



Institūta BIOR

ATSKAITE

**ĢENĒTISKI MODIFICĒTU AUGU NEAPZINĀTAS
IZPLATĪŠANAS VIDĒ MONITORINGS UN LATVIJĀ
PIEEJAMO VIDES MONITORINGA PROGRAMMU
IZVĒRTĒJUMS SAISTĪBĀ AR ĢMO VISPĀRĪGO
UZRAUDZĪBU**

Izpildītājs:

**Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības
un vides zinātniskais institūts “BIOR”**

RĪGA 2024

APSTIPRINU
Zemkopības ministrijas
Veterinārā un pārtikas departamenta direktore
Zanda Matuzale

Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskais institūts "BIOR"

Zemkopības ministrijas pasūtītais zinātniskais pētījums

Līgums Nr. 24-00-S0INZ03-000037

**ĢENĒTISKI MODIFICĒTU AUGU NEAPZINĀTAS IZPLATĪŠANAS VIDĒ
MONITORINGS UN LATVIJĀ PIEEJAMO VIDES MONITORINGA PROGRAMMU
IZVĒRTĒJUMS SAISTĪBĀ AR ĢMO VISPĀRĪGO UZRAUDZĪBU**

2. GADA ATSKAITE

Rīga

2024

Satura rādītājs

Biežāk izmantoto saīsinājumu saraksts	5
KOPSAVILKUMS	6
Projektā 2024. gadā paveiktā darba apraksts	8
Projekta mērķis un uzdevumi.....	8
Projekta aktivitātes 2024. gadā	13
1. ĢENĒTISKI MODIFICĒTU AUGU NEAPZINĀTAS IZPLATĪŠANAS VIDĒ MONITORINGS	15
1.1. Literatūras analīze.....	15
1.2. Monitorings.....	16
1.3. Monitoringa metodika	19
1.4. Monitoringa rezultāti	20
1.5. ĢMO skrīninga ģēnu klātbūtnes noteikšana monitoringa ietvaros iegūtajiem paraugiem	22
1.5.1. Izmantotās metodes.....	23
1.5.2. Paraugu testēšanas rezultāti	25
1.6. Nejaušu ĢMO piemaisījumu sēklās un augu pavairojamajā materiālā noteikšana	25
1.7. Ziedputekšņu paraugi un to testēšanas rezultāti	29
2. LATVIJĀ ESOŠO VIDES MONITORINGA PROGRAMMU UN DATU BĀŽU PIEMĒROTĪBAS IZVĒRTĒJUMS ĢMO VISPĀRĪGĀS UZRAUDZĪBAS VEIKŠANAI SAISTĪBĀ AR VIDES RISKU NOVĒRTĒJUMU UN BĀZES LĪNIJU NOTEIKŠANU	33
2.1. Augsnes kvalitāte	33
2.2. Augsnes izmaiņu indikatoru monitorings	52
2.3. Lauksaimniecības noteču monitorings	67
2.4. Natura 2000 vietu, vides fona un speciālais monitorings	89
2.4.1. Natura 2000 vietu monitorings.....	89
2.4.2. Vides fona un speciālais monitorings.....	93
2.4.3. ĢMO izraisīto risku izvērtējums uz kukaiņu sugām	95
2.4.3. Ietekme uz ekosistēmu pakalpojumiem.....	100
2.4.4. Monitoringa un pētījumu iespējas ĢM organismu ietekmes noteikšanai	102
2.4.5. Bez mugurkaulnieku fona monitorings	103
2.4.6. Latvijas institūciju ĢMO pētījumu kapacitāte	114
2.4.7. Secinājumi	123
2.5. Kolembolu monitorings	135

2.6.	Ģenētiski modificētu augu kultūru ietekme uz sliekām un monitoringa iespējas.....	144
2.7.	Ģenētiski modificēto organismu uzraudzības monitoringa iespēju izvērtējums izmantojot Latvijā īstenoto anemofilo augu putekšņu monitoringu.....	173
2.8.	Ģenētiski modificēto organismu monitoringa programmu izvērtējums kontekstā ar augu, to slimību izraisītāju un kaitēkļu mijiedarbībām Latvijā.....	191
2.9.	ĢM augu ietekme uz savvaļas augu populācijām.....	233
2.10.	Nezāļu monitorings.....	238
2.11.	Ar ģēnu noteikšanas metodēm nosakāmo indikatoru monitorings	255
2.12.	Sēklu un augu pavairošanas materiāla monitoringa programma un rekomendācijas nepieciešamajiem uzlabojumiem	278
2.13.	ĢMO un NGT augu vides monitorings attiecībā uz to spēju hibridizēties ar savvaļas augu sugām	282
2.14.	Putnu monitorings.....	296
2.15.	Zinātniskā institūta BIOR tehniskā kapacitāte un praktiski apsvērumi uz masīvi paralēlu sekvencēšanu balstītai ĢMO testēšanai Latvijā	309
SECINĀJUMI		314
PIELIKUMI.....		318
1.pielikums.	Projekta darba grupas sanāksmes PROTOKOLS 1	319
2.pielikums.	Projekta semināra programma	324
3.pielikums.	Monitoringa apsekojumu veidlapa	326
4.pielikums.	Monitoringa ietvaros veikto apsekojumu novērojumi.....	327
5.pielikums.	Indikatoru piemēri noteiktajiem aizsardzības mērķiem saskaņā ar EFSA vadlīnijām, to noteikšanai ieteiktās metodes un attiecīgo datu esamība Latvijā	340

Biežāk izmantoto saīsinājumu saraksts

AOCS	<i>American Oil Chemists' Society</i>
ASV	Amerikas Savienotās Valstis
bar	Fosfinotricīna acetiltransferāzes gēns
BIOR	Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskais institūts "BIOR"
BMC	APP "Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs"
CaMV	Puķkāpostu mozaīkas vīruss
cruA	kruciferīna A gēns
cry1Ab/Ac	Modificēts gēns no baktērijas <i>Bacillus thuringiensis</i>
Ct	<i>cycle threshold value in real-time PCR</i>
DNS	Dezoksiribonukleīnskābe
DU DZTI	Daugavpils Universitāte, Dzīvības zinātņu un tehnoloģiju institūts
DUS	Degvielas uzpildes stacija
EK	Eiropas Komisija
ERM	<i>European Reference Materials</i>
ES	Eiropas Savienība
EURL GMFF	<i>European Reference Laboratory for Genetically Modified Food and Feed</i>
EZTF	LU Eksakto zinātņu un tehnoloģiju fakultāte
GMO	<i>Genetically modified organism</i>
ĢM	Ģenētiski modificēts
ĢMO	Ģenētiski modificēts organisms
GPS	Globālā pozicionēšanas sistēma
JRC	<i>Joint Research Centre</i>
LAD	Lauku atbalsta dienests
LBTU	Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte
LOD	Detekcijas limits
LU	Latvijas Universitāte
MDZF	LU Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultāte
NGT	<i>New genomic techniques</i>
P35S	Puķkāpostu mozaīkas vīrusa promotors
pat	Fosfinotricīna N-acetiltransferāzes gēns
pFMV	Cūknātru mozaīkas vīrusa 34S promotors
PĶR	Polimerāzes ķēdes reakcija
PVD	Pārtikas un veterinārais dienests
RL-PĶR	Reālā laika polimerāze ķēdes reakcija
RSU	Rīgas Stradiņa universitāte
SI	Starptautiskā mērvienību sistēma
tE9	Zirņu ribulozes-1,5-bifosfāta karboksilāzes mazās subvienības (rbcS) gēna E9 terminators
T-nos	Nopalīna sintāzes terminators
trnL	Augu hloroplastu introna gēns
VAAD	Valsts augu aizsardzības dienests
ZM	Zemkopības ministrija

KOPSAVILKUMS

PĀRSKATS PAR LATVIJAS REPUBLIKAS ZEMKOPĪBAS MINISTRIJAS LAUKU ATBALSTA DIENESTA ZINĀTNISKĀ PROJEKTA „ ĢENĒTISKI MODIFICĒTU AUGU NEAPZINĀTAS IZPLATĪŠANAS VIDĒ MONITORINGS UN LATVIJĀ PIEEJAMO VIDES MONITORINGA PROGRAMMU IZVĒRTĒJUMS SAISTĪBĀ AR ĢMO VISPĀRĪGO UZRAUDZĪBU” NORISI 2024. GADĀ

Projekta otrajā gadā tika turpināts ģenētiski modificētu (ĢM) augu neapzinātas izplatīšanas vidē monitorings. Monitoringa pieeja bija balstīta uz Vācijā izstrādāto floristiskās kartēšanas metodi, kas ietver 2 km zonu ap pārstrādes uzņēmumiem, ostām, pārkraušanas vietām. Ja uzņēmums atrodas pie upes, tad šajā zonā ietilpst upes posms 2 km augštecē un 3 km lejtecē. Divu kilometru rādiusā ap attiecīgo uzņēmumu tika apsekoti pievedceļi, krustojumi ar dzelzceļa līnijām un attiecīgie upes posmi. Tika veikta precīza atrasto rapša augu kartēšana (ar pierakstiem, fotogrāfijām un GPS koordinātām). Kopējais divu gadu laikā monitoringa ietvaros paņemto apvienoto paraugu skaits bija 230. Pastiprināta uzmanība monitoringā tika pievērsta objektiem, kas atrodas aizsargājamu dabas teritoriju tuvumā, bet pie šiem objektiem rapšu bija maz vai nebija vispār. Rīgas teritorijā tika fiksētas četras vietas, kurās esošās rapša populācijas varētu raksturot kā daudzgadīgas populācijas. Kopumā no 69 objektiem, 58 objektu (84%) apkārtnē konstatēti rapša augi vismaz vienā no monitoringa gadiem.

Monitoringa ietvaros iegūto paraugu molekulāri bioloģiskās testēšanas rezultāti neuzrādīja, kā kāds no paraugiem saturētu ģenētiski modificētu augu materiālu. Kopumā 216 paraugiem no 230 paraugiem netika novērota amplifikācija nevienam no sešiem skrīninga gēniem, kā arī nebija amplifikācijas atsevišķajiem rapša notikumiem DP-073496-4 un MON94100. Četrpadsmit apvienoto rapša lapu paraugiem tika novērota vēla amplifikācija ($Ct > 39$) vienam vai vairākiem skrīninga gēniem. Atbilstoši Nīderlandē izstrādātajai metodikai šādi amplifikācijas rezultāti ir vērtējami kā negatīvi. Visi 14 paraugi tika pārbaudīti uz atsevišķu rapša notikumu klātbūtni, un visi bija negatīvi.

Projekta otrajā gadā tika turpināts noteikt nejaušus ĢM augu sēklu piemaisījumus sēklās, kas iegādātas mazumtirdzniecībā tirdzniecības vietās klātienē, kā arī *on-line* vietnēs Latvijā, pārbaudot tādas sēklas, kas paredzētas mazdārziņiem un citiem nelieliem audzētājiem, kā arī zālienu un zālāju ierīkošanai. Kopējais paraugu skaits bija 50, no tiem 33 vienas augu sugas paraugi, bet 17 – divu un vairāk augu sugu paraugi. Izcelsmes valsts bija

Latvija 19 paraugiem, Lietuva - 12, citas valstis - 19. Visi zālāju un zālienu sēklu paraugi bija negatīvi uz visiem septiņiem pārbaudītajiem skrīninga gēniem.

Projekta otrā gada ietvaros tika turpināts pētījums ar ziedputekšņu paraugiem. Šī pētījuma mērķis bija noteikt iespējamu neapzinātu ĢM augu izplatību Latvijas vidē. Kopējais paraugu skaits bija 100. Visi paraugi bija negatīvi uz pārbaudītajiem skrīninga gēniem, kā arī uz atsevišķajiem rapša notikumiem DP-073496-4 un MON94100.

Kopumā var secināt, ka projektā divu gadu laikā transgēnu ĢM augu izplatīšanās Latvijas vidē nav konstatēta.

Projekta otrajā gadā tika īstenots darba uzdevums, kas saistīts ar Latvijā esošo vides monitoringa programmu un datu bāžu piemērotības izvērtēšanu ģenētiski modificētu organismu (ĢMO) vispārīgās uzraudzības veikšanai saistībā ar vides riska novērtējumu un bāzes līniju noteikšanu. Šī darba uzdevuma ietvaros tika izvērtētas monitoringa programmas, apzināta datu esamība Latvijā, kā arī sagatavoti ieteikumi un rekomendācijas monitoringa programmu pielāgošanai, ja nākotnē Latvijā notiktu ĢM augu un/vai NGT augu apzināta vai neapzināta izplatīšana vidē audzēšanai vai nejaušas izbiršanas rezultātā.

Projektā 2024. gadā paveiktā darba apraksts

Projekta mērķis un uzdevumi

Projekta mērķis – izvērtēt iespējamu neapzinātu ĢMO izplatību Latvijas vidē, sniegt analīzi par Latvijā pieejamajām vides monitoringa programmām, kā arī izstrādāt rekomendācijas esošo vides monitoringa programmu un sēklu/augu pavairošanas materiāla monitoringa programmas pielāgošanai ĢMO vispārīgās uzraudzības veikšanai saistībā ar vides riska novērtējumu un bāzes līniju noteikšanu.

Projekta mērķa realizācija nodrošinās Latvijas gatavību nākotnē izvērtēt ģenētiski modificētu augu audzēšanas ietekmi uz Latvijas vidi un dabas bioloģisko daudzveidību un dažādiem šo jomu zinātniskajiem aspektiem.

Projekta realizācijai izvirzītie darba uzdevumi:

Uzdevumi 2024. gadam:

Darba uzdevumi:

- 1. Izvēlēties metodes Latvijas vides monitoringam atbilstoši zinātniskās literatūras analīzei.** Atbilstoši šim darba uzdevumam bija paredzēts veikt jaunākās zinātniskās literatūras, kas publicēta 2023. gada nogalē un 2024. gada pirmajā ceturksnī, analīzi, lai noskaidrotu, vai ir nepieciešams veikt izmaiņas projekta 1. gadā izvēlētajā monitoringa metodikā.
- 2. Izvērtēt Latvijā esošo vides monitoringa programmu un datu bāžu piemērotību ĢMO vispārīgās uzraudzības veikšanai saistībā ar vides riska novērtējumu un bāzes līniju noteikšanu.** Šī darba uzdevuma ietvaros projekta pirmajā gadā tika nosūtītas uzaicinājuma vēstules vides un dabas aizsardzības jomas iestādēm ekspertu nominācijai dalībai projektā otrajā gadā. Šie eksperti, kā arī papildus uzrunātie un atrastie eksperti, kopā ar projekta vadītāju projekta otrajā gadā nodrošināja šī darba uzdevuma izpildi.
- 3. Veikt monitoringu un ievākt ruderālo krustziežu dzimtas augu, kukurūzas augu u.c. augu paraugus potenciāli ar ģenētiski modificētiem augiem piesārņotās teritorijās (ostu apkārtnē, dzelzceļa kravu pārkraušanas vietas, rapša pārstrādes rūpnīcu apkārtnē u.c.).** Šī projekta uzdevuma ietvaros bija paredzēts turpināt monitoringu atbilstoši projekta pirmajā gadā veiktā monitoringa novērojumiem un secinājumiem.

