



IEGULDĪJUMS TAVĀ NĀKOTNĒ

„Ģenētisko faktoru nozīme adaptēties spējīgu un pēc koksnes īpašībām kvalitatīvu mežaudžu izveidē”

Aktivitātes : “Molekulāri ģenētisko metožu izmantošana dabisko mežaudžu ģenētiskās daudzveidības noteikšanā un meža koku saimnieciski noderīgo īpašību izvērtēšanā” mērķi, uzdevumi, gaidāmais gala rezultāts

Pētījuma aktivitātes mērķi

Aktivitātes “Molekulāri ģenētisko metožu izmantošana dabisko mežaudžu ģenētiskās daudzveidības noteikšanā un meža koku saimnieciski noderīgo īpašību izvērtēšanā” mērķi ir:

- 1) raksturot ģenētiskās daudzveidības struktūra dabiskās mežaudzēs;
- 2) noskaidrot koksnes blīvumu nosakošo gēnu struktūru un ekspresiju;
- 3) noskaidrot priedes genoma strukturālās izmaiņas, adaptējoties stresa faktoru ietekmē.

Pētījuma aktivitātes uzdevumu un veicamo darbu izklāsts

Lai sasniegtu pirmo aktivitātes mērķi: „raksturot ģenētiskās daudzveidības struktūra dabiskās mežaudzēs” paredzēts veikt šādus darba uzdevumus:

- a) veikt dabiski atjaunojušos apšu un egļu audžu paraugkoku DNS izdalīšanu un mikrosatelītu lokusu amplifikāciju;
- b) veikt iegūto mikrosatelītu lokusu datu analīzi, nosakot audžu ģenētisko daudzveidību, radniecības struktūru, apsei – arī klonu skaitu katrā audzē;
- c) izstrādāt rekomendācijas efektīvai ģenētiskās daudzveidības saglabāšanai ģenētiskajos rezervātos, kā arī nepieciešamajam klonu skaitam hibrīdās apses plantācijās un egles sēkļu plantācijās, ar selekcionētu materiālu atjaunotu mežaudžu noturības nodrošināšanai;

Lai sasniegtu otro aktivitātes mērķi: „noskaidrot koksnes blīvumu nosakošo gēnu struktūru un ekspresiju” paredzēts veikt šādus darba uzdevumus:

- a) veikt esošās informācijas analīzi par priedes koksnes blīvumu ietekmējošiem gēniem, mērķa gēnu atlasī, balstoties uz to ietekmes pakāpes izvērtēšanu, gēnu struktūru un sekvenču pieejamību

- publiskajās datu bāzēs;
- b) izveidot molekulārus marķierus mērķa gēnu sekvencēm, ievākt paraugus indivīdiem ar 2. aktivitātes ietvaros noteiktu atšķirīgu koksnes blīvumu, veikt RNS izdalīšanu, reverso transkripciju, RT-PCR ar izveidotiem specifiskiem marķieriem;
 - c) veikt iegūto datu analīzi un katra gēna ekspresijas pakāpes izvērtēšanu indivīdiem ar noteiktu koksnes blīvumu, izdarot secinājumus par katra gēna ietekmi vēlamā genotipa veidošanā;
 - d) genotipiem ar vēlamu koksnes blīvumu un noteiktu gēna ekspresijas pakāpi veikt gēna strukturālo analīzi, meklējot iespējas molekulāra marķiera izveidošanai tā identifikācijai, tādejādi padarot iespējamu tiešu vēlamās īpašības atlasīšanu un paaugstinot selekcijas darba efektivitāti.

Lai sasniegtu trešo aktivitātes mērķi: „noskaidrot priedes genoma strukturālās izmaiņas, adaptējoties stresa faktoru ietekmē” paredzēts veikt šādus darba uzdevumus:

- a) izdalīt mRNS no priedes dīgšiem, kas iepriekš pakļauti stresu iniciējošiem faktoriem;
- b) identificēt retrotranspozonu transkriptus, izmantojot reversās transkripcijas reakciju un turpmāku amplifikāciju ar dažādu retrotranspozonu klašu pārstāvju vidū konservatīvām sekvencēm komplementāriem praimeriem.
- c) kontrolei izveidot marķierus gēnu sekvencēm, kurām transkriptu kopiju skaits palielinās stresa apstākļu ietekmē;
- d) sekvenēt izolētās retrotranspozonu sekvences un izpētīt to izplatību parastās priedes genomā, izveidojot specifiskus marķierus tiešai vēlamās īpašības atlasīšanai un selekcijas darba efektivitātes paaugstināšanai, paaugstinot selekcionētā materiāla adaptācijas spējas.

16. Pētījuma aktivitātes gaidāmais gala rezultāts

Sagaidāmie aktivitātes izpildes rezultāti:

- izstrādātas rekomendācijas par nepieciešamo klonu skaitu un pieļaujamo radniecību pietiekamas ģenētiskās daudzveidības nodrošināšanai hibrīdapšu stādījumos un egles sēkļu plantācijās, kā arī ģenētiskās daudzveidības aizsardzībai rezervātos;
- molekulārie marķieri un metodika lielāku koksnes blīvumu nosakošo genotipu identifikācijai un selekcijas procesa efektivitātes paaugstināšanai;
- protokols aktīvo retrotranspozonu identificēšanai priedes genomā stresa noturīgu genotipu identifikācijai;
- iegūta informācija par priedes genoma stabilitāti stresa apstākļos, koku genomu ietekmējošiem vides apstākļiem un adaptācijas mehānismiem.
- par projekta rezultātiem sagatavotas zinātniskās publikācijas un referāti zinātniskajās konferencēs, kā arī tie izmantoti maģistra un bakalaura darbu izstrādē.