to vienu un to pašu vecāku pēcnācējiem ir neliela iespēja rasties, izdzīvot, bet, ja tas ir noticis – nonākt izpētei ievāktajā paraugkopā. Tādēļ staltbriežu ģenētiskajā monitoringā indivīdu savstarpējo radniecības saišu vietā paredzēts teritoriālo grupējumu pārstāvošo genotipu un ģenētiskās daudzveidības parametru salīdzinājums. Grupējumi izdalīti atkarībā no populācijas izveidošanās vēstures:

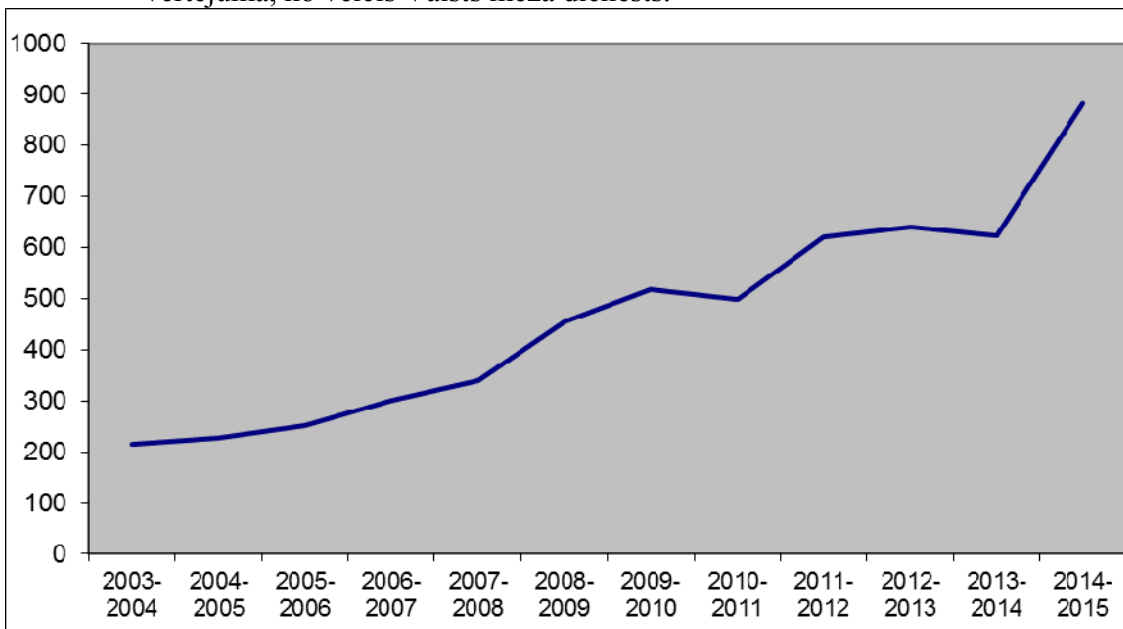
- 1) Sākotnēji Ziemeļkurzemē reintroducētie kopš 19.gs. beigām.
- 2) Līdz 20.gs. otrajai pusei reintroducētie Dienvidkurzemē, Zemgalē un Sēlijā.
- 3) 20.gs. beigās un šajā gadsimtā jaunizveidojušies grupējumi, kas radušies, paplašinoties areālam.

2.3. Turpināta populāciju vitalitātes izpēte pēc demogrāfiskajiem (vecums un auglība) kritērijiem, vienlaicīgi kombinējot datus ar radniecības struktūras rezultātiem. Veicot metožu kalibrācija ar igauņu kolēģiem, noskaidrojies, ka šajā izpētes etapā nav lietderīgi Latvijā un Igaunijā ievāktu materiālu apvienot vienā paraugkopā. Lai arī vecuma un auglības noteikšanas metodes, kā arī DNS analīzes Tartu Universitātes un LVMI „Silava” laboratorijās veiktas vienādi, valstīs ir atšķirīgas medību sistēmas, kas ietekmējušas paraugu ieguves gaitu. Piemēram, Igaunijā vilku nomedīšanu pārtrauc vai pastiprina atkarībā no vietējiem apstākļiem un situācijas, bet Latvijā pastāv vienots limits visā valstī, un mednieki paši var izvēlēties, cik vilkus nomedīt katrā konkrētā iecirknī, kamēr vien nav izmantots viss kopējais limits. Tādējādi Latvijai raksturīga pilnīgāka vilku lokāla izmedīšana uz laiku atkarībā no medību sekmēm un populācijas kopējās atbildes reakcijas. Pētījuma kontekstā šī atšķirība rada arī atšķirīgus jautājumus un uzdevumus datu analīzei. Šo atšķirību apzināšana toties nākotnē palīdzēs ģenētiskā monitoringa ietvaros gūt apstiprinājumus, kura no populācijas regulēšanas metodēm ir piemērotāka un izdevīgāka.