4. **Sadarbībā ar Valsts augu aizsardzības dienestu (VAAD), kurš veic lauku apsekojumus vietās, kur 2021. gadā tika iznīcināti rapša sējumi ar sēklām, kas bija piesārņotas ar GT73, analizēt ievāktos rapša augu paraugus.** Šī projekta uzdevuma ietvaros bija paredzēts sadarbībā ar VAAD izvērtēt iespējas veikt apsekojumus attiecīgajos laukos un ievākt rapša augu paraugus.
5. **Noteikt ievāktajiem paraugiem ĢMO skrīninga gēnu klātbūtni apvienotos paraugos un nepieciešamības gadījumā identificēt konstatētos ĢMO notikumus individuālos paraugos.** Šis darba uzdevums paredz 3. un 4. darba uzdevuma ietvaros ievāktu paraugu laboratoriskās analīzes: ĢMO skrīnings un ĢMO notikumu kvalitatīvās analīzes.
6. **Nepieciešamības gadījumā ievāktu paraugu molekulārajam raksturojumam izmantot sekvenēšanas metodes.** Šis darba uzdevums paredzēja 3. un 4. darba uzdevuma ietvaros ievāktu paraugu laboratoriskās analīzes: ĢMO skrīnings un ĢMO notikumu kvalitatīvās analīzes. Plānotais paraugu skaits aptuveni – 140.
7. **Noteikt nejaušus ĢMO piemaisījumus sēklās un augu pavairojamajā materiālā mazumtirdzniecībā tirdzniecības vietās klātienē, kā arī on-line vietnēs Latvijā, izmantojot mērķtiecīgu paraugu atlases stratēģiju, pārbaudot sēklas, kas paredzētas mazdārziņiem un citiem nelieliem audzētājiem, kā arī zālienu un zālāju ierīkošanai.** Šī projekta uzdevuma izpildei bija paredzēts izmantot “slepenā pircēja” pieeju, kas ir piemērojama paraugu ieguvei interneta tirdzniecības vidē (49. pants, Regula 2017/625 par oficiālo kontroli). Kā arī šīs aktivitātes ietvaros bija paredzēts turpināt pētījumu par ziedputekšņu paraugu izmantošanu, lai noteiktu iespējamu neapzinātu ĢMO izplatību Latvijas vidē. Ziedputekšņu paraugus ieguva sadarbībā ar Latvijas Biškopības biedrību. Kopējais plānoto paraugu skaits šī darba uzdevuma izpildei – 50.

1.tabula

Plānotais projekta realizācijas grafiks

Darba uzdevumi	Realizācijas laiks							
	2023				2024			
	I cet.	II cet.	III cet.	IV cet.	I cet.	II cet.	III cet.	IV cet.
1.uzdevums								
2.uzdevums								
3.uzdevums								
4.uzdevums								
5.uzdevums								
6.uzdevums								
7.uzdevums								

Projekta darba grupa un tās dalībnieku darba uzdevumi 2024. gadā

Vārds, uzvārds	Amats, zinātniskais grāds, zinātniskā institūcija	Darba pienākumi
Lelde Grantiņa – leviņa	Projekta vadītāja, vadošā pētniece, Dr. biol., BIOR	Zinātniskā projekta vispārējā vadība, darba mērķu un uzdevumu noteikšana un korekcija atbilstoši projekta realizācijas gaitai, sanāksmju un semināru organizēšana, zinātniskās literatūras analīze, eksperimentālā darba plānošana un realizācijas kontrole, reaģentu un materiālu pasūtīšana, dalība lauka apsekojumos, zinātnisko pārskatu sagatavošana atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, zinātnisko un populārzinātnisko publikāciju sagatavošana.
Gederts Ieviņš	Projekta eksperts, vadošais pētnieks, profesors, Dr. hab. biol., Latvijas Universitāte (LU), Bioloģijas fakultāte	Dalība projekta sanāksmēs un semināros, darba mērķu un uzdevumu noteikšana un korekcija atbilstoši projekta realizācijas gaitai, zinātniskās literatūras analīze, eksperimentālā darba plānošana (lauka apsekojumi), līdzdalība zinātnisko pārskatu sagatavošanā atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, zinātnisko un populārzinātnisko publikāciju sagatavošana.
Juris Ķibilds	Projekta eksperts, pētnieks, LU un BIOR doktorantūras students, BIOR	Dalība projekta sanāksmēs un semināros, darba mērķu un uzdevumu noteikšana un korekcija atbilstoši projekta realizācijas gaitai, zinātniskās literatūras analīze, reaģentu un materiālu pasūtīšana, eksperimentālā darba plānošana (paraugu sagatavošana sekvencēšanai, sekvencēšana, sekvenču analīze), līdzdalība zinātnisko pārskatu sagatavošanā atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, zinātnisko publikāciju sagatavošana.
Lilija Kovaļčuka	Projekta eksperte, pētniece, RSU un BIOR doktorantūras studente, BIOR	Dalība projekta sanāksmēs un semināros, zinātniskās literatūras analīze, eksperimentālā darba plānošana (paraugu sagatavošana reālā laika PCR, reakciju veikšana), līdzdalība zinātnisko pārskatu sagatavošanā atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, dalība zinātnisko un populārzinātnisko publikāciju sagatavošanā.
Guntis Boikmanis	Projekta eksperts, pētnieks, MSc. Biol, LU un BIOR doktorantūras students, BIO	Dalība projekta sanāksmēs un semināros, zinātniskās literatūras analīze, eksperimentālā darba plānošana (paraugu homogenizēšana, DNS ekstrakcija, DNS sagatavošana PCR vai sekvencēšanai, reakciju veikšana), līdzdalība zinātnisko pārskatu sagatavošanā atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, dalība zinātnisko un populārzinātnisko publikāciju sagatavošanā.
Artjoms Mališevs	Projekta eksperts, pētnieks, MSc. Biol, LU un BIOR doktorantūras students, BIOR	Dalība projekta sanāksmēs un semināros. Eksperimentālā darba plānošana laboratorijā un īstenošana - paraugu homogenizēšana, DNS ekstrakcija, DNS sagatavošana PCR, reakciju veikšana, rezultātu dokumentēšana.

Vārds, uzvārds	Amats, zinātniskais grāds, zinātniskā institūcija	Darba pienākumi
Karīna Ortlova	Projekta izpildītāja, MSc. Biol., vecākā eksperte, BIOR	Dalība projekta sanāksmēs un semināros, zinātniskās literatūras analīze, eksperimentālā darba plānošana (paraugu homogenizēšana, DNS ekstrakcija, DNS sagatavošana PCR, reakciju veikšana), līdzdalība zinātnisko pārskatu sagatavošanā atbilstoši projekta mērķim un uzdevumiem, dalība zinātnisko un populārzinātnisko publikāciju sagatavošanā.
Evija Bebre	Projekta izpildītāja, zinātniskā asistente, vecākā speciāliste, LU maģistrantūras studente, BIOR	Dalība projekta sanāksmēs un semināros. Eksperimentālā darba īstenošana (paraugu homogenizēšana, DNS ekstrakcija).
Guntis Tabors	Projekta eksperts, Dr. biol., LU Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultāte (MDZF)	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (augšnes kvalitātes monitorings; lauksaimniecības noteču monitorings; augšnes izmaiņu indikatoru monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Olga Sozinova	Projekta eksperts, Dabaszinātņu doktora grāds dabas ģeogrāfijā, LU Eksakto zinātņu un tehnoloģiju fakultāte (EZTF)	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (putekšņu monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Maksims Balalaikins	Projekta eksperts, Dr. biol., Daugavpils Universitāte, Dzīvības zinātņu un tehnoloģiju institūts (DU DZTI)	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (Natura 2000 vietu monitorings – bezmugurkaulnieku daļa; vides monitoringa fona un speciālais monitorings - bezmugurkaulnieku daļa; ĢMO mērķa un ne-mērķa kukaiņu monitorings; apputeksnētāju un tauriņu monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Normunds Stivriņš	Projekta eksperts, PhD Earth Sciences, LU EZTF	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā

Vārds, uzvārds	Amats, zinātniskais grāds, zinātniskā institūcija	Darba pienākumi
		attiecīgajā ekspertīzes jomā (Natura 2000 vietu monitorings un vides monitoringa fona un speciālais monitorings, bez bezmugurkaulnieku daļas), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Zigmunds Orlovskis	Projekta eksperts, PhD in Biological Sciences, APP "Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs" (BMC)	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (augu kaitēkļu un slimību monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Līvija Zariņa	Projekta eksperts, Dr.agr., Agroresursu un ekonomikas institūts	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (nezāļu monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Edīte Juceviča	Projekta eksperts, MSc. Biol., LU EZTF, Bioloģijas institūts	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (kolembolu monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Nils Rostoks	Projekta eksperts, Dr. biol., LU MDZF, BMC	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (ar gēnu noteikšanas metodēm nosakāmo indikatoru monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Jānis Ventīņš	Projekta eksperts, Dr. geogr., LU EZTF	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (slieku monitorings),

Vārds, uzvārds	Amats, zinātniskais grāds, zinātniskā institūcija	Darba pienākumi
		izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.
Indriķis Krams	Projekta eksperts, Dr. biol., BIOR	Raksturot aktuālās ĢMO vispārīgās uzraudzības monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu un uztvērējvīdus bāzliniju noteikšanas iespējas Latvijā attiecīgajā ekspertīzes jomā (putnu monitorings), izmantojot valstī apstiprinātas, īstenotas un/vai plānotas monitoringa programmas; Raksturot pārstāvētās institūcijas zinātniski tehnisko kapacitāti bioloģiskā drošuma jomā.

Projekta aktivitātes 2024. gadā

- Projekta darba gaitas izvērtēšanas, plānošanas un koordinēšanas sanāksme hibrīdā formātā 07.06.2024. (sanāksmes protokols, dienaskārtība un dalībnieku saraksts ir dots 1. pielikumā), kā arī projekta darba koordinēšana elektroniskajā vidē.
- Projekta uzdevumu īstenošana. Atskaite par padarīto atbilstoši katram uzdevumam ir dota tālākajās nodaļās.
- Seminārs projekta rezultātu izplatīšanai klātienē un attālināti 01.11.2024. (semināra programma ir 2. pielikumā);
- Projekta rezultātu prezentēšana konferencēs un citos pasākumos:
 82. Latvijas Universitātes starptautiskā zinātniskā konference 2024. Augu bioloģijas sekcija 01.02.2024. Mutiska prezentācija: Grantiņa-leviņa L., Ķibilds J., Kovaļčuka L., Boikmanis G., Ortlova K., Mališevs A., Bebre E., Ieviņš Ģ. Ruderalo rapša populāciju monitorings ar ģenētiski modificētiem augiem potenciāli piesārņotās teritorijās;
 - Annual meeting of European Enforcement Project on Contained Use and Deliberate Release of GMOs, Vīne, Austrija, 23.-24.05.2024. Mutiska prezentācija: L. Grantina-levina, J. Kibilds, L. Kovalcuka, G. Boikmanis, K. Ortlova, A. Malisevs, E. Bebre, I. Aleksejeva, G. Ievins. Monitoring of ruderal rapeseed populations in Latvia in territories potentially contaminated with genetically modified plants;

- 3) 20. Nacionālo references laboratoriju (NRL) par ĢMO seminārs, Ispra, Itālija, 12.11.2024. Mutiska prezentācija: L. Grantina-levina, J. Kibilds, L. Kovalcuka, G. Boikmanis, K. Ortlova, A. Malisevs, E. Bebre, I. Aleksejeva, G. Ievins. Two years long monitoring of ruderal rapeseed populations in Latvia in territories potentially contaminated with genetically modified plants and country-wide pollen sample screening for GMO contamination.
5. Lekcijas par Institūta BIOR funkcijām ĢMO jomā un ĢMO noteikšanu pārtikā, barībā un sēklās: 12. aprīlī Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitātes (LBTU) Lauksaimniecības un pārtikas tehnoloģijas fakultātes maģistrantūras studentiem studiju kursa "Jaunā Pārtika" ietvaros, savukārt 20. novembrī Latvijas Universitātes akadēmiskās bakalaura programmas "Biotehnoloģija un bioinženierija" studentiem.
6. Populārzinātnisks raksts žurnāla "Saimnieks" novembra izdevumā: L. Grantiņa-leviņa, J. Kibilds, L. Kovaļčuka, K. Ortlova, G. Boikmanis, A. Mališevs, E. Bebre, Ģ. Ieviņš. Vai Latvijā kaut kur ir sastopami ģenētiski modificēti augi un kādas pārmaiņas mūs sagaida nākotnē?

1. ĢENĒTISKI MODIFICĒTU AUGU NEAPZINĀTAS IZPLATĪŠANAS VIDĒ MONITORINGS

1.1. Literatūras analīze

Atbilstoši 1. darba uzdevumam bija paredzēts veikt jaunākās zinātniskās literatūras, kas publicēta 2023. gada nogalē un 2024. gada pirmajā ceturksnī, analīzi, lai noskaidrotu, vai ir nepieciešams veikt izmaiņas projekta 1. gadā izvēlētajā monitoringa metodikā. Konkrētajā laika periodā šādas publikācijas netika atrastas. Tādēļ projekta otrajā gadā monitorings tika veikts pēc iepriekš izmantotās metodikas.

Gatavojot projekta atskaiti tika apskatīti divi nedaudz vēlāk publicēti pētījumi. 2024. gada maijā ir publicēts 2021. gadā veikts pētījums par ģenētiski modificēta rapša populāciju sastopamību Ziemeļ-Dakotas pavalstī, Amerikas Savienotajās valstīs (ASV), kur atrodas vairākas rapša pārstrādes rūpnīcas. Tika apsekotas šosejas, kas bija rietumu – austrumu virzienā, ik pēc 8 km apsekojot 50 m garus posmus. Rapsis bija sastopams 42,0 % no 623 ceļu apsekošanas paraugu ņemšanas vietām. No tiem 76,0 % ekspresēja vismaz vienu transgēnu: 67,0 % bija pozitīvi attiecībā uz PAT (glufosināta rezistenci); 8,0 % bija pozitīvi attiecībā uz CP4 EPSPS (rezistenci pret glifosātu); un 1,1% (3/262) ekspresēja abas herbicīdu rezistences formas. Paralēli ceļmalā augošu rapšu paraugiem, tie tika paņemti arī no tuvumā augošu rapša lauku pieguļošās teritorijas. Pētījumā tika iekļauti 58 lauki, kas bija izvietoti vienmērīgi pa visu pavalsti. Visi kultivēto rapšu paraugi, kas ņemti 2021. gadā, ekspresēja herbicīdu toleranci. No ārpus lauksaimniecības laukiem savāktajiem augiem 89,7% ekspresēja PAT; 98,6% ekspresēja CP4 EPSPS; un 1,7% ekspresēja abus transgēnus (Travers et al., 2024).

2024. gada septembrī ir publicēti rezultāti 15 gadus ilgam ĢM rapša monitoringam Dienvid-Korejā. No 2009. līdz 2023. gadam laboratoriski tika apstiprināts 441 ĢM rapšu paraugs, tajā skaitā 437 GT73 notikumu augi ar ievadīto CP4-EPSPS gēnu un 4 Topas 19/2 augi ar ievadīto bar gēnu. ĢMO 15 gadu laikā tika atklāti 65 vietās. Kopš 2017. gada izteikts pieaugums tika novērots pasākumu organizēšanas vietās. Kopumā secināts, ka 78 % gadījumu ĢM rapsis tika atrasts ceļu malās, 1,4 % gadījumu lauksaimniecības dzīvnieku fermu tuvumā, 0,7 % gadījumu barības ražošanas uzņēmumu tuvumā, bet 19,9 % gadījumu bija cita veida vietās (pasākumu vietās un audzēšanas vietu tuvumā) (Lim et al., 2024).

1.2. Monitorings

Atbilstoši 3. darba uzdevumam bija paredzēts turpināt monitoringu un ievākt ruderālo krustziežu dzimtas augu, kukurūzas augu u.c. augu paraugus potenciāli ar ģenētiski modificētiem augiem piesārņotās teritorijās (ostu apkārtnē, dzelzceļa kravu pārkraušanas vietas, rapša pārstrādes rūpnīcu apkārtnē u.c.). Šī projekta uzdevuma ietvaros bija paredzēts turpināt monitoringu atbilstoši projekta pirmajā gadā veiktā monitoringa novērojumiem un secinājumiem. Pilns monitoringā iekļauto 69 objektu saraksts ir dots 3. tabulā.

