

**Vides ietekme uz bioloģiskajā lauksaimniecībā nozīmīgu
vasaras miežu pazīmju ģenētisko mainību asociāciju
kartēšanas populācijā**
**Environmental Effect on Genetic Variability of Spring Barley
Traits Important for Organic Farming in Association
Mapping Population**

***Ieva Mežaka¹, Linda Legzdiņa¹, Aina Kokare¹,
Indra Ločmele¹, Nils Rostoks²***

¹Valsts Priekuļu laukaugu selekcijas institūts,

²Latvijas Universitātes Bioloģijas fakultāte

Abstract. In organic farming options for fertilisation, pest, disease and weed control are limited, therefore special attention needs to be paid to select varieties with good resistance to biotic and abiotic stresses, competitive ability with weeds and nutrient use efficiency. The aim of the study was to characterise traits relevant to organic farming and map loci contributing to these traits. We employed association mapping using 153 spring barley genotypes that were grown in two organically and two conventionally managed fields during three consecutive years (2010–2012). In total 27 traits were phenotyped, out of these, nine yielded significant marker-trait results. Seven of these traits were analysed in this study in terms of average values across environments and ratio of genotype to genotype × environment effects. In both conventional and organic sites trait heading date had least variance and was more influenced by genetic factors. 125 marker-trait associations were mapped.
Key words: barley, organic farming, association mapping.

Ievads

Mieži ir Latvijā nozīmīgs lopbarības graudaugs. Miežus audzējot bioloģiskajā saimniekošanas sistēmā, tiek iegūtas būtiski zemākas graudu ražas nekā konvencionālajā sistēmā, kas saistīts gan ar mazāku augiem viegli uzņemamu barības vielu pieejamību, gan pesticīdu neizmantošanu nezāļu un slimību ierobežošanā. Lai samazinātu iepriekšminēto faktoru ietekmi uz ražu, nepieciešams veidot īpaši bioloģiskajai saimniekošanas sistēmai piemērotas šķirnes ar labu izturību pret slimībām, ar augstu konkurētspēju ar nezālēm un barības vielu uzņemšanas efektivitāti (Kokare et al., 2014). Sekmīgam laukaugu selekcijas darbam un genotipu atlasei nepieciešams izvērtēt vides, genotipa, kā arī genotipa un vides mijiedarbības ietekmi uz dažādu pazīmju izpausmi (Mladenov et al., 2001). Pētījuma mērķis bija noskaidrot vides un ģenētisko faktoru ietekmi uz bioloģiskajā lauksaimniecībā nozīmīgu vasaras miežu pazīmju variāciju un kartēt šīs pazīmes ar asociāciju kartēšanas metodi.

Materiali un metodes

Vasaras miežu asociāciju kartēšanas populācijā (Mezaka et al., 2013), kas sastāv no 153 dažādas izcelsmes genotipiem, analizētas deviņas ar konkurēspēju pret nezālēm un barības vielu uzņemšanas efektivitāti saistītas augu pazīmes, kurām ar asociāciju kartēšanas metodi atrastas statistiski būtiskas marķiera – pazīmes asociācijas: zeltmeņa augstums (Zadoka decimalajā skalā augu 31.–32. attīstības etapā (AE)), labības augsnes segums (vizuāli noteikta laukauga nosegtā platība % AE 31–32), auga augšanas tips (ballēs 1–9, AE 25–29), perioda garums dienās no sējas līdz vārpošanai (AE 60). Pēc ražas novākšanas 0.05 m^2 lauciņā noteikts augu skaits, produktīvo stiebru skaits, aprēķināts produktīvās cerošanas koeficients. Proteīna saturs noteikts, izmantojot analizatoru Infratec 1241 (Foss, Högenäs, Sweden) un aprēķināta proteīna raža.

