

GENETINĖ MIDIJŲ (*MYTILLUS SPP.*) POPULIACIJŲ STRUKTŪRA IR POPULIACIJŲ JUNGIMOSI ANALIZĖ MIKROSATELITINIŲ DNR ŽYMENŲ PAGALBA

Aurelija Samuilovienė^{1,2}, Andrius Šiaulys², Ugnė Baronaitė³,
Anastasija Zaiko²

¹Klaipėdos universitetas, Jūros technologijų ir gamtos mokslų fakultetas, Gamtos mokslų katedra, ²Klaipėdos universitetas, Jūros technologijų ir gamtos mokslų fakultetas, Jūros mokslų ir technologijų centras, ³Klaipėdos universitetas, Jūros tyrimų atviros prieigos centras
aurelija.samuiloviene@jmtc.ku.lt

Įvadas. Populiacijų jungimasis yra labai svarbus populiacijų genetinės struktūros susiformavimui, rūšių genetinės įvairovės išsaugojimui ir rūšių išlikimui nepaisant lokalių populiacijų išnykimo. Manoma, kad jūrinės rūšys pasižymi mažesne geografinė diferenciacija negu sausumos rūšys. Tai lemia geografinių barjerų trūkumas, dideli jūrinių rūšių populiacijų dydžiai, didelis jų produktyvumas, platus paplitimas bei judrios pelaginės stadijos (sporų arba lervų) trukmė (Luttikhuizen et al., 2003; Kenchington et al., 2006; Bell 2008).

Nors yra tyrimų, patvirtinančių, kad kai kurie jūriniai dvigeldžiai moliuskai (*Tridacna gigas* bei *Panopea abrupta*) nepasižymi geografinė diferenciacija (Benzie et al., 1992; Vadopalas et al., 2004), tačiau yra įrodymų, kad daugumai jų (austrėms, šukutėms bei midijoms) būdinga genetinė diferenciacija didesnėje arba mažesnėje geografinėje skalėje (Ridgway et al., 2001; Launey et al., 2002; Zhan et al., 2009; Xiao et al., 2010).

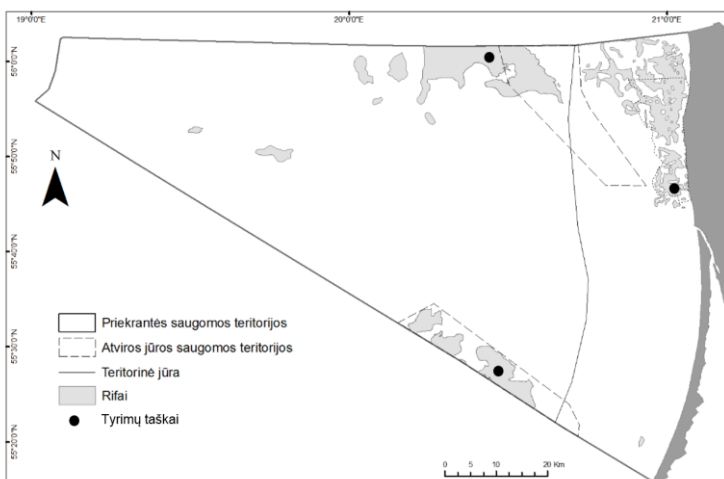
Kuomet populiacijų jungimosi tyrimai rėmėsi tik gyvenimo ciklo ypatumais ir priekrantės srovių striprumu, buvo manoma, kad lervos ir sporos gali migruoti daugybę kilometrų ir kad naujai susdariusioje kartoje visi individai yra imigrantai. Naujų tyrimo metodų atsiradimas ir genetinių žymenų taikymo genų srauto tyrimams galimybės leido rasti įrodymų, kad ne visos priekrantėje gyvenančių rūšių populiacijos yra genetiškai vienodos. Priešingai, šiuo metu vis daugėja tyrimų, kurie parodo, kad nepaisant gyvenimo ciklo ypatumų, kurie lemia didelį individų išplitimą, dauguma populiacijų yra “uždaros”, t.y. jos pasižymi didesnėmis ar mažesnėmis vidinėmis atsistatymo galimybėmis (Jones et al., 1999; Swearer et al., 1999; Cowen et al., 2006; Wood et al., 2007). Taigi, labai svarbu yra išsiaiškinti koku mastu populiacijos gali save palaikyti ir ar šios galimybės yra stabilios laike. Taip pat, svarbu yra nusatyti genų srauto dydį ir kryptį, bei identifikuoti šaltinio ir gavėjo populiacijas.

Atsakymai į šiuos klausimus yra labai svarbūs ne tik nykstančių rūšių išteklių valdymui bei bioįvairovės išsaugojimui, bet ir nevietinių rūšių poveikio masto nustatymui bei saugomų jūrinių teritorijų tinklo darnumo užtikrinimui.