3.tabula

Monitoringa apsekojumu vietas 2023. un 2024. gadā

Npk.	Apdzīvota vieta	Uzņēmums, adrese	Sadarbības partneris
1	Aizkraukle	LATRAPS, Aizkraukle, Jaunceltnes iela 20a, Aizkraukle, LV-5100	LATRAPS
2	Barkava	BARKAVAS ARODI, LPKS, Dzirnavu iela 1, Barkavas pag., Madonas nov., LV-4834	LATRAPS
3	Bauska	LATRAPS, Bauska, Īslices ielā 9, Bauska, LV-3901	LATRAPS
4	Bēne	Balticovo A/S, Bēne, Sņķeres iela 10, Bēne, Bēnes pagasts, LV-3711	LATRAPS, Balticovo
5	Bērkrogs	Vidzemes Eļļas Fabrika, Bērkrogs, Veselavas pagasts, Cēsu novads, LV-4116	Vidzemes Eļļas Fabrika
6	Code	SAIMNIEKS-V, LPKS, "Ciņi", Codes pag., Bauskas nov., LV-3901	LATRAPS
7	Daugavpils	LATRAPS, Daugavpils, Viršu iela 56K., Daugavpils, LV-5413	LATRAPS
8	Daugavpils	"Dzirnavnieks", Stropi, Naujenes pag.	Baltic Agro
9	Dobele	Dobeles Dzirnavnieks A/S, Spodrības iela 4, Dobele, Dobeles nov., LV-3701	LATRAPS, Baltic Agro, Linas agro
10	Eleja	LATRAPS, Eleja, Lietuvas iela 16a, Elejas pag., Jelgavas nov., LV-3023	LATRAPS
11	Eleja	Elago Trade Elejas elevatori, Bērzi, Jelgavas, Elejas pagasts, LV-3023	-
12	Grobiņa	SIA "Linās Agro" Graudu centrs "Grobiņa" "Jaunstūrīši", Grobiņas pag., Dienvidkurzemes novads	Linās Agro
13	Gulbene	Lapu iela 12, Svelbergis	Baltic Agro
14	Gulbene	VAKS "Torņkalns", Gulbenes nov., Beļavas pag., LV-4409	VAKS
15	Iecava	Iecavnieks & Co, SIA, "Iecavnieki", Iecava, Iecavas nov., LV-3923	LATRAPS, Baltic Agro, Linās agro

Npk.	Apdzīvota vieta	Uzņēmums, adrese	Sadarbības partneris
16	Iecava	Balticovo, Iecavas pagasts, Bauskas novads	Balticovo
17	Iecava	Iecavas elevators, "Ž.Lagzdiņa maizes fabrika", Iecavas elevators, Iecava	Baltic Agro, Linas agro
18	Īslīce	Līdums PS, "Veģi", Īslīces pag., Bauskas nov.	Baltic Agro, Linas agro
19	Jaunpagasts	LATRAPS, Jaunpagasts, Lielā iela 39, Jaunpagasts, Virbu pagasts, Talsu novads	LATRAPS
20	Jēkabpils	Kuziks LPKS, Ārijas Elksnes iela 6, Jēkabpils, LV-5202	LATRAPS
21	Jēkabpils	Jēkabpils Elevators, "Vītoliņi", Jēkabpils	Baltic Agro, Baltagro
22	Jēkabpils	SIA "Linas Agro" Graudu centrs, "Jaunsalieši", Jēkabpils, Jēkabpils nov.	Linas Agro
23	Jelgava	Jelgavas Dzirnava, A/S, Bauskas iela 2, Jelgava, LV-3001	LATRAPS
24	Jelgava	VAKS, Bauskas iela 2, Jelgava, LV-3001	VAKS
25	Lielplatone	Poligrain, "Zeltiņkalte", Lielplatones pag., Jelgavas nov., LV-3022	Baltic Agro, Linas Agro
26	Liepāja	Liepāja Bulk Terminal LTD, SIA, Brīvības iela 123, Liepāja, LV-3414	LATRAPS, Baltic Agro, Linas agro
27	Liepāja	Baltic Agro Liepājas elevators, Kapsēdes iela 3, Liepāja	Baltic Agro
28	Liepāja	Dan store, Brīvostas iela 28/30, Liepāja	Baltic Agro
29	Liepāja	Baltic Transshipment Center, Turaidas iela 24, Liepāja, LV-3414, Karosta	BTC
30	Liepāja	Otaņķu Dzirnavnieks	-
31	Madona	LATRAPS, Madona, Saules iela 68, Madona, Madonas nov., LV-4801	LATRAPS
32	Matīši	VAKS, "Silavīši", Burtnieku nov., Matīšu pag., LV-4210	VAKS
33	Mērsrags	Mērsraga Osta, Lielā iela 62, Mērsrags, Mērsraga pagasts, LV-3284	LATRAPS
34	Ogre	Dzelzceļa stacijas "Ogre" apkārtnē	Latvijas Dzelzceļš
35	Pabaži	Veģi ZS, "Jaunvītoli", Pabaži, Sējas nov.	Baltic Agro
36	Padure	Upeskalni AB, SIA, Deksnas iela 9, Deksnas, Padures pag., Kuldīgas nov., LV-3321	LATRAPS, Linas agro
37	Priekule	LPKS Durbes grauds, Celtnieku iela 1, Lieģi, Tadaļķu pagasts, Dienvidkurzemes novads, LV-3447	-
38	Rēzekne	Rēzeknes Dzirnavnieks, RSEZ AS, Atbrīvošanas aleja 167, Rēzekne, LV-4604	LATRAPS, Baltic Agro
39	Rēzekne	SIA "Linas Agro" Graudu centrs, Rēzekne, Nolikta iela 14, Rēzekne	Linas agro
40	Rīga	Alpha Osta, Birztaļu iela 26, Rīga, LV-1015	LATRAPS
41	Rīga	Osta "Lejasvoleri", SIA, Daugavgrīvas šoseja 1, Rīga, LV-1007	LATRAPS

Npk.	Apdzīvota vieta	Uzņēmums, adrese	Sadarbības partneris
42	Rīga	Extron Baltic, Daugavgrīvas iela 93, Rīga	Baltic Agro
43	Rīga	KS Termināls, Rīgas Osta, Zilā iela 22, Rīga	Linās agro
44	Rīga	STREK, SIA, Zilā iela 23a, Kurzemes rajons, Rīga, LV-1007	LATRAPS
45	Rīga	SIA WT Terminal, Flotes iela 12A, Kurzemes rajons, Rīga, LV-1016	beramkravas, ģenerālkraavas
46	Rīga	SIA "LA CON", Flotes iela 5, Kurzemes rajons, Rīga, LV-1016	beramkravas
47	Rīga	Port Milgrāvis, Meldru iela 3, Rīga, LV-1015	LATRAPS
48	Rīga	B Port, Traleru iela 2A, Ziemeļu rajons, Rīga, LV-1030	-
49	Rīga	Man-Tess Osta, Traleru iela 2B, Ziemeļu rajons, Rīga, LV-1030	-
50	Rīga	AS "Rīgas Dzirnāvnīeks", Lizuma iela 5, Rīga LV-1006	Rīgas Dzirnāvnīeks
51	Rīga	Dzelzceļa stacija "Jāņavārti"	Latvijas Dzelzceļš
52	Rīga	Dzelzceļa stacija "Šķīrotava"	Latvijas Dzelzceļš
53	Rīga	Dzelzceļa stacija "Daugmale"	Latvijas Dzelzceļš
54	Salaspils	Dzelzceļa stacijas "Salaspils" apkārtnē	Latvijas Dzelzceļš
55	Saldus	LATRAPS, Saldus, "Grīši", Saldus pag., Saldus nov., LV-3862	LATRAPS
56	Saldus	Kuldīgas iela 88, Saldus	Baltic Agro
57	Staļģene	Latraps Biodiesel Factory, Staļģene, Jaunsvirlaukas pagasts, Jelgavas novads, LV-3031	LATRAPS
58	Stende	Baltic Agro Stende, Dumpšu iela 4, Stende	Baltic Agro
59	Suntaži	SIA Žvalģuva "Klētis", Suntažu pag., Ogres nov.	Linās agro
60	Tukums	AS "Straume", Tumes pag., Tukuma nov., LV-3139	LATRAPS, Baltic Agro
61	Valmiera	VAKS, Mūrmuižas iela 18, Valmiera, LV-4201	VAKS
62	Varakļāni	VAKS, "Grozus kalte", Varakļānu nov., Varakļānu pag.,	VAKS
63	Vārme	Skaistmales Z/S (Āboliņi), "Sniedzes kalte", Vārmes pag., Kuldīgas nov., LV-3333	LATRAPS
64	Ventspils	Ventplac, Rūpniecības iela 25, Ventspils, LV-3601	-
65	Ventspils	Ventspils Grain Terminal, AS, Dzintaru iela 15, Ventspils, LV-3604	LATRAPS
66	Ventspils	Bio-Venta, Ziemeļu iela 21F, Ventspils, LV-3604	LATRAPS
67	Ventspils	Ventspils VGT, Dzintaru iela 15, Ventspils	Baltic Agro
68	Ventspils	Kālija parks, Maskavas iela 14, Ventspils	Linās agro
69	Vilce	Rapša un graudu pieņemšanas punkts pie Vilces pienotavas.	-

1.3. Monitoringa metodika

Monitoringa pieeja bija balstīta uz Vācijā izstrādāto floristiskās kartēšanas metodi (Sukopp and Schmitz, 2013), kas ietver 2 km zonu ap pārstrādes uzņēmumiem, ostām, pārkraušanas vietām. Ja uzņēmums atrodas pie upes, tad šajā zonā ietilpst upes posms 2 km augštecē un 3 km lejtecē. Divu kilometru rādiusā ap attiecīgo uzņēmumu tiek apsekoti pievedceļi, dzelzceļa līnijas un attiecīgie upes posmi. Tiek veikta precīza atrasto rapša augu kartēšana (ar pierakstiem, fotogrāfijām un GPS koordinātām). 3. pielikumā ir dota monitoringa apsekojumu veidlapa.

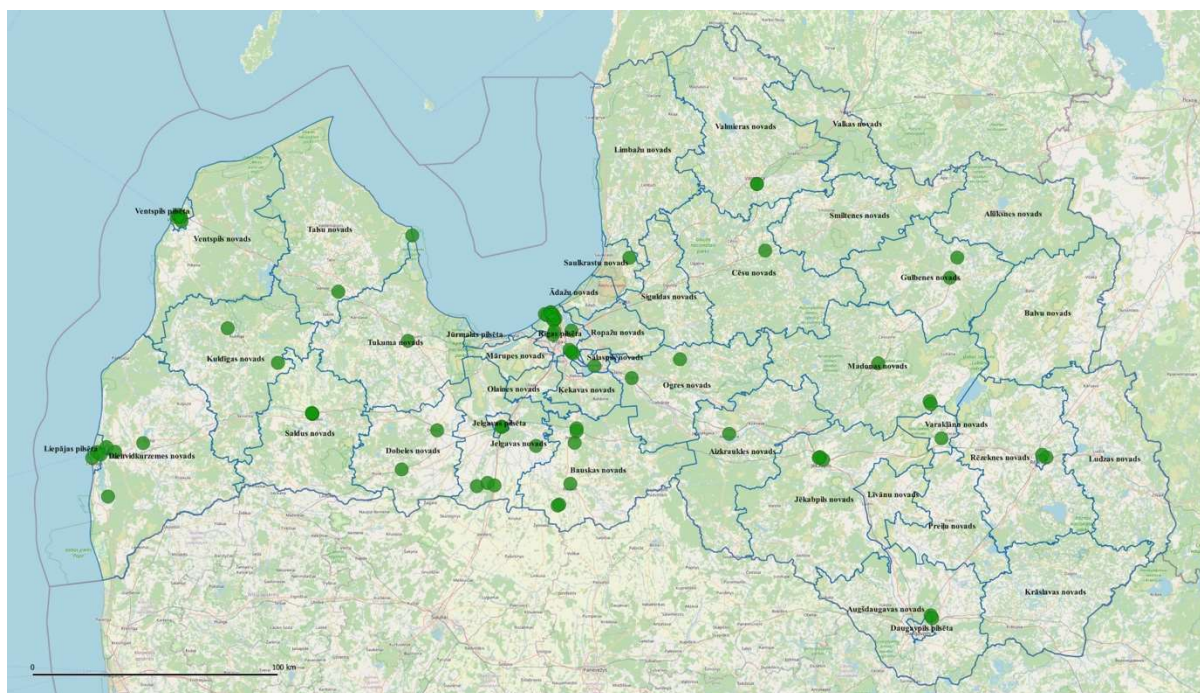
Monitorings tika veikts laika periodā no 27.05.2023. līdz 30.09.2023., patērējot tam 18 dienas, un no 28.05.2024. līdz 27.09.2024., patērējot tam 12 dienas (kopā pa abiem gadiem 30 dienas). Monitoringa otrā gada apsekojumu rezultāti ir doti 4. pielikumā.

Pirms katra brauciena tika veltīts laiks detalizētai braucienu plānošanai izmantojot Google Maps, lai izpētītu objektu atrašanās vietas, piebraucamos ceļus un jau iepriekš būtu atrastas vietas, kur ir atļauts novietot automašīnu un pārvietoties, neapdraudot drošību. Situācija monitoringa vietās tika dokumentēta, aizpildot apsekojumu veidlapas un uzņemot fotogrāfijas ar fotoaparātu Canon EOS 7D Mark II un mobilo telefonu iPhone 12. Pēc katra monitoringa brauciena tika veltīts laiks apsekojumu pierakstu pārņemšanai elektroniskajā vidē, kartogrāfiskā materiāla sagatavošanai izmantojot Google Maps, kā arī darbam ar fotogrāfijām, lai tās pielikumu veidā varētu pievienot projekta atskaitei. Fotogrāfiju apstrādei (attēlu apjoma samazināšanai) tik aizmantota programma Photoshop. Atskaitei kā atsevišķi pielikumi ir pievienoti Monitoringa vietu kartogrāfiskais materiāls un Monitoringa vietu ilustratīvais materiāls. Oriģinālās fotogrāfijas ir pieejamas pēc pieprasījuma.

Kopumā tika apsekota 69 objektu apkārtnē (attēls 1.1.). Kopējais nobrauktais attālums bija 7500 km. Katra objekta apkārtnē, kur tika konstatēti ruderali rapša augi, tika paņemti viens vai vairāki rapša lapu apvienotie paraugi. Apvienotais paraugs pamatā tika veidots no 10 atsevišķu augu lapām, izņemot gadījumus, kad nebija pieejami 10 augi. Tad lapu skaits bija attiecīgi mazāks. Lielāku populāciju gadījumā augi, no kuriem tika paņemtas lapas, bija atlasīti pēc nejaušības principa, lai būtu pārstāvēta visa populācija. Ja skaitliski lielas populācijas atradās vairāku 100 m attālumā viena no otras, tās tika uzskatītas par atsevišķām populācijām un no katras tika paņemti apvienoto lapu paraugi. Ja attiecīgajā ruderalajā populācijā bija augi

ar gataviem augļiem (pāksteņiem), tad tika paņemts arī šāds paraugs. Tika pievērsta uzmanība arī citu augu ruderālām populācijām.

Augu lapas tika ievietotas 540 ml maisiņos (Nasco Whirl-Pak™ Standard Sample Bags), kas piemēroti dažādu paraugu veidiem - pārtikas un dzērienu, piena produktu, ūdens, medicīnas, veterinārijas, vides, augsnes un rūpniecības nozares paraugiem. Maisiņi ar lapām tika ievietoti putuplasta kastē ar aukstuma elementiem uzglabāšanai mašīnā braucienā un pārvešanas laikā. Līdz nogādāšanai laboratorijā tie tika uzglabāti ledusskapī apm. +4 °C temperatūrā.



1.1.attēls. Divu gadu laikā apsekoto 69 objektu izvietojums Latvijas kartē.