Iegūtie dati paplašinājuši arī iespēju novērtēt populāciju lielumus un skaita dinamiku. Pēc atšķirīgiem modeļiem iegūta vilku (1.att.) un lūšu (2.att.) populāciju dinamika, balstoties un secīgos gados nomedīto dzīvnieku skaita un sadalījuma pa vecuma grupām (kohortu analīze).



1. att. Vilku populācijas skaita dinamika Latvijā pēc trīs scenārijiem, atkarībā no izmantotā analīzes modeļa un apstrādātajiem datiem. Ticamākais scenārijs rāda stabilu nebūtiski augošu tendenci, kas absolūtos skaitļos ir zem oficiālā vērtējuma, ko veicis Valsts meža dienests.



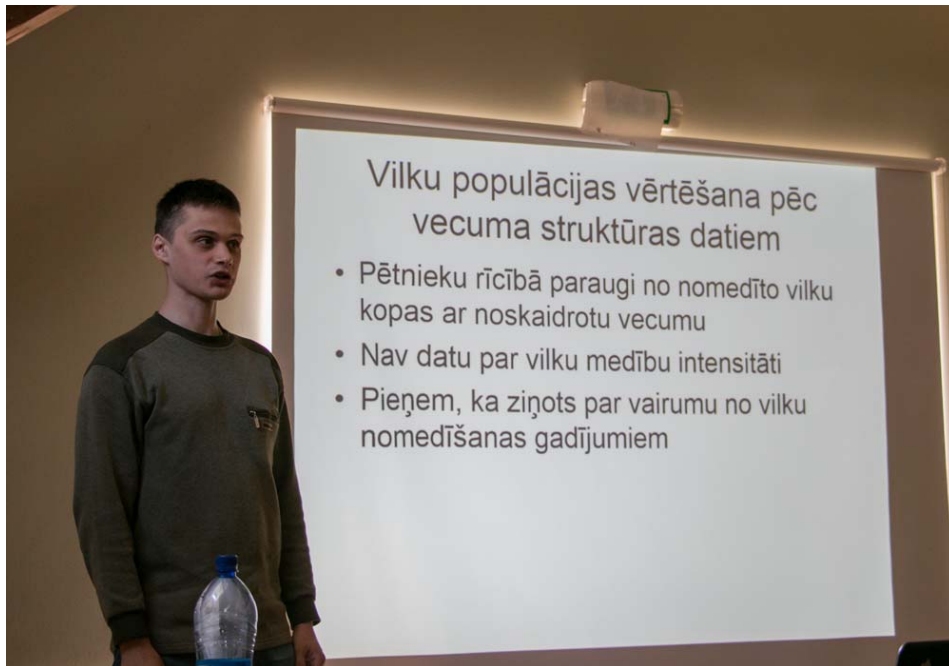
2. att. Lūšu populācijas skaita dinamika Latvijā pēc nomedīto dzīvnieku vecuma kohortu analīzes. Populācija augusi gandrīz četrkārtīgi salīdzinājumā ar gadu, kad Latvija kļuva par ES dalībvalsti un lūšu medībām tika noteikts būtisks sākotnējais skaita ierobežojums – 50 indivīdu.

Atlikušais turpmākā darba uzdevums ir analizēt un izvērtēt, kā šādu populāciju dinamikas gaitu apstiprina vai apgāž veiktie molekulārās ģenētikas pētījumi.

