

Pētījumā “Sakņu piepes *Heterobasidion* spp. izplatība un citu sēņu sabiedrības parastās egles audzēs uz bijušajām lauksaimniecības zemēm” paveiktais 2020. gada otrajā ceturksnī

2020. gada otrajā ceturksnī strādāts pie Illumina sekvencēšanas rezultātu analīzes no koksnes paraugiem, kas ievākti 20-40 gadus vecu egļu audzēs bijušajās lauksaimniecības un meža zemēs. Datu analīze tiek veikta sadarbībā ar igauņu kolēģiem Tartu universitātē, kā arī Igaunijas Dabas zinātņu universitātē. Mobilitātes brauciena ietvaros gūtas iemaņas darbam ar Igaunijā izstrādātu nākamās paaudzes sekvenču apstrādes platformu PipeCraft. Projektā iegūtie dati tiks analizēti kopā ar datiem no Igaunijas, kas veicinās pētījuma atpazīstamību, kā arī palielinās analizētā materiāla apjomu.



Noslēdzies darbs pie kopējā DNS izdalīšanas no 234 koksnes paraugiem, kas ievākti sakņu trupes inficētās audzēs bijušajās lauksaimniecības zemēs. Šos paraugus paredzēts sekvencēt ar PacBio tehnoloģiju Zviedrijas lauksaimniecības Universitātē šī gada septembrī.



Noslēdzies darbs pie sakņu piepes populāciju analīzes, izmantojot somatiskās nesaderības testu. Analizētajās audzēs konstatēti 24–87 sakņu piepes genotipi. Infekcijas sekundārā pārnese sakņu kontaktu vietās, kas raksturo sakņu trupes dinamiku un izplatību audzē, konstatēta 18–50% no audzēs konstatētajiem genotipiem. Novērotas atšķirības starp audzēm, kā arī starp dažādiem infekcijas centriem audzes ietvaros. Pārskata periodā strādāts pie šī pētījuma datu apkopošanas un publikācijas sagatavošanas.