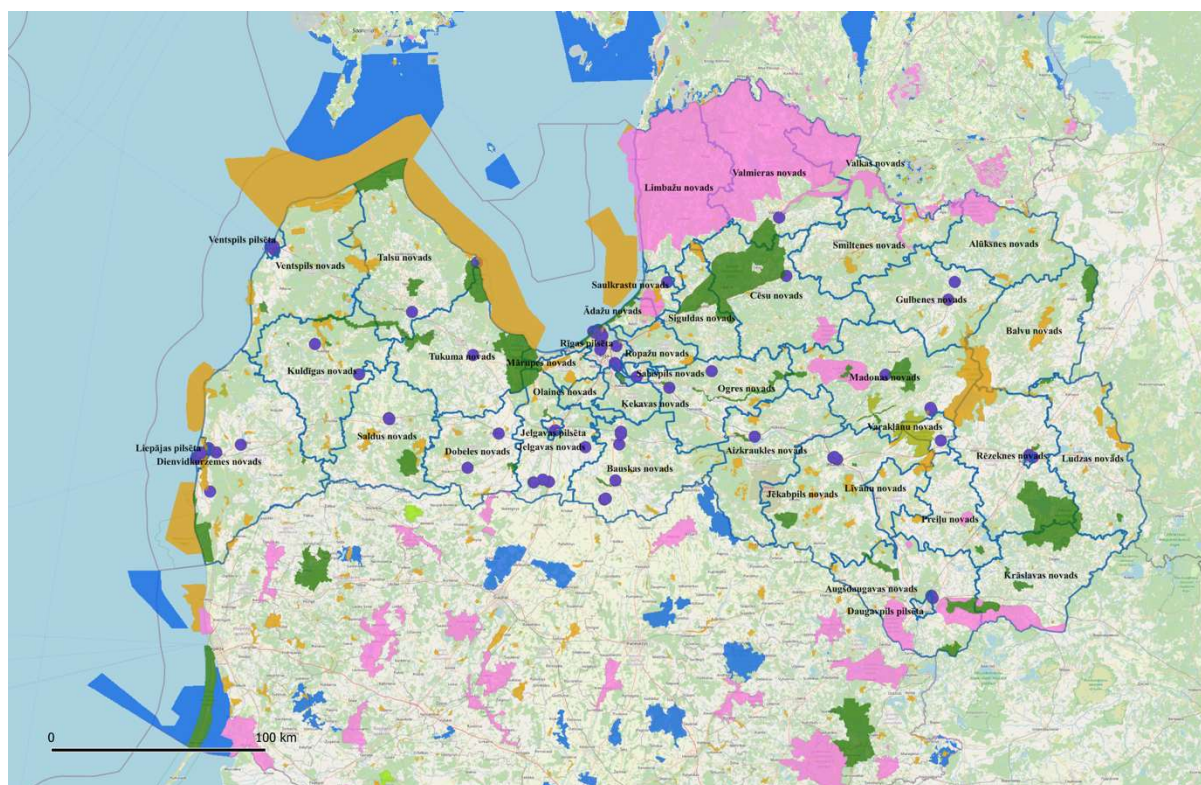
1.4. Monitoringa rezultāti

Kopējais monitoringa ietvaros paņemto apvienoto paraugu skaits pa abiem gadiem bija 230, no tiem 223 rapša lapu paraugi, 4 – rapša sēklu paraugi, 1 – kvieši, 1 – mieži, 1 – sinepes. Apvienotie paraugi kopā bija no apm. 2200 augiem. Apvienotie rapša paraugi reprezentēja populāciju no apm. 12800 augiem.

Pastiprināta uzmanība monitoringā tika pievērsta objektiem, kas atrodas aizsargājamu dabas teritoriju tuvumā, bet pie šiem objektiem rapšu bija maz vai nebija vispār:

- 1) Alpha osta – atrodas netālu no dabas lieguma “Vecdaugava” (objekta apkārtnē apsekota divreiz, bet rapši netika atrasti);
- 2) Mērsraga osta – atrodas netālu no Engures dabas parka (konstatēti 4 rapša augi);
- 3) Vidzemes Eļļas fabrika – atrodas netālu no Gaujas Nacionālā parka teritorijas (konstatēti 10 rapša augi);
- 4) Otaņķu Dzirnāvnīks – atrodas apm. 500 m no NATURA 2000 dabas teritorijas pie Liepājas ezera (rapši neatrada).

Monitoringā iekļauto objektu izvietojums attiecībā pret Natura 2000 teritorijām redzams 1.2.attēlā.



1.2.attēls. Monitoringā iekļauto objektu izvietojums attiecībā pret Natura 2000 teritorijām. Izmantots Natura 2000 teritoriju kartes slānis no: https://bio.discomap.eea.europa.eu/arcgis/rest/services/ProtectedSites/CDDA_Dyna_WM/MapServer.

Veicot monitoringa apsekojumus, tika fiksētas četras vietas, kurās esošās rapša populācijas varētu raksturot kā daudzgadīgas populācijas:

1) Rīga, Daugavgrīvas iela, pirms Zilās ielas Bolderājas virzienā (monitoringa otrajā gadā rapsis šeit netika konstatēts);

2) Rīga, Lejas Voleri apkārtnē, apmēram 600 m no ostas;

3) Rīga, Bolderāja, Gaigalas iela (Daugavgrīvas iela), pretī veikalam Maxima;

4) Rīga, Vecāķu prospekts no krustojuma ar Emmas un Gāles ielām līdz Jaunciema gatvei.

Par to, ka šīs populācijas ir daudzgadīgas, pirmkārt, liecināja tas, ka rapša augi auga vairāku metru (līdz pat 8 m) attālumā no brauktuves malas salīdzinājumā ar citām monitoringa vietām, kur rapši pārsvarā auga tiešā brauktuves tuvumā. Otrkārt, šajās populācijās konstatēti rapši dažādās augšanas stadijās, tai skaitā ziedoši augi un augi ar gatavām sēklām. Augu skaits šajās populācijās variēja no 2 līdz 13 augiem uz kvadrātmetru. Individuāliem augiem sēklu nebija daudz un lielākoties tās bija slikti attīstītas.

No 69 objektiem, 58 objektu (84%) apkārtnē konstatēti rapša augi vismaz vienā no monitoringa gadiem. Rapša augi netika konstatēti 11 apsekoto objektu apkārtnē. Rapša augu ziedēšana novērota no jūnija otrās puses, bet nesen uzdīguši augi masveidā tika konstatēti sākoties ražas novākšanai.

1.5. ĢMO skrīninga gēnu klātbūtnes noteikšana monitoringa ietvaros iegūtajiem paraugiem

5. uzdevuma ietvaros bija paredzēts noteikt monitoringā ievāktajiem paraugiem ĢMO skrīninga gēnu klātbūtni apvienotos paraugos un nepieciešamības gadījumā identificēt konstatētos ĢMO notikumus individuālos paraugos. Šis darba uzdevums paredzēja 3. un 4. darba uzdevuma ietvaros ievākto paraugu laboratoriskās analīzes: ĢMO skrīnings un ĢMO notikumu kvalitatīvās analīzes.

1.5.1. Izmantotās metodes

Paraugu homogenizēšana un DNS ekstrakcija

Paraugu homogenizēšanai tika izmantotas dažādas dzirnavas un blenderi atkarībā no parauga specifikas (Grindomix GM 200 (Retsch), Laboratory blender (Waring), Profi I Cook), kā arī piesta un piestala. DNS tika izdalīta no 200 mg homogenizētā parauga, izmantojot komerciālu reaģentu komplektu NucleoSpin Food, Mini kit (Macherey-Nagel). DNS no katra parauga tika izdalīta divos atkārtojumos. DNS koncentrācija un absorbcija tika noteikta ar NanoDrop ND-1000 pie 230, 260 un 280 nm. Nākamais DNS kvalitātes kontroles solis ietvēra augu hloroplastu gēna amplifikāciju, kas parāda, vai paraugā ir amplificējama augu DNS, un/vai auga taksonam specifiskā gēna amplifikāciju:

- Augu hloroplastu introna gēns trnL - atbilstoši ISO 21569:2005 pielikumam A.2. „Augu hloroplastu daudzkopiju gēna (trnL introna) sekvenču noteikšana”,
- Auga taksonam specifiskais gēns - cruA (kruciferīna A gēns rapsim), atbilstoši GMOMETHODS: EU Database of Reference methods <https://gmocrl.jrc.ec.europa.eu/gmomethods/>, cruA - CRL-GMFF: Protocol RT73.

GMO skrīnings

Paraugu DNS ekstraktiem tika veikts GMO skrīnings uz sešiem skrīninga elementiem:

- CaMV 35S promoters, P35S - puķkāpostu mozaīkas vīrusa promoters, kas izmantots daudzu ģenētiski modificētu augu līniju izveidē, atbilstoši ISO 21569:2005 pielikumam B.9. „Atsevišķu bieži ĢM organismos lietotu DNS sekvenču noteikšana, kuru izcelsme ir puķkāpostu mozaīkas vīrusa CaMV 35S promoters (P35S), kā arī Agrobacterium tumefaciens (T-nos), pārtikas produktos – skrīninga metode”;
- T-nos - nopalīna sintāzes terminators, kas arī ir izmantots daudzu ģenētiski modificētu augu līniju izveidē, atbilstoši ISO 21569:2005 pielikumam B.9. „Atsevišķu bieži ĢM organismos lietotu DNS sekvenču noteikšana, kuru izcelsme ir puķkāpostu mozaīkas vīrusa CaMV 35S promoters (P35S), kā arī Agrobacterium tumefaciens (T-nos), pārtikas produktos – skrīninga metode”;

- pat gēns – fosfinotricīna N-acetiltransferāzes gēns no baktērijas *Streptomyces viridochromogenes*; izmantots vairākām ģenētiski modificētu augu līnijām (rapsim, sojai, kokvilnai, kukurūzai); atbilstoši metodei „Quantitative PCR method for detection of phosphinothricin N-acetyltransferase gene”, JRC Compendium of Reference Methods for GMO Analysis;
- pFMV – cūknātru mozaīkas vīrusa 34S promoters; izmantots vairākām ģenētiski modificētu augu līnijām (rapsim, kartupeļiem, sojai, kokvilnai, tomātiem un bietēm), atbilstoši ISO/TS 21569-5:2016 „Uz reālā laika PĶR balstīta skrīninga metode FMV promotera (P-FMV) DNS sekvenču noteikšanai.
- tE9 - zirņu ribulozes-1,5-bifosfāta karboksilāzes mazās subvienības (rbcS) gēna E9 terminators, kas ir izmantots vairākām ģenētiski modificētu augu līnijām, atbilstoši GMO Methods: EU database of reference methods. Qualitative PCR method for detection of tE9 terminator (2016);
- bar gēns - fosfinotricīna acetiltransferāzes gēns no baktērijas *Streptomyces hygroscopicus*; sastopams ĢM rīsiem, rapsim, kukurūzai un kokvilnai; atbilstoši ISO 21569:2005 pielikumam B.8. „Uz reālā laika PĶR metodes balstīta skrīninga metode, lai noteiktu *Streptomyces hygroscopicus* bar gēnu”.

Papildus šiem skrīninga gēniem visi paraugi tika pārbaudīti uz ĢM rapša notikumam DP-073496-4 specifiska ģenētiskā materiāla klātbūtni, jo šim rapša notikumam nav neviena skrīninga gēna. Testēšana tika veikta atbilstoši metodei: Jacchia S., Bogni A., Mazzara M., Kreysa J.; "Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape DP-073496-4 Using Real-time PCR - Validation Report and Protocol - Sampling and DNA Extraction from Oilseed Rape"; Online Publication (2014). Projekta 2. gada sākumā visus 2023. gadā iegūtos paraugus un vēlāk arī 2024. gadā iegūtos paraugus pārbaudīja arī uz rapša notikumam MON 94100 specifiska ģenētiskā materiāla klātbūtni atbilstoši metodei "Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape MON 94100 Using Real-time PCR - Validation Report", kas publicēta 2022. gadā. Šim rapša notikumam arī nav neviena skrīninga gēna.

Pozitīvas reakcijas gadījumā kādam no skrīninga gēniem paraugam tālāk tika veikta kvalitatīva reālā laika PĶR ar gadījumspecifisku metodi (<https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/gmomethods/>), piemēram:

- Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape Line RT73 Using Real-timePCR. CRLVL26/04VP (2007);
- Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape MON88302 Using Real-time PCR - Validation Report and Validated Method"; Online Publication (2013).

PQR reakcijās kā pozitīvā kontrole tika izmantota DNS, kas iegūta no sertificēta references materiāla, kas ir izsekojams līdz SI sistēmas mērvienībām. References materiāli iegādāti no European Reference Materials (ERM) un American Oil Chemists' Society (AOCS).

1.5.2. Paraugu testēšanas rezultāti

Kopumā 216 no 230 paraugiem nebija amplifikācijas nevienam no 6 skrīninga gēniem, kā arī atsevišķajiem rapša notikumiem. Tomēr 14 apvienoto rapša lapu paraugiem no ostu apkārtnes tika novērota vēla amplifikācija ($Ct > 39$) vienam vai vairākiem skrīninga gēniem. Atbilstoši Luijten un kolēģu (2019) izstrādātajai metodikai, šādas Ct vērtības ir vērtējamas kā negatīvas. Visi 14 paraugi tika pārbaudīti uz atsevišķu rapša notikumu klātbūtni, un visi bija negatīvi.

Atbilstoši projekta 6. uzdevumam bija paredzēts nepieciešamības gadījumā ievākt paraugu molekulārajam raksturojumam izmantot sekvenēšanas metodes. Gadījumos, kad ievāktu paraugu DNS saturētu kādas transgēniem augiem raksturīgas skrīninga gēnu sekvences, bet nebūtu iespējams identificēt konkrētu ĢMO notikumu/-us, varētu izmantot sekvenēšanas metodes. Nevienā no projekta īstenošanas gadiem neradās nepieciešamība veikt sekvenēšanu. Tādēļ šai aktivitātei paredzētie līdzekļi tika novirzīti 3. un 7. aktivitātes īstenošanai, palielinot paraugu skaitu šajās aktivitātēs.

1.6. Nejaušu ĢMO piemaisījumu sēklās un augu pavairojamajā materiālā noteikšana

Projekta 7. uzdevuma ietvaros bija paredzēts noteikt nejaušus ĢMO piemaisījumus sēklās un augu pavairojamajā materiālā mazumtirdzniecībā tirdzniecības vietās klātienē, kā arī *on-line* vietnēs Latvijā, izmantojot mērķtiecīgu paraugu atlases stratēģiju, pārbaudot sēklas,

kas paredzētas mazdārziņiem un citiem nelieliem audzētājiem zaļmēslojumam vai kā starpkultūras, kā arī zālienu un zālāju ierīkošanai. Šī projekta uzdevuma izpildei bija paredzēts izmantot “slepenā pircēja” pieeju, kas ir it īpaši piemērojama paraugu ieguvei interneta tirdzniecības vidē (49. pants, Regula 2017/625 par oficiālo kontroli).

Kopējais paraugu skaits divu gadu laikā zālienu un zālāju sēklām bija 50, no tiem 33 paraugi bija vienas augu sugas paraugi (4. tabula), bet 17 paraugi bija divu un vairāk augu sugu paraugi (5. tabula). Izcelsmes valstis bija: Latvija - 19 paraugi, Lietuva - 12, citas valstis - 19. Zālienu un zālāju sēklas tika iegādātas tādās tirdzniecības vietās kā Būvniecības nams Kurši, Agrimatco, 220.lv, Depo un Kurzemes sēklas. Pārstāvētie sēklu ražotāji un izplatītāji bija sekojoši: SIA Latvijas Šķirnes sēklas, Dārza ABC, SIA Svarēni, ZālājuSēklas.lv, Pakavs.lv, Baltic Agro, Agrofirma Sēklos UAB, Agrolitpa UAB, Barenburg u.c.