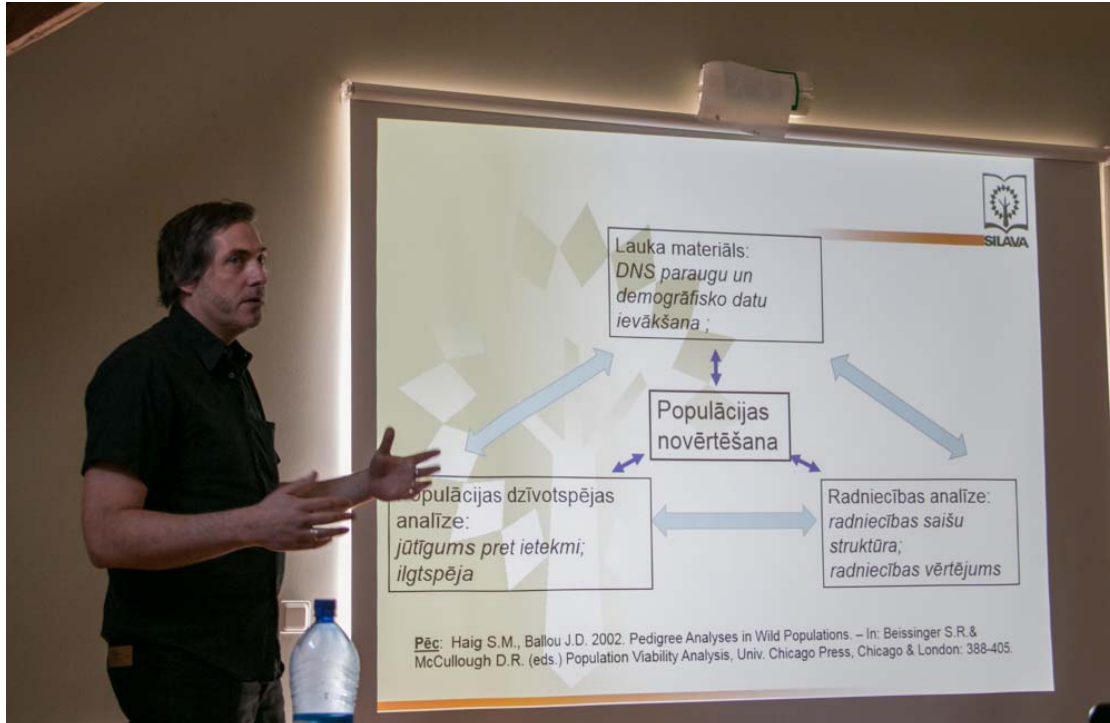
2.4. Pētījumu rezultātu novērtēšanai un komentēšanai 2015. gada 15. maijā tika organizēts seminārs ieinteresētajām valsts pārvaldes, saimnieciskajām un nevalstisko organizāciju institūcijām, kurā projekta izpildītāji pastāstīja par galveno aktivitāšu norisi un diskutēja par svarīgākajiem jautājumiem. Seminārā piedalījās vairāk nekā 100 dalībnieku un bija pārstāvētas VARAM, Zemkopības ministrija, Valsts meža dienests, A/S Latvijas valsts meži, SIA Rīgas meži, SIA LLKC filiāle "Meža konsultāciju pakalpojumu centrs", LU, LLU u.c. institūcijas. Par savvaļas sugu ģenētiskā monitoringa sistēmas izveides jautājumiem uzstājās trīs ziņotāji (3.-5. att.). Prezentācijas tika publicētas mājas lapā www.silava.lv



3. att. Projekta zinātniskais vadītājs Dr.biol. Jānis Ozoliņš iepazīstina ar pētījumu virziena kopējiem uzdevumiem institūtā, kā arī projekta darba grupu un savvaļas sugu ģenētiskā monitoringa sistēmas aktualitāti savvaļas zīdītāju populāciju apsaimniekošanas un saglabāšanas plašākā kontekstā.



4. att. Dr.biol. Jurgis Šuba uzsāk diskusiju par vilku populācijas lieluma vērtēšanu saistībā ar informācijas pieejamību un ģenētiskā monitoringa lomu kopējā zināšanu spektrā.



5.att. Aktivitātes vadītājs Dr.biol. Dainis Edgars Ruņģis stāsta par savvaļas sugu populāciju novērtēšanas iespējām, ko sniedz bioloģisko, ekoloģisko un molekulāro izpētes metožu apvienošana vienotā sistēmā.

2.5. Turpināts darbs ar zinātnisko publikāciju manuskriptiem par vilku, lūšu un staltbriežu populāciju ģenētisko un demogrāfisko pētījumu rezultātiem. Rakstu metodiskās daļas pamatošanai pabeigta ievāktā materiāla validācija, kas apstiprina, ka iegūtās datu paraugkopas pietiekami reprezentē nomedīto dzīvnieku ģenerālkopas.

Projekta zinātniskais vadītājs

/J. Ozoliņš/