

Ziņojums par meža susura populācijas ģenētisko stāvokli.

Sagatavoja: Linda Bankovska, Inese Jahundoviča

Meža susura populācija Silenes dabas parkā ir zināma kopš 20. gs. 60. g. beigām [1]. Tomēr datu par šīs populācijas ģenētisko stāvokli un tendencēm trūkst. Sugas aizsardzības plānā tika noteikta nepieciešamība veikt sugas populācijas ģenētisko monitoringu, izmantojot molekulārās bioloģijas metodes, lai iegūtu datus, kuri turpmāk tiks izmantoti sugas apzināšanā un aizsardzības pasākumu plānošanā un īstenošanā [2].

Realizētā projekta ietvaros tika izstrādāts un aprobēts metodes apraksts meža susura ģenētiskās daudzveidības noteikšanai, izmantojot ievāktos paraugus un iegādātus reaģentu komplektus. Jaunākās populāciju ģenētikas analīzes, kas tika veiktas īstenotā projekta ietvaros, norāda uz to, ka Latvijā meža susura populācija ir teritoriāli izolēta un ģenētiski viendabīga, jeb populācijā pastāv zema ģenētiskā daudzveidība. Īpatņi populācijā neveido nodalītas grupas. Iegūtie dati īstenotā projekta ietvaros tika salīdzināti ar iepriekš iegūtiem datiem sugas aizsardzības plāna izstrādes laikā.

Šādi rezultāti liek secināt, ka Latvijā meža susura populācija, visticamāk, ir pakļauta ģenētiskās daudzveidības zudumam. Šādu secinājumu ļauj izdarīt vairāki citi pētījumi, kuri tika balstīti uz dažāda veida organismiem. Piemēram, Pluess and Stöcklin [3], Evans and Sheldons [4] un King and Lively [5], savos pētījumos apraksta saistību starp ģenētisko daudzveidību un populācijas plasticitāti mainīgajos vides apstākļos, izturību pret slimībām, spēju pielāgoties un visbeidzot saistību ar populācijas izmiršanas risku. Pēc Frankham (2005) tieši izolētas, teritoriāli nelielas un ar tendenci samazināties populācijas ir visvairāk pakļautas ģenētiskajās daudzveidības zudumam [6].

Saistībā ar apkārtējās vides faktoriem, populācijas lielumu, struktūru un jau zināmo zemo ģenētisko daudzveidību apstiprinās arī inbrīdīga esamība susuru populācijā. Ņemot vērā iegūto informāciju, inbrīdīgs meža susura populācijā nevar būt attiecināms kā uzvedības modelis. Drīzāk šis process populācijā ir kā izdzīvošanas stratēģija ekstremālā situācijā. Aktīva inbrīdīga laikā, kad krustojas „tuvi” īpatņi, pastāv augsta varbūtība, ka nākamā paaudze var būt mazāk izturīga pret nelabvēlīgiem vides faktoriem [7]. Šis faktors var izraisīt populācijas samazinājumu tuvākajos gados.

Pašlaik par pastāvošo izmaiņu tendenci meža susura populācijā grūti spriest. Lai spētu runāt par izmaiņu tendenci visā populācijā un katra dzimuma pārstāvjiem, ir

nepieciešams veikt papildus vairāk pētījumu ilglaicīgākā periodā. Tikai tad, kad tiek izmantotas datu kopas, kas ievāktas ilgākā laika posmā, ir iespējams noteikt mainīgās vides iedarbību uz īpatņiem, nodrošināt kļūdaino datu izolēšanu no paraugkopas, kā arī noteikt populācijas ģenētiskos rādītājus. Katra pētījuma izvirzītā hipotēze šajā gadījumā var būt apstiprināta vai noraidīta ar lielāku nozīmīguma līmeni. Kā arī secīgas, ilglaicīgi ievāktās datu kopas ļauj uzskatāmāk pamanīt bijušās vai esošās izmaiņas [8]. Sekojoši arī populācijas ģenētiskais monitorings, kas dod iespēju noteikt izmaiņu tendenci, veiksmīgi var būt īstenots tikai ilgākā laika periodā [9]. Pamatojoties uz projekta ietvaros iegūtiem datiem provizoriski tendenci varēs novērot pēc piecu gadu ilga pētījuma perioda.

Līdzīgi kā ar izmaiņu tendenci populācijā arī populācijas attīstības stratēģiju un dzīvotspēju varēs analizēt tikai ar lielāka apjoma – teritoriāli un laika skalā - datu klāstu. Svarīgi ir aptvert pēc iespējas vairāk susuru paaudzes.

Kvalitatīvākai populācijas ģenētiskā stāvokļa novērtēšanai un populācijā notiekošo procesu izprašanai ir jāzina par citu šīs sugas populāciju stāvokli. Īpaši nozīmīgi ir iegūt informāciju par Lietuvas un Baltkrievijas meža susuru populācijām. Šādas informācijas iegūšana ir apgrūtināta, jo zinātniskajā literatūrā šobrīd nav šādas informācijas. Tāpēc tiek mēģināts veidot starptautisku sadarbības tīklu susuru populāciju pētījumos.

Pamatojoties uz esošajiem DNS analīžu rezultātiem, ir rekomendējams izveidot nebrīves populāciju un veikt priekšizpēti par iespējām palielināt vides ietilpību.

Izmantotie informācijas avoti

- [1] Kasparsons Ģ. 1970. Meža susura (*Dryomys nitedula* Pall.) atradums Latvijā. LVU Zooloģijas muzeja raksti, Nr. 5: 61–63.
- [2] Pilāte D., Pilāts V., Omicāns A., Nitcis M., Jahundoviča I., Krūmiņa L. 2015. Meža susura (*Dryomys nitedula* Pallas 1779) sugas aizsardzības plāns. DU DIVIC, Ilgas.
- [3] Pluess A.R and Stöcklin J. 2004. Genetic diversity and fitness in *Scabiosa columbaria* in the Swiss Jura in relation to population size. *Conservation Genetics* 5: 145–156.
- [4] Evans S.R. and Sheldon B.C. 2008. Interspecific patterns of genetic diversity in birds: correlations with extinction risk. *Conservation Biology*. 22, 4: 1016–1025
- [5] King K.C. and Lively C.M. 2012. Does genetic diversity limit disease spread in natural host populations? *Heredity* 109: 199–203.

- [6] Frankham R. 2005. Genetic and Extinction. *Biological Conservation* 126: 131–140.
- [7] Keller L.F. and Waller D.M. 2002. Inbreeding effects in wild populations. *Trend in Ecology & Evolution* 17, 5: 230–241.
- [8] Gerrodette T. 1987. A power analysis for detecting trends. *Ecology*. 68, 5: 1364–72.
- [9] Schwartz M.K., Luikart G., Waples R.S. 2007. Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in ecology & evolution*. 22, 1: 25–33.