4. tabula

Vienas augu sugas zālienu, zālāju sēklu un zaļmēslojuma paraugi

Paraugs	Augu suga, šķirne	Izcelsmes valsts
S-1	Sarkanais āboliņš <i>Trifolium pratense</i> , 'Jancis'	Latvija
S-2	Baltās sinepes <i>Sinapis alba</i> , 'Braco'	Latvija
S-3	Sarkanais āboliņš, 'Ārija'	Latvija
S-9	Plāvas skarene <i>Poa pratensis</i> L., 'Balin'	Lietuva
S-13	Baltais āboliņš sīklapu, 'Euromic'	Lietuva
S-14	Sējas vīķis <i>Vicia sativa</i> L., 'Hanka', zaļmēslojumam	Lietuva
S-15	Sējas lucerna <i>Medicago sativa</i> L., 'Eugenia'	Lietuva
S-16	Sarkanā auzene <i>Festuca rubra</i> L.	Lietuva
S-18	Plāvas skarene <i>Poa pratensis</i> L., 'Balin'	Lietuva
S-19	Daudzgadīgā airene <i>Lolium perenne</i> L., 'Temprano'	Lietuva
S-22	Baltais zemais āboliņš	Latvija
S-24	Parastā facēlija	Lietuva
S-26	Dzeltenais amoliņš <i>Melilotus officinalis</i>	Latvija
S-29	Viengadīgā airene <i>Lolium multiflorum</i> , 'Druva'	Latvija
S-30	Elļas rutks <i>Raphanus sativus</i> , 'Romesa'	Latvija
S-31	Ganību airene <i>Lolium perenne</i> , 'Spīdola'	Latvija
S-32	Sarkanā auzene <i>Festuca rubra</i> , 'Vaive'	Latvija
S-33	Lucerna <i>Medicago sativa</i> , 'Eride'	Latvija
S-38	Elļas rutks (<i>Raphanus sativus</i> var. <i>oleiformis</i> , 'Lucas')	Lietuva
S-39	Hibrīdā airene (<i>Lolium hybridum</i>), 'Saikava'. Selekcionēta, krustojot ganību aireni ar daudziedu aireni.	Latvija
S-40	Facēlija (<i>Phacelia tanacetifolia</i>), 'Stala'	Latvija
S-41	Lucerna (<i>Medicago sativa</i>), 'Gea'	Latvija
S-42	Sarkanais āboliņš (<i>Trifolium pratense</i>), 'Jancis'	Latvija

Paraugs	Augu suga, šķirne	Izcelsmes valsts
S-43	Lucerna (<i>Medicago sativa</i>), 'Eride'	Latvija
S-44	Baltās sinepes (<i>Sinapis alba</i>), 'MHR Palma'	Polija
S-45	Aveņu āboliņš (<i>Trifolium incarnatum</i>), 'Rokali'	Dānija
S-46	Aleksandrijas āboliņš (<i>Trifolium alexandrinum</i>), 'Alex'	Itālija
S-47	Baltais redīss (<i>Raphanus sativus Longipinnatus</i>), 'Mino Early'	Itālija
S-48	Rozā āboliņš (<i>Trifolium Hybridum</i>), 'Ermo'	Dānija
S-49	Baltās sinepes (<i>Sinapis alba</i>), 'Andromeda'	Čehija
S-50	Sējas auzas (<i>Avena sativa</i>), 'Kalle'	Igaunija
S-51	Vasaras aulgrieze (<i>Helianthus annuus</i>), 'Peredovick'	Vācija

5. tabula

Vairākas augu sugas saturoši zālāju un zālienu sēklu paraugi

Paraugs	Nosaukums	Augu sugas, procentuālais sastāvs	Izcelsmes valsts
S-4	Zāliena sēklas	Sarkanā auzene 40% 'Rozinante', ganību airene 30 % 'Bokser', aitu auzene 10% 'Ridu', pļavas skarene 5% 'Evora', daudziedu airene 15% 'Druva'	Latvija
S-5	Zāliena sēklas, Park	Sarkanā auzene 30%, aitu auzene 30%, niedru auzene 10%, ganību airene 10%, pļavas skarene 20%	Latvija
S-6	Zāliena sēklas, Sport	Sarkanā auzene 20%, ganību airene 55%, pļavas skarene 25%	Latvija
S-7	Zāliena sēklas, Parter	Sarkanā auzene 50%, ganību airene 25%, pļavas skarene 25%	Latvija
S-8	Zālāja sēklu maisījums	60% ganību airene (<i>Lolium perenne</i> L., 'Double'), 30% sarkanā auzene (<i>Festuca rubra</i> L., 'Maxima'), 10% pļavas skarene (<i>Poa pratensis</i> L., 'Geisha')	Dānija
S-10	Zāliena maisījums, Sport	40% ganību airene (<i>Lolium perenne</i> L., 'Double'), 10% sarkanā auzene (<i>Festuca rubra</i> L., 'Casanova'), 5% raupjā auzene (<i>Festuca trachyphylla</i> (Hack.), 'Krajina Ridu'), 10% pļavas skarene (<i>Poa pratensis</i> L. 'Geisha'), 35% sarkanā auzene (<i>Festuca rubra</i> L., 'Maxima')	Dānija
S-11	Zāliena maisījums, Park	64% ganību airene (<i>Lolium perenne</i> L. 'Temparo'), 8% airene (<i>Lolium westerwoldicum</i> 'Ducato'), 21% sarkanā auzene (<i>Festuca rubra</i> 'Relevant'), 7% daudziedu airene (<i>Lolium multiflorum</i> 'Hunter')	Lietuva

Paraugs	Nosaukums	Augu sugas, procentuālais sastāvs	Izcelsmes valsts
S-12	Zāliena sēklu maisījums ātrai atjaunošanai, Lawn Correct	60% daudzgadīgā airene <i>Lolium perenne</i> L., 30% sarkanā auzene <i>Festuca rubra</i> L., 10% pļavas skarene <i>Poa pratensis</i> L.	Dānija
S-17	Zāliena sēklu maisījums, Flower meadow	10% Sarkanā auzene <i>Festuca rub.</i> Com., 30% Sarkanā auzene <i>Festuca rub.</i> Rub, 16% aitu auzene <i>Festuca ovina</i> , 10 % <i>Lolium perenne</i> , 10% <i>Poa pratensis</i> , 10% pļavas timotiņš <i>Phleum pratensis</i> , 4% pākšaugi, 10 % ziedu maisījums	Vācija
S-20	Zāliena sēklu maisījums	Sarkanā auzene 'Vaive' 45%, daudzgadīgā airene 'Spīdola' 30%, pļavas auzene 'Arita' 15%, viengadīgā airene 'Druva (Uva)' 10%	Latvija
S-23	Zāliena sēklu maisījums atjaunošanai	Auzene sarkanā 'Glida' 10%, hibrīdā airene 'Gala' 30%, daudziedu airene 'Turtetra' 30%, daudzgadīgā airene 'Grasslands Nui' 30%	Polija
S-25	Ziedošu augu maisījums	<i>Phacelia tanacetifolia</i> 15%, <i>Trifolium incarnatum</i> 15%, <i>Linum usitatissimum</i> 10%, <i>Fagopyrum esculentum</i> 10%, <i>Trifolium resupinatum</i> 10%, <i>Borago officinalis</i> 5%, <i>Lolium multiflorum</i> var. <i>westerwoldicum</i> 5%, <i>Anetum graveolens</i> 5%, <i>Centaurea cyanus</i> 5%, <i>Papaver rhoeas</i> 5%, <i>Ornithopus sativus</i> 5%, <i>Sinapis alba</i> 5%, <i>Coriandrum sativum</i> 5%	Lietuva
S-27	Zāliens, Sport	<i>Poa pratensis</i> 'Bariris Z' 10% DK, <i>Festuca rubra commutata</i> 'Bargreen II' 20% FR, <i>Lolium perenne</i> 'Baroday II' 15% DK, <i>Lolium perenne</i> 'Barorlando' 18% DK, <i>Lolium perenne</i> 'Barorlando' 12% NL, <i>Lolium perenne</i> 'Barlibro' 15% DK, <i>Festuca rubra rubra</i> 'Bardance' 10% DK	Nīderlande, Dānija, Francija
S-28	Baltais āboliņš	Clover seed, Baltais āboliņš S184 70% (<i>Trifolium repens</i>), Baltais āboliņš Avai On 30% (<i>Trifolium repens</i>).	Nīderlande
S-34	Zālienu maisījums	<i>Trifolium repens</i> 'Pipolina' 3 %, <i>Lolium perenne</i> 'Double' 35 %, <i>Festuca rubra</i> 'Pinafore' 12 %, <i>Festuca rubra</i> 'Maxima 1' 45 %, <i>Poa pratensis</i> 'Geisha' 5 %	Dānija
S-35	Zālienu maisījums, Ornamental	Sarkanā auzene 'Casanova' (<i>Festuca rubra</i>) 5 %, Sarkanā auzene 'Maxima 1' (<i>Festuca rubra</i>) 50 %, Ganību airene 'Double' (<i>Lolium perenne</i>) 35 %, Aitu auzene 'Ridu' (<i>Festuca trachyphylla</i>) 5 %, Pļavas skarene 'Geisha' (<i>Poa pratensis</i>) 5 %	Eiropas Savienība
S-36	Zālienu maisījums, Ornamental	<i>Festuca rubra</i> Commutata 'Casanova' 5 %, <i>Poa pratensis</i> 'Geisha' 5 %, <i>Festuca trachyphylla</i>	Dānija

Paraugs	Nosaukums	Augu sugas, procentuālais sastāvs	Izcelsmes valsts
		'Ridu' 5 %, <i>Lolium perenne</i> 'Double' 35 %, <i>Festuca rubra</i> rubra 'Maxima 1' 50 %	
S-37	Zālienu maisījums, Turbo	<i>Lolium perenne</i> 'Double' 35 %, <i>Lolium w.w.</i> 'Candidame' 10 %, <i>Festuca rubra</i> 'Maxima 1' 50 %, <i>Poa pratensis</i> 'Geisha' 5 %.	Dānija

Izmantotās metodes bija identiskas tām, kas aprakstītas 5.1. nodaļā, izņemot to, ka DNS tika izdalīta trīs atkārtojumos. Papildus iepriekš uzskaitītajiem skrīninga gēniem visi paraugi tika izmeklēti arī uz skrīninga gēna *cry1Ab/Ac* klātbūtni atbilstoši GMO Methods: EU database of reference methods, Qualitative PCR method for detection of *cry1Ab/Ac* gene (2017). Gēns *cry1Ab/Ac* ir modificēts gēns no baktērijas *Bacillus thuringiensis*, kas kodē insektu rezistences proteīnu. Lai izdalītu DNS, no katra sēklu parauga dzirnavās tika samalti 20 g parauga.

Visiem zālāju un zālienu sēklu paraugiem tika iegūta pozitīva amplifikācija uz hloroplastu introna gēnu *trnL*, un tie bija negatīvi uz visiem septiņiem pārbaudītajiem skrīninga gēniem. Rezultātu kopsavilkums ir dots 6. tabulā.

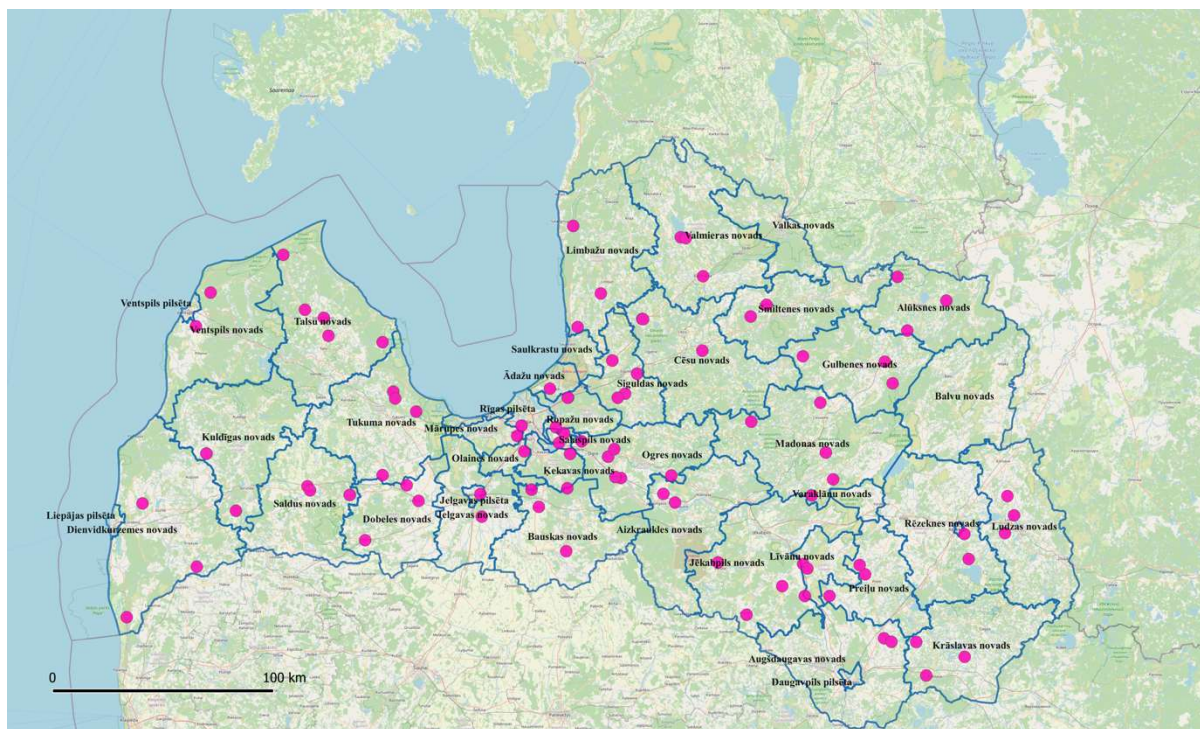
6. tabula

Zālāju un zāliena sēklu paraugu testēšanas rezultātu kopsavilkums

Paraugi	trnL	Skrīninga gēni						
		p35S	tNOS	pat	tE9	pFMV	Cry1Ab/Ac	bar
Kopā n=50	pozitīvi	negatīvi	negatīvi	negatīvi	negatīvi	negatīvi	negatīvi	negatīvi

1.7. Ziedputekšņu paraugi un to testēšanas rezultāti

Projekta 7. uzdevuma ietvaros bija paredzēts turpināt pētījumu par ziedputekšņu paraugu izmantošanu, lai noteiktu iespējamu neapzinātu ĢMO izplatību Latvijas vidē. Projekta pirmajā gadā 49 ziedputekšņu paraugus ieguva tirdzniecības vietās klātienē un *on-line*. Projekta otrajā gadā 48 ziedputekšņu paraugus un trīs bišu maizes paraugus ieguva sadarbībā ar Latvijas Biškopības biedrību. Kopējais iegūto un noanalizēto ziedputekšņu paraugu skaits divu gadu laikā bija 100. Ziedputekšņu paraugu izcelsmes vietu attēlojums Latvijas kartē ir redzams 1.3. attēlā, bet sadalījums pa novadiem ir dots 7. tabulā.



1.3.attēls. Ziedputekšņu paraugu izcelsmes vietas Latvijas kartē.

7.tabula

Ziedputekšņu paraugu skaita sadalījums pa novadiem

Novads	Paraugu skaits	Novads	Paraugu skaits
Aizkraukles	3	Madonas	6
Alūksnes	3	Mārupes	1
Augšdaugavas	2	Ogres	8
Ādažu	1	Olaines	2
Bauskas	3	Preiļu	3
Cēsu	3	Rēzeknes	2
Dienvidkurzemes	3	Rīga	2
Dobeles	3	Ropažu	3
Gulbenes	3	Salaspils	2
Jelgavas	2	Saldus	4
Jēkabpils	3	Siguldas	5
Krāslavas	3	Smiltenes	2
Kuldīgas	4	Talsu	5

Ķekavas	2	Tukuma	4
Limbažu	2	Valmieras	3
Līvānu	3	Ventspils	2
Ludzas	3	-	-

Ziedputekšņu paraugu pētījuma rezultātu kopsavilkums ir dots 8. tabulā. Visiem ziedputekšņu paraugiem tika iegūta amplifikācija uz kruciferīna A gēnu CruA, izņemot vienu paraugu – LK-46 no Rēzēknes novada, Čornajas pagasta. Reālā laika PĶR amplifikācijas Ct vērtības variēja no 22,45 līdz 38,27 (vidēji 26,27). Tas norāda uz to, ka gandrīz visi ziedputekšņu paraugi saturēja ziedputekšņus no rapša un citiem kāpostu dzimtas augiem. Ar izmantotajiem praimeriem un zondi pozitīvu amplifikāciju var iegūt ne tikai rapsim, bet vēl arī sekojošu sugu augiem: Tāla sīkplikstiņam *Arabidopsis thaliana*, dažādām Sareptas sinepes *B. juncea* apakšsugām, melnajai sinepei *B. nigra*, dažādām dārza kāposta *B. oleracea* apakšsugām un kultivāriem, dažādām tīruma rāceņa *B. rapa* apakšsugām, eļļas rutkam *R. sativus* un baltajai sinepei *S. alba* (Wu et al., 2010).

Visi paraugi bija negatīvi uz pārbaudītajiem skrīninga gēniem, kā arī uz atsevišķajiem rapša notikumiem DP-073496-4 un MON94100 (8. tabula).