Izmēģinājums veikts divos bioloģiskās (apzīmējums: B1, B2) un divos konvencionālas lauksaimniecības (apzīmējums: K1, K2) sistēmas laukos trīs gadus (2010.–2012.). Lauki B1, K1 un K2 atradās Valsts Priekuļu laukaugu selekcijas institūtā (VPLSI), bet lauks B2 izvietots zemnieku saimniecībā „Pinderes”. B1 augsekā izmantots zaļmēslojums, bet B2 laukā – kūtsmēsli; K1 un K2 laukos pamatmēslojumā tīrvielā iestrādādi: N 80 kg ha^{-1} , P $10\text{--}48\text{ kg ha}^{-1}$ un K $45\text{--}84\text{ kg ha}^{-1}$, nezāļu un kaitēkļu ierobežošanai lietoti ķīmiskie augu aizsardzības līdzekļi. Gaisa temperatūra veģetācijas periodā vidēji 2010. un 2011. gadā bija par $2.5\text{ }^{\circ}\text{C}$ augstāka par ilggadēji novēroto, bet 2012. gadā normas robežās. Nokrišņu daudzums 2010. gada jūlijā bija virs ilggadīgi novērotā, kas izraisīja sējumu veldrēšanos konvencionālajos laukos. Nokrišņu daudzums 2011. gadā bija normas robežās, taču 2012. gada jūlijā un augustā virs normas. Pazīmju mainības salīdzināšanai izmantots variācijas koeficients (V%) un dispersijas komponentu Vg un Vgv attiecība. Ja tā lielāka par vienu, ģenētiskajiem faktoriem ir relatīvi lielāka ietekme uz pazīmes mainību, rezultātā arī uz iedzimstamību (Mladenov et al., 2001). Dispersijas komponentes – genotipiskā dispersija (Vg) un genotipa un vides mijiedarbības dispersija (Vgv) aprēķinātas katrai audzēšanas vietai atsevišķi, izmantojot jaukto lineāro modeli (REML), kur gads pieņemts kā vides faktors.

Asociāciju kartēšana tika veikta, izmantojot datorprogrammu Tassel ar noklusējuma parametriem (Bradbury et al., 2007) un pielietojot jaukto lineāro modeli, kurā tika iekļauta gan Q-matrica (informācija par strukturētu saistību starp genotipiem), gan K-matrica (līdzības matrica). Q-matrica aprēķināta ar datorprogrammu Structure (Pritchard et al., 2000) un plašāk tās izveidošanu aprakstījusi I. Mezaka ar kolēģiem (Mezaka et al., 2013), bet K-matrica aprēķināta ar datorprogrammu Tassel (Bradbury et al., 2007). Kartēšanā izmantoti 153 miežu genotipi un 1008 viena nukleotīda polimorfisma (SNP) marķieri (Mezaka et al., 2013). Par statistiski būtiskām tika atzītas pazīmes, kuru $-\log_{10}(P)$ vērtība bija vienāda vai lielāka par 2.80.

Rezultāti un diskusija

Rezultātu analīzē konstatēts, ka bioloģiskajā audzēšanas sistēmā pazīmēm vairumā gadījumu bija lielāka mainība. Visaugstākā mainība bija labības augsnes segumam, cerošanas koeficientam un graudu un proteīna ražai, ko varētu izskaidrot ar mazāku ģenētisko faktoru ietekmi uz šīm pazīmēm ($Vg/Vgv < 1$) (Tabula).

Tabula

Bioloģiskajā lauksaimniecībā nozīmīgu miežu pazīmju raksturojums dažādās audzēšanas vietās, 2010. – 2012. g.

Pazīmes	Rādītāji*	Audzēšanas vietas**			
		B1	B2	K1	K2
Zelmeņa augstums, cm	Vidēji	19.2	19.0	24.0	24.5
	V%	34.2	27.7	27.7	28.0
	Vg/Vgv	1.4	1.0	2.0	1.5
Augu augšanas tips, balles 1–9	Vidēji	4.1	4.3	3.6	4.4
	V%	38.1	32.8	38.6	32.6
	Vg/Vgv	2.0	1.0	2.4	1.1
Labības augsnes segums, %	Vidēji	24.6	22.5	41.8	46.0
	V%	41.3	32.6	37.8	31.2
	Vg/Vgv	0.2	0.2	0.3	0.2
Perioda garums no sējas līdz vārpošanai, dienas	Vidēji	62.1	64.4	56.7	54.2
	V%	5.5	4.8	5.3	4.5
	Vg/Vgv	3.0	1.7	3.2	2.1
Produktīvās cerošanas koeficients	Vidēji	2.7	2.5	2.8	2.8
	V%	42.4	42.3	32.7	37.6
	Vg/Vgv	0.0	0.1	0.2	0.2
Graudu raža, t ha ⁻¹	Vidēji	2.8	1.8	3.4	4.7
	V%	40.1	56.5	32.8	23.5
	Vg/Vgv	0.6	0.2	0.5	0.8
Proteīna raža, t ha ⁻¹	Vidēji	0.4	0.2	0.4	0.6
	V%	37.3	56.6	31.2	24.8
	Vg/Vgv	0.4	1.5	0.4	0.3