Šio tyrimo tikslas – nustatyti midijų (*Mytilus spp.*) genetinę įvairovę bei populiacinę genetinę struktūrą Lietuvos priekrantėje bei teritorinėje jūroje, išanalizuoti populiacijų jungimosi ypatumus ir su tuo susijusias midijų populiacijų atsistatymo galimybes.

Metodai. Tyrimo metu buvo išanalizuotos 3 midijų populiacijos, išsidėsčiusios Baltijos jūros Lietuvos priekrantėje bei teritorinėje jūroje (1 pav.).

Mėginiai buvo rinkti 2013-2014 metais ir užfiksuoti spiritu. DNR buvo išskiriama Chelex pagalba. Mikrosatelitiniai lokusai buvo amplifikuojami PGR pagalba, jų ilgis nustatomas automatiškai DNR sekvenatoriumi. Mikrosatelitinės DNR žymenų pagalba buvo nustatyta genetinė midijų įvairovė, genetiniai skirtumai tarp populiacijų, populiacijų giminingumas bei įvertintos genų srauto tarp skirtingų populiacijų kryptis ir dydis.



1 pav. Midijų mėginių ėmimo vietos priekrantės ir atviros jūros rifuose

Rezultatai ir jų aptarimas. Remiantis gautais rezultatais, midijų populiacijos lyginamos genetinės įvairovės indikatorių atžvilgiu, aptariamas genetinės midijų populiacijų diferenciacijos bei struktūrizacijos mastas, diskutuojamas mikrosatelitinių DNR žymenų tinkamumas populiacijų jungiamumo analizei. Taip pat aptariamas populiacijų jungimosi vaidmuo genetinės įvairovės išsaugojimui, populiacijų struktūros palaikymui bei nykstančių midijų išteklių atstatymui. Tyrimo rezultatai bus lyginami su Baltijos jūros konektyvumo modelio duomenimis, atliekama modelio validacija

Šis tyrimas yra projekto BONUS BIO-C3 rezultatas ir buvo paremtas BONUS programos (Art 185), finansuojamos ES kartu su Lietuvos Mokslų Taryba.

Literatūra.

- Bell J. 2008. Similarity in connectivity patterns for two gastropod species lacking. *Marine Ecology–Progress Series* 357, 185–194p.
- Benzie J., Williams S. 1992. No genetic differentiation of giant clam (*Tridacna gigas*) opulations in the Great Barrier Reef, Australia. *Marine Biology* 113, 373–377p.
- Cowen R., Pari, C., Srinivassan A. 2006. Scaling of connectivity in marine populations. *Science* 311, 522–527p.
- Jones G., Milicich M., Emslie M., Lunow C. 1999. Self-recruitment in a coral reef fish population. *Nature* 402, 802–804p.
- Kenchington E., Patwary M., Zouros E., Bird C. 2006. Genetic differentiation in relation to marine landscape in a broadcast-spawning bivalve mollusc (*Placopecten magellanicus*). *Molecular Ecology* 15, 1781–1796p.
- Launey S., Ledu C., Boudry P., Bonhomme F., Naciri-Graven Y. 2002. Geographic structure in the European flat oyster (*Ostrea edulis* L.) as revealed by microsatellite polymorphism. *Journal of Heredity* 93, 331–351p.
- Luttikhuisen P., Drent J., Van Delden W., Piersma T. 2003. Spatially structured genetic variation in a broadcast spawning bivalve: quantitative vs. molecular traits. *Journal of Evolutionary Biology* 16, 260–272p.
- Ridgway G. 2001. Interpopulation variation in blue mussels, *Mytilus edulis* L., over short distances. *Sarsia* 86, 157–161p.
- Swearer S., Caselle J., Lea D., Warner R.R. 1999. Larval retention and recruitment in an island population of a coral–reef fish. *Nature* 402, 799–802p.
- Vadopalas B., Leclair LL., Bentzen P. 2004. Microsatellite and allozyme analyses reveal few genetic differences among spatially distinct aggregations of geoduck clams (*Panopea abrupta*, Conrad 1849). *Journal of Shellfish Recourses* 23, 693–706p.
- Wood A.R., Gardner J.P.A. 2007. Small spatial scale population genetic structure in two limpet species endemic to the Kermadec Islands, New Zealand. *Marine Ecology Progress Series* 349, 159–170p.
- Xiao J., Cordes JF., Wang H., Guo X., Reece KS. 2010. Population genetics of *Crassostrea ariakensis* in Asia inferred from microsatellite markers. *Marine Biology* 157, 1767–1781p.
- Zhan A., Hu J., Hu X., Zhou Z., Hui M., et al. 2009. Fine-scale population genetic structure of zhikong scallop (*Chlamys farreri*): Do local marine currents drive geographical differentiation? *Marine Biotechnology* 11, 223–235p.