8. tabula

Ziedputekšņu paraugu testēšanas rezultātu kopsavilkums (poz – pozitīvi, neg – negatīvi)

Paraugi	trnL/ CruA	Skrīninga gēni							DP- 073496- 4	MON 94100
		p35S	tNOS	pat	tE9	pFMV	Cry1 Ab/Ac	bar		
Kopā n=100	poz	neg	neg	neg	neg	neg	neg	neg	neg	neg

Atbilstoši projekta 4. uzdevumam sadarbībā ar VAAD, kurš veic lauku apsekojumus vietās, kur 2021. gadā tika iznīcināti rapša sējumi ar sēklām, kas bija piesārņotas ar GT73, bija paredzēts analizēt ievāktos rapša augu paraugus. Projekta īstenošanas laikā neviens paraugs no VAAD netika saņemts. Tādēļ šai aktivitātei paredzētie līdzekļi tika novirzīti 3. un 7. aktivitātes īstenošanai, palielinot paraugu skaitu šajās aktivitātēs. Iznīcinātie rapša sējumi 2021. gadā atradās Latgalē un Vidzemē. Tā kā neviens no ruderālajiem rapša paraugiem un neviens no ziedputekšņu paraugiem, kuru izcelsme bija Latgale un Vidzeme, nesaturēja

ģenētiski modificētiem augiem raksturīgas sekvenses, tad var secināt, ka transgēnu izplatība šajos Latvijas reģionos nav notikusi.

Izmantotā literatūra

1. Lim, H.S., Choi, W., Jung, Y.J., Yoon, A.M., Noh, D., Lee, J.H., Kim, C.M. and Lee, J.R., 2024. Long-term monitoring and management of genetically modified canola in natural environments: a 15-year study. *Applied Sciences*, 14(18), p.8333.
2. Luijten S.H., van Beekvelt C., Prins T., Fronen B. 2019. What is known about the import, distribution and presence of GM oilseed rape (*Brassica napus*) in the Netherlands? Report S4N2019.06. Stichting Science4Nature, Amsterdam.
3. Sukopp, U., & Schmitz, U. (2013). How to track genetically modified (GM) plants in the field? The VDI standard method of floristic mapping of GM plants as an efficient tool. *BioRisk*, 8, 89-110.
4. Travers, S. E., Bishop, D. B., & Sagers, C. L. (2024). Persistence of genetically engineered canola populations in the US and the adventitious presence of transgenes in the environment. *Plos one*, 19(5), e0295489.
5. Wu, G., Zhang, L., Wu, Y., Cao, Y., & Lu, C. (2010). Comparison of five endogenous reference genes for specific PCR detection and quantification of *Brassica napus*. *Journal of agricultural and food chemistry*, 58(5), 2812-2817.

2. LATVIJĀ ESOŠO VIDES MONITORINGA PROGRAMMU UN DATU BĀŽU PIEMĒROTĪBAS IZVĒRTĒJUMS ĢMO VISPĀRĪGĀS UZRAUDZĪBAS VEIKŠANAI SAISTĪBĀ AR VIDES RISKU NOVĒRTĒJUMU UN BĀZES LĪNIJU NOTEIKŠANU

Šīs nodaļas tālākajās apakšnodaļās ir apskatītas Latvijā spēkā esošās vides monitoringa programmas un citas valsts mēroga aktivitātes, kuru ietvaros tiek veikts monitorings. Katra apakšnodaļa noslēdzas ar secinājumiem, bet nodaļas beigās ir doti kopīgie secinājumi par vides monitoringa programmu izvērtējumu. Savukārt 5. pielikumā ir dots apkopojums par datu esamību. Šajā pielikumā ir doti indikatoru piemēri noteiktajiem aizsardzības mērķiem saskaņā ar EFSA vadlīnijām (EFSA, 2011¹, 1. tabula), to noteikšanai ieteiktās metodes un attiecīgo datu esamība Latvijā.

2.1. Augsnes kvalitāte

Sagatavoja Dr. biol. Guntis Tabors

Augsne ir nozīmīgs jebkuras ekosistēmas komponents, kas var nodrošināt gan dažādu vielu apriti un to akumulāciju, gan arī dažādu vielu emisiju. Augsne ir neatjaunojamais dabas resurss, un kaut gan atjaunošanās notiek, tomēr tā dažkārt notiek pat vairāk nekā simts gadu periodā (Lipenīte, Kārklīšs, 2011). Augsne ietekmē atmosfēras un hidrosfēras stāvokli.

Tiek uzskatīts, ka augsnē esošie organismi ir ļoti liela daļa no visas pasaules ekosistēmu bioloģiskās daudzveidības un var regulēt daudzus procesus, kuri ir kā globāli nozīmīga sastāvdaļa organisko vielu, enerģijas un barības vielu ciklos (Toschki et al., 2015). Vislielākās augsnes organismu grupu skaita un biomasas ziņā ir mikrobioloģiskie organismi, t. i., baktērijas un sēnes (Curtis et al., 2002).

Viena no augsnes saglabāšanas problēmām ir augsnes degradācija, jo tā ir nopietna problēma visā Eiropas teritorijā, un diemžēl degradācijas tempi ir ar pieaugošu tendenci (Karlen et al., 2008). Jebkura no augsnes degradācijas izpausmēm var ietekmēt gaisa un ūdens kvalitāti, kā arī ietekmēt klimata pārmaiņas un bioloģisko daudzveidību (Kārklīšs et al., 2008).

¹ EFSA, 2011. Scientific Opinion on guidance on the Post-Market Environmental Monitoring (PMEM) of genetically modified plants. EFSA Panel on GMO. EFSA Journal 2011;9(8):2316. [40 pp.] doi:10.2903/j.efsa.2011.2316.

Augsnes degradācijas ietekmē var pasliktināties Eiropas iedzīvotāju veselība, kā arī var tikt ietekmēts pārtikas kvalitāte un dzīvnieku barības nekaitīgums (Seaton et al., 2020).

Antropogēnās aktivitātes būtiski ietekmē augsnē esošo bioloģisko daudzveidību, un visspēcīgāk rūpniecības vai pilsētu teritorijās, kur izdzīvot var ļoti maz sugu. Modernā lauksaimnieciskā darbība, kurai raksturīgs augsts neorganiskā mēslojuma līmenis, pesticīdu lietošanai un augsnes apstrādei ir zināma ietekme uz augsnes bioloģiskās daudzveidības sabiedrību, radot dažādu organismu grupu lokālos zudums vai pat izmiršanu (Toschki et al., 2015).

Augsnes kvalitāte, ko nosaka ES augsnes aizsardzības tematiskā stratēģija, ir augsnes spēju kopums realizēt savas funkcijas un reaģēt uz ārējām ietekmēm, lai nodrošinātu ekosistēmas un cilvēku vajadzības (Lipenīte, Kārkliņš, 2011). Arī Amerikas augsnes zinātnes biedrība (SSSA) ir definējusi, kas ir augsnes kvalitāte: uzturēt bioloģisko produktivitāti, saglabāt vides kvalitāti un veicināt augu un dzīvnieku veselību (Soil Science Society of America SSSA, 1997). No esošās definīcijas izriet, ka augsnes kvalitātes jēdziens sevī ietver ļoti apjomīgas funkcijas, kam jānodrošina gan ar ekoloģiju saistītos jautājumus, gan ar cilvēces nepieciešamo eksistenci.

Faktori, kas nodrošina augsnes veidošanos, ir cilmiezis, klimats, reljefs, dzīvie organismi (flora, fauna, mikroorganismi) un cilvēka saimnieciskā darbība. Tieši cilvēka saimnieciskā darbība var būtiski ietekmēt augsnes veidošanos, augsnes kvalitāti. Vēsturiski līduma zemkopība, kad zemnieki ierīkoja tīrumus, veicot mežu izciršanu un dedzināšanu, augsnē tika samazināts organisko vielu daudzums. Arī mūsdienās veicot augsnes nosusināšanu (meliorācijas, drenāžas darbi), mēslošanu, kaļķošanu, kā arī piesārņojot augsni ar smagajiem metāliem, naftas produktiem, pesticīdiem un citām ķīmiskām vielām tiek ietekmētas augsnes īpašības (Kārkliņš et al., 2008).

Bioloģiskā daudzveidība var ietekmēt augsnes procesus, kā arī nodrošināt augsnes procesu attīstību un izmaiņas laikā un telpā, kā, piemēram, organisko vielu sadalīšanos (regulē barības vielu ciklus), slāpekļa fiksāciju no atmosfēras gaisa (padarot slāpekli pieejamu augiem), antropogēno savienojumu (tajā skaitā pesticīdu) noārdīšanos, augsnes agregātu stabilizēšanu (izveidojot māla-humusa kompleksus), augsnes porainības uzlabošanu, augsnes pH izmaiņas (nitrifikācija un denitrifikācija), kā arī būt par barību (medījumu) daudziem virszemes organismiem (Toschki et al., 2015). Kādēļ tad vajadzīgs ir veikt augsnes kvalitātes parametru

novērtējumu? Kā, piemērs, ir tādos gadījumos, kad lietot pesticīdus, jo, piemēram, augsts organisko vielu saturs augsnēs absorbē un aiztur herbicīdus, tādēļ pie zema organisko vielu satura augsnēs herbicīdus nevajadzētu lietot (Karlen et al., 2008). Augsnes kvalitāte ir būtisks faktors, kas ietekmē kultūrauga veselību (Ortiz, Sansinenea 2022). Nepieciešams periodisks augsnes kvalitātes novērtējums, lai noteiktu augsnes resursu stāvokli dažādos mērogos – atsevišķos zālājos, lauka teritorijās, zemnieku saimniecībās, ūdenstilpņu piekrastēs, novados, visā valstī, vai pat visā pasaulē.

Tādēļ 2005. gadā ir izdoti “Noteikumi par augsnes un grunts kvalitātes normatīviem” (Noteikumi nr. 804), kas nosaka kvalitātes normatīvus augsnei un gruntij. Noteikumu otrajā punktā rakstīts, ka augsnes un grunts (iežu un nogulumu slāņi zem augsnes, kuros var veikt saimniecisko darbību) kvalitātes normatīvi attiecas uz jebkuru augsnī un grūti Latvijas teritorijā neatkarīgi no tās izmantošanas veida. Esošā MK noteikumu 1.pielikumā ir uzskaitīti augsnes un grūti kvalitātes normatīvi dažādās augsnēs pēc granulometrijas (smilts, māls, māls, māls), un tie ir sekojoši: varš (Cu), svins (Pb), cinks (Zn), niķelis (Ni), arsēns (As), kadmijs (Cd), hroms (Cr), dzīvsudrabs (Hg), naftas produkti, poliaromātiskie ogļūdeņraži (PAH) un polihlorbifenili (PCB). Augsnes un grūti kvalitātes normatīvi nedrīkst būt pārsniegti, uzsākot jebkuru jaunu piesārņojošu darbību.

Augsnes kvalitātes novērtēšana var būt viens no strīdīgākajiem augsnes zinātnes aprindu jautājumiem. Augsnes kvalitātes novērtēšanas mērķis ir izpētīt teritorijas izmantošanas vēsturi, pašreizējo stāvokli un potenciālu, kā izmantot augsnes kvalitātes novērtēšanu kā instrumentu, lai uzraudzītu augsnes fizikālo, ķīmisko un bioloģisko ietekmi, ko rada apsaimniekošanas lēmumi (pasākumi), kas var ietekmēt augsnī un tuvējo ūdenstilpņu resursus.

Lai izvērtētu augsnes kvalitāti, ir nepieciešams izmantot bioloģiskos, ķīmiskos un fiziskos (fizikālos) indikatorus. Augsnes bieži vien paliek kā pilnībā nenovērtēts resurss. Iespējams, ka vairāk būtu jākoncentrējas uz kvalitatīvu augsnes apstrādi pie apsaimniekošanas un nevis koncentrēties uz augsnes kvalitāti vai augsnes veselību (Karlen et al 2008).

Ideāli būtu, ja varētu izmantot augsnes mikrobioloģiskos un bioķīmiskos procesus kā augsnes kvalitātes indikatorus, tomēr tas nav tik vienkārši realizējams. Un tas ir tāpēc, ka augsnē ir daudz un dažādu blakus apstākļu un ietekmes, piemēram, slāpekļa mineralizācija,

mikroorganismu daudzveidība un arī augsnes faunas funkcionālo grupu dažādība, kas ietekmē augsnes attīstību un funkcijas (Schloter et al. 2003).

Augsnes kvalitāti var novērtēt gan veicot morfoloģiskos novērojumus, ko var veikt uz vietas aplūkojot augsnes īpašības, piemēram, augsnes horizontu biezumu, sablīvējumu, ūdeņu uzkrāšanos, gan arī veicot organisko vielu analizēšanu. Organiskās vielas tiek uzskatītas par būtiskāko augsnes kvalitātes rādītāju, jo organiskās vielas ietekmē lauksaimnieciskās ražas produktivitāti. Samazinoties organiskām vielām sekojoši samazināsies dažādu augsnē esošo vielu saistīšanās spējas, palielināsies barības vielu izskalošanās pakāpe, kā arī būtiski var pieaugt piesārņojuma riska pakāpe. Tiklīdz samazināsies organisko vielu daudzums, izmainīsies augsnes fizikālās un ķīmiskās īpašības, un tam sekojoši izmainīsies mikrobioloģiskie procesi augsnē. Tomēr salīdzinājumi starp dažādām augsnēm (tipi, apakštipi) ir gandrīz bezjēdzīgi (Karlen et al., 2008), jo atšķirsies augsnes veidošanās faktori (glejošanās, podzolēšanās) un granulometriskais sastāvs (smilts, māls).

Mikroorganismu sabiedrība bieži tiek izvēlēta augsnes testēšanai (kontrolei), jo baktēriju un sēņu populācijām ir galvenā nozīme barības vielu ciklos un augsnes kvalitātē, un tāpēc augsnes mikroorganismus izmanto kā monitoringa un riska novērtēšanas galveno objektu. Tā kā augsnes mikroorganismi ir galvenie augu atlieku sadalītāji, tad ir pierādīts, ka to daudzveidība ir jutīga pret pārmaiņām augsnē (Lilley et al., 2006). Augsnes mikrobioloģisko biomasu var definēt kā organismus, kas dzīvo augsnē un kas parasti ir mazāki par aptuveni 10 mikrometriem (Schloter et al., 2003). Tomēr augsnē esošo mikrobu aktivitāte noved pie barības vielu atbrīvošanās un ir pieejamības augiem. Tādējādi mikrobioloģiskajai aktivitātei ir izšķiroša nozīme bioģeoķīmiskajos ciklos. Mikrobu aktivitātes tiek regulētas dēļ barības vielu apjoma un pieejamības, kā arī dēļ temperatūras, skābekļa un ūdens pieejamības un piegādes.

Augsnes veselība var tikt novērtēta, pamatojoties uz to kā augsne var nodrošināt un veicināt augu augšanu un ražīgumu, un esošās īpašības augsnēm jāsaglabā arī turpmāk.

Tiek izmantoti vairāki parametri augsnes veselības novērtēšanai (organiskās vielas, auglība, erozija, barības vielu akumulācija u.c.); fizikālie faktori (infiltrācija, augsnes struktūra, tilpums, blīvums utt.); ķīmiskie faktori (pH, ogleklis, nitrāts utt.), un bioloģiskie parametri (augšņu fermenti, mikroorganismi un to darbība utt.).

Barības vielu pieejamība un raža ir cieši saistīta ar augsnes bioloģisko komponentu daudzveidību un aktivitāti. Augsnes mikroorganismi piedalās praktiski visos procesos, kuri nosaka augsnes auglību. Tie sākotnēji noārda organisko substrātu, piedalās humifikācijā, nodrošina barības vielu pieejamību augiem un augsnes struktūras veidošanos. Mikroorganismu daudzveidība sarežģīti nosakāma, tomēr dažādu mikroorganismu grupu attiecības izmaiņas augsnē ir nozīmīgs rādītājs (Trasar-Cepeda et al., 2008).

Mikroorganismu raksturojums ir jutīgs indikators augsnes kvalitātes izmaiņām, un apvienojot augsnes mikrobioloģiskos rādītājus un novērtējumus ar citiem augsnes rādītājiem (fizikālie, ķīmiskie) var iegūt rezultātus un veikt augsnes kvalitātes novērtēšanu (Schloter et al. 2003).