*V% – variācijas koeficients, Vg – genotipa dispersija, Vgv – genotipa un vides mijiedarbības dispersija;

**B1 un B2 – bioloģiskās audzēšanas sistēmas lauki, K1 un K2 – konvencionālās audzēšanas sistēmas lauki.

Bioloģiskajā audzēšanas sistēmā mazāks genotipa ietekmes īpatsvars uz fenotipisko mainību var būt iemesls zemākai pazīmju iedzimstamībai (Kokare et al., 2014). Abās audzēšanas sistēmās perioda garums no sējas līdz vārpošanai bija vismazāk variējošā pazīme ar augstāko ģenētisko faktoru ietekmi.

Izmantojot asociāciju kartēšanas metodes, tika atrastas 125 būtiskas marķiera – pazīmes asociācijas. Konvencionālajā un bioloģiskajā audzēšanas sistēmā atrasts līdzīgs skaits asociāciju (attiecīgi 60 un 57); tikai deviņas marķiera – pazīmes asociācijas bija būtiskas abās audzēšanas sistēmās, un septiņas no tām atradās hromosomu reģionos, kur iepriekš kartēti galvenie gēni, piemēram, kailgraudainību nosakošais *NUD* un ziedēšanas laiku nosakošais *HvFT4* (Taketa et al., 2004; Wang et al., 2010).

Secinājumi

Pazīmēm konstatēta liela mainība, tāpēc lielākā daļa būtisko marķiera – pazīmes asociāciju tika identificētas tikai vienā vidē un gadā. Septiņas asociācijas bija būtiskas vairākās vidēs, un tās atradās hromosomu reģionos, kur iepriekšējos pētījumos identificēti kvantitatīvo pazīmju lokusi.

Literatūra

1. Bradbury, P.J., Zhang, Z., Kroon, D.E., Casstevens, T.M., Ramodoss, Y., Buckler, E. (2007). TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23, pp. 2633–2635.
2. Kokare, A., Legzdina, L., Beinarovica, I., Malliepaard, R., Niks, R.E. (2014). Performance of spring barley (*Hordeum vulgare*) varieties under organic and conventional conditions. *Euphytica*, 197, pp. 279–293.
3. Mezaka, I., Legzdina, L., Waugh, R., Close, T., Roskoks, N. (2013). Genetic Diversity in Latvian Spring Barley Association Mapping Population. In: *Advance in Barley Sciences*. Zhang, G., Li, C., Liu, X. (eds) Springer, Netherlands, pp. 25–35.
4. Mladenov, N., Przulj, N., Hristov, N., Djuric, V., Milovanovic, M. (2001). Cultivar-by-Environment Interactions for Wheat Quality Traits in Semiarid Conditions. *Cereal Chem*, 78, pp. 363–367.
5. Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, pp. 945–959.
6. Taketa, S., Kikuchi, S., Awayama, T., Yamamoto, S., Ichii, M., Kawasaki, S. (2004). Monophyletic origin of naked barley inferred from molecular analyses of a marker closely linked to the naked caryopsis gene (*nud*). *Theor Appl Genet*, 108, pp. 1236–1242.
7. Wang, G., Schmalenbach, I., von Korff, M., Léon, J., Kilian, B., Rode, J., Pillen, K. (2010). Association of barley photoperiod and vernalization genes with QTLs for flowering time and agronomic traits in a BC2DH population and a set of wild barley introgression lines. *Theor Appl Genet*, 120, pp. 1559–1574.