Ja Doran, Zeiss (2000) citējot Oldeman (1994) raksta, ka pagājušā gadsimta deviņdesmitajos gados veicot augsnes inventarizāciju, nosakot augsnes produktivitāti, noskaidrots, ka cilvēka izraisītā augsnes degradācija sastādīja gandrīz 40% no visām pasaules lauksaimniecībā izmantojamām zemes platībām, un tā rezultātā ir notikusi augsnes erozija, ekstensīva augsnes apstrāde, pārganīšana, sasāļošanās un pārtuksnešošanās. Savukārt jau 2023. gada dati (https://environment.ec.europa.eu/topics/soil-and-land/soil-health_en) liecina, ka vairāk nekā 60% Eiropas augšņu ir neveselīgas, un augsnes vēl vairāk degradējas zemes neilgtspējīgas apsaimniekošanas, sablīvēšanas, piesārņojuma un pārmērīgas izmantošanas dēļ apvienojumā ar klimata pārmaiņu un ārkārtēju laika apstākļu ietekmi. Degradētas augsnes samazina tādu ekosistēmu pakalpojumu sniegšanu kā pārtika, barības vielu cikls, kaitēkļu apkarošana vai ūdens regulēšana. Šo būtisko augsnes ekosistēmu pakalpojumu zaudēšana ES izmaksā vismaz 50 miljardus EUR gadā.

ES 2023. gada 5. jūlijā ierosināja jaunu augsnes monitoringa likumu, lai aizsargātu un atjaunotu augsnes un nodrošinātu to ilgtspējīgu izmantošanu. Jaunā likuma mērķis ir novērst galvenos augsnes apdraudējumus ES, piemēram, eroziju, plūdus un zemes nogrūvumus, augsnes organisko vielu zudumu, sasāļošanos, piesārņojumu, sablīvēšanos, kā arī augsnes bioloģiskās daudzveidības zudumu.

Augsnes monitoringa likums nodrošinātu tiesisko regulējumu, lai tādējādi līdz 2050. gadam palīdzētu nodrošināt veselīgu augsni (https://environment.ec.europa.eu/topics/soil-and-land/soil-health_en). Nepieciešams:

- izveidot stingru un saskaņotu uzraudzības sistēmu visām augsnēm visā ES, lai visas dalībvalstis varētu veikt pasākumus degradēto augšņu atjaunošanai;
- padarīt par normu ilgtspējīgu augsnes apsaimniekošanu ES. Dalībvalstīm būtu jānosaka, kāda prakse būtu jāīsteno augsnes apsaimniekotājiem un kura darbība būtu jāaizliedz, jo tā izraisa augsnes degradāciju;
- pieprasīt dalībvalstīm apzināt potenciāli piesārņotās vietas, izpētīt šīs vietas un novērst nepieņemamus riskus cilvēku veselībai un videi, tādējādi līdz 2050. gadam veicinot beztoksisku un tīru vidi.

Saskaņā ar Apvienoto Nāciju Organizācijas Vides programmu (UNEP) augsnes veselība pēdējās desmitgadēs samazinās, un tā nelabvēlīgi ietekmē cilvēku veselību un nodrošinātību ar pārtiku, tāpēc augsnes veselības atjaunošana ir akūta nepieciešamība (Rebello et al., 2021).

Augsnes kvalitātes analīze ir ļoti sarežģīta dēļ daudziem faktoriem, kuri var veidot labu augsni (Smith and Doran, 1996). Karlen et al (2008) iesaka noteikt ūdens infiltrāciju, augsnes tilpummasu, augsnes iztvaikošanu, augsnes ūdensietilpību, ūdens aiztures kapacitāti, ar ūdeni pildītās poras, augsnes temperatūru, augsnes pH, elektrovadītspēju un augsnē esošos nitrātus.

Kādus parametrus noteikti vajadzētu izmantot, lai novērtētu augsnes kvalitāti?

Augsnes organiskās vielas ir viens no būtiskākajiem parametriem, kas būtu jānosaka, tāpēc ka organiskās vielas nodrošina bioloģiskās funkcijas, kas ir saistītas ar mikroorganismu, mikrofaunas, mezofaunas un makrofaunas dzīves labvēlīgiem apstākļiem, piemēram, sliekas; nodrošina ķīmiskās reakcijas (saistītas ar barības vielu apriti un piegādi augiem, jo īpaši, N, P un S); un fizikālās funkcijas (saistīts ar augsnes struktūru, blīvumu, ūdens noteci, kā arī gaisa ieplūdi, aizturi un transmisiju (Karlen et al., 2008). Augsnes organisko vielu statusu ietekmē apsaimniekošana, piemēram, augsnes apstrādes (aršanas) intensitāte un daudzveidība un kultūraugu atlieku apstrādes veids (menedžments) (Varvel, 1994).

Augsnes skābums pH ietekmē barības vielu pieejamību (piemēram, P un Zn), kā arī toksicitāti (piemēram, Al vai Mn) un trūkumu augos (piemēram, Mn, Fe un Zn), amonifikācijas un nitrifikācijas procesus, mikrobiālo vidi un augu sakņu augšanu un attīstību. Augsnes pH ir arī labs rādītājs apsaimniekošanas darbības ietekmei, piemēram, amonija mēslojuma izmantošanai, kalļkošanai un dzīvnieku kūtsmēslojuma iestrādāšanai.

Augam pieejamais P ir svarīgs augu augšanai un attīstībai, bet ir arī jākontrolē nodrošinājums augiem, lai tas neklūtu bīstams videi, ja notiek virsmas notece (Sharpley et al., 1996), kad tiek veikta pieejamā P bagātināšana lauksaimniecības zemes teritorijās, izmantojot mēslojumu un dzīvnieku kūtsmēslus, kā arī uzturot augsnes pH gandrīz neitrālu.

Elektrovadītspēja saistās ar augsnes sāļuma noteikšanu, bet tā var kalpot arī kā šķīstošo barības vielu katjonu un anjonu mērījums (Smith, Doran, 1996). Noteiktā diapazonā elektrovadītspēja var tikt izmantota, lai novērtētu augiem nepieciešamo barības elementu pieejamības statusu, kad var novērtēt vai augsne ir strukturāli nestabila un elementi viegli izkļiedžas, vai arī ir slikti augu augšanas apstākļi un augsnei ir sāļuma problēmas iespējamība.

Nitrāts-N ($\text{NO}_3\text{-N}$) atspoguļo atlikuma ietekmi no daudzām lauksaimnieciskām darbībām, kā, piemēram, augsekas maiņu, mēslošanas stratēģiju un dzīvnieku mēslu izmantošanu. Tas nodrošina potenciālo prognozi par izskalošanās iespējām no augsnes un tā nonākšanu gruntsūdeņos vai virszemes ūdeņos radot piesārņojumu, radot slāpekļa oksīdu (NO_x) noplūdes emisijas (Allan, Killorn, 1996; Rice et al., 1996). Bioloģiski pieejamais slāpekļis ir viens no svarīgākajiem pamatelementiem, lai nodrošinātu augu augšanu un izaugsmi lauksaimniecībā. Tajā pašā laikā vides piesārņošanā liela nozīme ir tādiem slāpekļa savienojumiem kā nitrāts, nitrīts vai N_2O . Tāpēc ir ļoti svarīgi sīkāk izprast galvenos procesus slāpekļa aprites ciklā, un rast risinājumu kā nodrošināt augstu ražību (produktivitāti) lauksaimniecībā, kas var sekmēt vides pasargāšanu no piesārņojuma (Schloter et al., 2003).

Mikrobiālās biomasas oglekļa rādītājs nodrošina bioloģiskās aktivitātes rādījumu augsnē. Tas atspoguļo barības vielu cikliskos procesus, kas ir būtiski, lai nodrošinātu kultūraugu augšanu. To var ietekmēt apstrādes (menedžmenta) plānojums ilgtermiņā, piemēram, augsnes apstrādes intensitāte, kultūraugu veids (viengadīgie, daudzgadīgie) un kultūraugu atlieku pārvaldības stratēģija (Karlen et al., 2008).

Augsnes tilpummasa tiek definēta kā sausās augsnes masa uz tilpuma vienību un tā ir svarīga, lai novērtētu augsnes kvalitāti. Augsnes tilpummasas izmaiņas, ko rada augsnes sablīvēšanās un poru tilpuma samazināšanās dēļ smagās tehnikas ietekmes īpaši palielināta mitruma apstākļos un veicot augsnes apstrādi vienā un tajā pašā dziļumā (Lipenīte, Kārklīņš, 2011) var ietekmēt augu sakņu attīstību, jo nelabvēlīgos apstākļos tiek samazināts augsnes apjoms, ko katrs augs var izmantot, lai apmierinātu savas vajadzības pēc ūdens un barības vielām (Karlen et al., 2008).

Ģenētiski modificētu (ĢM) kultūraugu komerciālai audzēšanai Eiropas Savienībā (ES) saskaņā ar ES tiesību aktiem ir jāizveido vispārēja uzraudzības sistēma, kurai būtu jāspēj atklāt ĢM kultūraugu nevēlamo vai negaidīto ietekmi uz vidi (Smit et al., 2012). Pamata virsuzraudzības mērķis ir augsnes kvalitāte, un ir būtiski, lai varētu atlasīt tādus parametrus, kurus var izmērīt un varētu veidot saikni starp visiem iegūtajiem faktiskajiem mērījumiem.

Visā pasaulē kultivēto ģenētiski modificēto (ĢM) kultūraugu platība ir krietni virs 100 miljoniem hektāru (James, 2009). un tā joprojām strauji pieaug arī mūsdienās. 2018. gada dati (<https://www.isaaa.org/resources/infographics/top5biotechcrops/default.asp>) par ĢMO audzēšanas platībām ir tādas, ka piecas visvairāk audzētās biotehnoloģijas kultūras pasaulē ir sekojošas: sojas pupas (95,9 miljonu ha), kukurūza (58,9 miljonu ha), kokvilna (24,9 miljonu ha), rapsis (10,1 miljonu ha) un lucerna (1,3 miljonu ha).

Direktīvā 2001/18/EK par ģenētiski modificētu organismu (ĢMO) izplatīšanos vidē ir jārealizē monitorings, lai noteiktu iespējamo kaitīgo ietekmi, tostarp kumulatīvo ilgtermiņa ietekmi, uzraudzībai pēc ĢMO laišanas tirgū. Šīs uzraudzības mērķis ir izsekot un identificēt jebkādu tiešu vai netiešu, tūlītēju, aizkavētu vai neparedzētu ietekmi uz cilvēku veselību vai vidi, lai vajadzības gadījumā nodrošinātu ātru rīcību (Toschki et al., 2015). Tāpēc direktīvā monitorings ir sadalīts divās galvenajās sastāvdaļās: konkrētam gadījumam raksturīgais monitorings un vispārējā uzraudzība, tādējādi veicot iespējamos riska novērojumus un novēršanu.

Lai novērtētu augsnes bioloģisko kvalitāti, taksoni ir jāizvēlas pēc šādiem kritērijiem:

- nozīmīga ekoloģiska funkcija ekosistēmā, trofiskā līmeņa reprezentativitāte
- cieša saistība ar minerālās augsnes daļu vai nobiru slāni
- pietiekama sugu daudzveidība starp dažādām vietām
- labas taksonomiskās un ekoloģijas zināšanas
- plaša izplatība
- eksistējošas standartizētas paraugu ņemšanas metodes
- datu pieejamība no eksistējošām monitoringa programmām

Ģenētiskās modifikācijas (ĢM) metožu attīstība ir radījusi milzīgu interesi uzlabot barības vielu izmantošanu, maksimāli palielināt barības vielu uzņemšanu un saglabāt augsni ilgtspējīgas lauksaimniecības veicināšanā. Jānodrošina tādas ĢMO izmantošanas stratēģijas,

kuru mērķis ir veicināt augsnes saglabāšanu, maksimāli palielināt barības vielu uzņemšanu un uzlabot barības vielu izmantošanu lauksaimniecībā, uzsverot barības vielu būtisko nozīmi ilgtspējīgā lauksaimniecībā (Mmbando, Ngongolo, 2024), kā arī augsnes veselības (Rebello et al., 2021; Tariku, 2023) un bioloģisko daudzveidību un lauksaimniecības sistēmu noturību (Tariku, 2023). Jāizmanto tādas ĢMO stratēģijas kā barības vielu uzņemšanas efektivitātes uzlabošana, izmantojot uzlabotas sakņu sistēmas un uzlabotus barības vielu transportēšanas mehānismus augos (Mmbando, Ngongolo, 2024). Autori uzsver, ka iespējamo šķēršļu, piemēram, ētisku un reglamentējošu problēmu, novēršana ir nepieciešama, lai ģenētiski modificētu tehnoloģiju izmantošana ilgtermiņā palielinātu lauksaimniecības ražību.

No pozitīvās puses, ĢMO izmantošana ir veicinājusi palielinātu kultūraugu ražu, samazinātu pesticīdu lietošanu un zemākas izmaksas zemniekiem (Tariku, 2023), turklāt ĢMO izmantošana atvērusi jaunas tirgus iespējas un eksportēšanas iespējas, kas rada lielākus ienākumus lauksaimniekiem.

Viena no galvenajām monitoringa metodēm ir jābūt lauksaimnieku anketēšanai, lai iegūtu datus par augsnes monitoringa raksturlielumiem. Tā kā lauksaimniecības teritorijās ir tādi būtiski faktori kā, piemēram, augsnes īpašības, audzēšanas metodes vai vides faktori, kas var ietekmēt novērotās augsnes īpašības, tad to vajadzētu ņemt vērā pie anketēšanas (Bertho et al., 2020).

Mandal et al. (2020) raksta, ka ĢM kultūraugi var ietekmēt barības vielu apriti rizosfēras augsnes zonā; ĢM kultūras nelabvēlīgi neietekmē augsnes mikrobioloģiskos procesus; gēnu pārneses risks no ĢM kultūrām uz nemērķa organismiem ir visai minimāls; nepietiekami ilgtermiņa eksperimentālie dati ierobežo izpratni par ĢM kultūraugu ietekmi.

Ģenētiski modificētie (ĢM) kultūraugi jau tiek audzēti 25 gadus, un ir pienācis laiks pārskatīt, vai šī tehnoloģija pasaules mērogā ir devusi gaidītos ieguvumus un vai esošās debates par riskiem ir pamatotas. Paredzamie ieguvumi, kas saistīti ar ĢM, ir ražas pieaugums, samazināta pesticīdu un insekticīdu lietošana, samazināta oglekļa dioksīda emisija, uzlabota augsnes struktūra, uzlabota kultūraugu barības vielu kvalitāte/vērtība un samazinātas ražošanas izmaksas. Tomēr iespējamās bažas koncentrējas uz pārtikas nekaitīgumu, kas saistīts ar toksicitāti un alergenitāti, ar iespējamajiem vides riskiem, kas saistīti ar gēnu plūsmas iespējām, ar nelabvēlīgām ietekmēm uz nemērķa organismiem, ar rezistences attīstību nezālēs un kukaiņos, kā arī ģenētiskas perturbācijas rezultāts, kas varētu izraisīt neparedzētas jaunas

slimības vai arī rezistenci pret antibiotikām (Caradus 2023). Tomēr kopumā ĢM kultūraugi ir kā vērtīgs risinājums, lai uzlabotu ekonomiskos un vides rezultātus.

Ekonomiskie ieguvumi

Tiek lēsts, ka ekonomiskie ieguvumi no ĢM kultūraugiem laika posmā no 1996. līdz 2016. gadam kopumā bija tuvu aptuveni 200 miljardiem ASV dolāru, kas deva labumu līdz pat 17 miljoniem lauksaimnieku, no kuriem 95% bija no jaunattīstības valstīm (ISAAA 2018).

Uzlabota produktivitāte un ražas rādītāji

Perspektīvā būtu jādomā, kā vairāk ražot no pašreizējām aramzemēm un ganībām, lai tālāk neiznīcinātu mežus un mitrājus (Folberth et al., 2020).

Kopš 1996. gada ģenētiski modificētu sojas pupu, kukurūzas, rapša un kokvilnas kultūru raža pasaulē ir palielinājusies salīdzinājumā ar līdzvērtīgām ģenētiski nemodificētām kultūrām. ĢM herbicīdu-toleranti kultūraugi nodrošina ērtāku nezāļu kontroli un ir arī ĢM kultūraugi, kas ir toleranti pret kukaiņiem, tādējādi vairumā valstu var tikt uzlabotas kukurūzas un kokvilnas raža. Vidējais ražas pieaugums jaunattīstības valstīs svārstās no 16% pret kukaiņiem izturīgai kukurūzai līdz 30% pret kukaiņiem izturīgai kokvilnai, un 85% ražas pieaugums novērots pētījumā par herbicīdiem izturīgu kukurūzu (Caradus 2023).

Kultūraugu apsaimniekošana

Pret herbicīdiem noturīgu ĢM kultūru izmantošana ir lauksaimnieku primārais ieguvums, nodrošinot iespēju uzlabot saimniekošanas ērtumu. Piemēram, audzējot pret herbicīdiem izturīgas ĢM sojas pupiņas, tiek izmantota “no-līdz” pārvaldības sistēma, kuras rezultātā samazinās enerģijas patēriņš un ievērojami samazinās aktīvo ķīmisko vielu izmantošana sojas pupiņu kultūrā (piemēram, ASV laika posmā no 1996. līdz 2006. gadam katru gadu ir samazinājies par aptuveni 27 000 tonnām gadā) (Livermore and Turner 2009).

Samazināta augsnes apstrāde

Uzskata, ka samazināta augsnes apstrāde pozitīvi var ietekmēt augsnes mikrobiomu un augsnes struktūru, kā rezultātā mazāk tiek sajaukti augsnes virskārtas horizonti, kā arī tiks saglabāts un netiks izmainīts augsnes cilmiezis, kas nodrošina augsnes īpašības un augsnes tālāku veidošanos (Hussain et al., 2021).

Aprēķināts, ka ĢM kultūraugu izmantošanas dēļ no augsnēm laika periodā no 1996. līdz 2018. gadam netika izdalīti aptuveni 302 miljoni tonnu CO₂ (t. i., vidēji 14 miljoni tonnu CO₂ gadā) (Brukss, Barfoot, 2020).

Pētījumā, kurā tika pārbaudītas izmaiņas herbicīdu izmantošanā saistībā ar ĢM rapšu audzēšanu Rietumkanādā, salīdzinot 1995. un 2006. gadu, tika konstatēts, ka izmantojot ĢM rapšu audzēšanu 64% ražotāju tagad izmanto nulles vai minimālo augsnes apstrādi kā savu vēlamo kultūraugu un augsnes apsaimniekošanas veidu (Smyth et al., 2011).

Kopumā ASV augsnes apstrādes dati rāda, ka vairāk nekā 65% no glifosātu rezistentām kukurūzas, 70% no glifosātu rezistentām kokvilnas un 50% no glifosātu rezistentām sojas pupu platībām saņēma minimālu augsnes apstrādi (Dill et al., 2008). Protams, augsnes apstrāde daļēji tiek izmantota atsevišķiem mērķiem, piemēram, jau sākot no sēklas iesēšanas, bedrīšu un vagu sagatavošanas līdz pat sākotnējai nezāļu apkarošanai (Caradus, 2023).

Ģenētiski modificēti organismi (ĢMO) var katalizēt noārdīšanās procesus, un ĢMO var sekmēt augsnes biosanācijas procesus (Rebello et al., 2021).

Bioinženierijas ceļā iegūtie mikroorganismi var tikt izmantoti augsnes veselības atjaunošanā, noārdot dažādas piesārņojošas vielas. ĢMO izmantošana vides aizsardzībā var ietekmēt parasto mikroorganismu sabiedrību augsnē. Tā kā augsnes veselība atsaucas arī uz dabisko organismu potenciālu izdzīvot, iespējamas arī izmaiņas dabiskajā mikroorganismu sabiedrībā līdz ar ĢMO ieviešanu. Ņemot vērā ievērojamos augsnes veselības zudumu rādītājus, augsnes veselības atjaunošana būtu jāpaātrina, tādējādi jāapvieno ĢMO, augu augšanu veicinošas baktērijas un citus augsnes uzlabošanas pasākumus, lai nodrošinātu efektīvu risinājumu augsnes labāko īpašību atjaunošanu (Rebello et al., 2021).

Valsts augu aizsardzības dienests (VAAD) ir nacionālā statistikas iestāde, kura, veicot augu aizsardzības līdzekļu (AAL) izplatītāju pilnu apsekojumu par izplatītajiem AAL apjomiem, nodrošina oficiālo statistiku par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem. VAAD 2018. gada 12. decembrī parakstīja statistikas iestāžu Saprašanās memorandu par sadarbību Oficiālās statistikas sistēmas Kvalitātes politikas ieviešanā. Pamatojoties uz Eiropas Parlamenta un Padomes Regulu (EK) Nr. 1185/2009 (2009. gada 25. novembris), dalībvalstis apkopo un līdz 30. decembrim iesniedz Eiropas Savienības Statistikas birojam (Eurostat) datus par iepriekšējā kalendāra gadā lietotajiem izplatītajiem AAL darbīgo vielu apjomiem. *Eurostat* apkopo

dalībvalstu sniegtos datus un publicē oficiālo statistiku (<https://www.vaad.gov.lv/lv/augu-aizsardzibas-lidzeklu-statistika>).

Kopumā plašāk izplatītākā AAL lietošanas kategorija ir herbicīdi. Visvairāk lietotājam izplatīto herbicīdu darbīgā viela ir glifosāts, kuru saturošos vispārējus sistēmas iedarbības herbicīdus lieto nezāļu ierobežošanai pirms kultūrauga sējas vai pēc ražas novākšanas, lai ierobežotu daudzgadīgās viendīgļlapju un divdīgļlapju nezāles, kuras selektīvie herbicīdi kultūraugu sējumos un stādījumos nevar ierobežot. Vēl glifosātu saturošus herbicīdus lieto, lai aizaugušas platības pārvērstu par lauksaimniecībā izmantojamām zemēm.

Saskaņā ar "Eurostat" datiem no aplūkotajām Eiropas Savienības dalībvalstīm straujākais pesticīdu tirdzniecības pieaugums bijis Latvijā, kur laika posmā no 2011. līdz 2021. gadam pesticīdu pārdošana augusi par 85%. 2021. gadā Eiropas Savienības valstīs kopumā pārdotas 355 175 tonnas pesticīdu, kas ir par 2,7% vairāk nekā 2020. gadā. "Eurostat" vēsta, ka dati salīdzinājumā ar 2011. gadu pieejami par 16 valstīm, no kurām 11 valstīs pesticīdu pārdošanas apjoms 2021. gadā bijis mazāks nekā pirms desmit gadiem. <https://www.lsm.lv/raksts/zinas/ekonomika/23.05.2023-eurostat-dati-latvija-verojams-straujukais-pesticidu-tirdzniecibas-pieaugums.a509830/>

Latvija ar 85% pieaugumu ir izņēmums, tāpat kā Austrija, kur reģistrēts pieaugums par 68%. Pesticīdu pārdošana desmit gadu laikā visvairāk sarukusi Čehijā (par 36%), Dānijā (35%), Portugālē (32%), Itālijā (29%) un Rumānijā (27%). Valsts augu aizsardzības dienesta amatpersonas iepriekš skaidrojušas, ka pesticīdu izmantošanas pieaugumam Latvijā ir vairāki cēloņi. Pirmkārt, Latvijas lauksaimnieki sākuši no salīdzinoši zemas bāzes, tādēļ arī pieaugums ir straujāks. Otrkārt, Latvijā palielinās lauksaimniecībā izmantojamās zemes platība. Treškārt, pesticīdus izmanto ne tikai lauksaimniecībā, bet arī mežsaimniecībā cīņai pret kaitēkļiem. Eiropas Savienības pasludinātais "zaļais kurss" paredz līdz 2030. gadam par 50% samazināt pesticīdu lietošanu, bet šīs idejas saskārušās ar spēcīgu lauksaimnieku lobija pretestību.

AAL darbīgo vielu apjoma pieaugums skaidrojams ar to, ka:

1. klimatisko apstākļu maiņa ir mainījusi ziemošanas paradumus gan kultūraugiem, gan nezālēm, kas veicina vairāk herbicīdu lietošanu jau rudenī, lai var ierobežot daudzgadīgās nezāles;

2. Latvijas teritorijā lauksaimniecībā izmantojamās zemes platības palielinās, apgūstot kultūraugu audzēšanai līdz šim lauksaimniecībā neizmantotās platības.
3. Minimālās augsnes apstrādes (bezaršanas metode, kas samazina siltumnīcas efekta gāzu (SEG) emisiju nonākšanu atmosfērā) ieviešana rada nepieciešamību lietot herbicīdus, kā arī augu atlieku saglabāšanās augsnes virskārtā sekmē slimību ierosinātāju saglabāšanos un veicina slimību attīstīšanos, tādejādi pieaug vajadzība lietot fungicīdus un insekticīdus.
4. Aizvien plašāk tiek audzētas intensīvas ražīgas šķirnes, kuru prasības pēc mēslojuma un AAL ir ļoti augstas. Tas izskaidrojams ar to, ka, balstoties uz pēdējos gados salīdzinoši siltajām ziemām un veiksmīgu ziemāju labību un ziemas rapša pārziemošanu, Latvijas skarbāko klimatisko reģionu graudaudzētāji vairāk sākuši audzēt minētās šķirnes.

Direktīvas 2009/128/EK, ar kuru nosaka Kopienas sistēmu pesticīdu ilgtspējīgas lietošanas nodrošināšanai, mērķis ir samazināt riskus un ietekmi, ko AAL lietošana rada cilvēka veselībai un videi un, lai samazinātu atkarību no AAL lietošanas, veicināt integrētās augu aizsardzības un alternatīvu pieeju vai paņēmienu izmantošanu.

Salīdzinot ar citām ES dalībvalstīm, Latvijā kopš 2011. gada par 8% ir palielinājusies lauksaimniecībā izmantojamās zemes platība un par 14% aramzemes platība. Līdz ar to palielinājusies arī izmantoto augu aizsardzības līdzekļu apjoms, jo, lai ar krūmiem vai ilggadīgajām nezālēm aizaugušu platību sagatavotu lauksaimnieciskai darbībai, siltumnīcefekta gāzu emisiju un izmaksu ziņā visekonomiskāk ir to paveikt, izmantojot augu aizsardzības līdzekļus. Vēl viens pieaugumu ietekmējošs faktors ir tas, ka klimata pārmaiņu rezultātā veģetācijas sezona kļūst garāka un Latvijā mainās lauksaimniecības prakse un sējumu struktūra.

Herbicīdu adsorbcija augsnes koloīdos notiek dēļ lādiņi saistības starp uz augsnes koloīdu virsmām un herbicīda molekulas. Vairumā gadījumu adsorbcijas lādiņi ir salīdzinoši vāji, un tādejādi process ir atgriezenisks. Procesa reakcijas rezultātā tiek sasniegts līdzsvars starp to herbicīda daudzumu, kas saistīts ar augsnes koloīdiem, un to, kas atrodas augsnes šķīdumā. Saistītā un brīvā herbicīda attiecību var ietekmēt vairāki faktori, tostarp herbicīda ķīmiskās

īpašības, augsnes īpašības un ūdens daudzums augsnē. Herbicīdi ir aktīvāki ir tādos apstākļos, kad tiek veicināta pārvietošanās uz augsnes šķīdumu.

Ātra herbicīdu izskalošanās var izraisīt divas problēmas: 1) tā kā lielākā daļa nezāļu dīgst augsnes virskārtā, pārvietošanās dziļāk ir neefektīva nezāļu apkarošanai; un 2) ātra izskalošanās var izraisīt herbicīda nonākšanu gruntsūdeņos. Lielākā daļa herbicīdu, kas tiek uzklāti uz augsnes virsmas, paliek augsnes pašā virskārtā (aramkārtā).

Faktori, kas ietekmē augsnē lietoto herbicīdu darbību

Vairāki augsnes faktori ietekmē herbicīdu pieejamību augiem. Viens svarīgs faktors ir augsnes katjonu apmaiņas kapacitāte (KAK). KAK ir augsnē esošo adsorbcijas vietu daudzuma apjoms, un tā pamatā galvenokārt ir māla un organisko vielu saturs. Palielinoties KAK, vairāk herbicīdu saistās ar augsnes koloīdiem un mazāk ir pieejams augsnes šķīdumā. Šī iemesla dēļ ieteicamais pielietojamo herbicīdu apjoms var būt atkarīgs no augsnes tipa. Palielinot herbicīdu daudzumu augsnēs ar augstu KAK, herbicīda koncentrācija šķīdumā var būt toksiskā koncentrācijā.

Augsnes pH var būtiski ietekmēt daudzu herbicīdu adsorbciju. Kad pH pazeminās zem 7 (skābi apstākļi), šķīdumā atrodamo ūdeņraža jonu koncentrācija palielinās. Daudzi herbicīdi var iekļaut ūdeņraža jonus savā molekulārajā struktūrā, tādējādi mainot herbicīda molekulas lādiņu. Ja augsnes pH ir zemāks par 7, atrazīns var uzņemt ūdeņraža jonus no augsnes šķīduma, izraisot atrazīna pozitīvu lādiņu. Atrazīna molekulas pozitīvais lādiņš skābos apstākļos palielina saikni starp herbicīda molekulu un negatīvi lādētiem augsnes koloīdiem. Ja augsnes pH ir virs 7, lielākā daļa atrazīna saglabā neitrālu lādiņu, un tādējādi herbicīds nav tik cieši adsorbēts un augiem ir vairāk pieejams. Lielāka atrazīna noturība pie augsta pH ir saistīta ar to, ka herbicīds ir jutīgāks pret noārdīšanos, kad tas ir saistīts ar augsnes koloīdiem, nekā tad, ja tas atrodas šķīdumā brīvā formā. Tas ir iemesls, kāpēc atrazīna pārvešana ir lielāka problēma teritorijās ar augstu augsnes pH līmeni. Vairāku sulfonilurīnvielas (sulfonilurea) herbicīdu adsorbciju un noturību spēcīgi ietekmē augsnes pH.

Augsnes mitrumam ir divas svarīgas lomas herbicīdu darbībā. Pirmkārt, herbicīda daudzums šķīdumā ir tieši saistīts ar augsnes mitruma saturu. Augsnēm izžūstot, herbicīdiem augsnē pieejamās "vietas" daudzums samazinās, līdz ar to sausās augsnēs ir mazāk "brīvo" herbicīdu. Sausos apstākļos augi tiek pakļauti mazākai herbicīdu iedarbībai, un tāpēc tiem ir

mazāka iespēja absorbēt toksisko herbicīdu koncentrāciju. Nezāļu kontroles neveiksmes bieži rodas gados, kad augsnes mitrums ir ierobežots dažu pirmo nedēļu laikā pēc stādīšanas pieejamā herbicīda samazināšanās dēļ. Kad augsnes mitrums tiek papildināts, herbicīds desorbējas no koloīdiem un atkal nonāks augsnes šķīdumā. Herbicīdi, kas tiek viegli pārvietoti ksilemā un aktīvi lapās (fotosintēzes un pigmenta inhibitori), var kontrolēt nezāles vai traumēt kultūru īsi pēc nokrišņiem, jo herbicīds nonāk šķīdumā, kur tos var absorbēt augi. Šis process ir labi novērojams ar balinošiem herbicīdiem Command un Balance.

Faktori, kas ietekmē herbicīda pieejamību augsnē, noteiks to, cik efektīva būs šo herbicīdu iedarbība. Tāpēc izpratne par herbicīdu uzvedību augsnē ir noderīga, lai diagnosticētu darbības ietekmes problēmas uz lauka. Herbicīdu ķīmisko īpašību atšķirības ir salīdzinoši nelielas, un tāpēc augsnes veids un vide vairāk ietekmēs herbicīdu veikspējas ietekmi nekā konkrētais izmantotais herbicīds.

Augsnes paraugu ķīmiskā analizēšana

Vispirms ievāktos augsnes paraugus ir nepieciešams izžāvēt istabas temperatūrā, līdz tie ir pilnībā sausi, un pēc tam augsnes sausus paraugus ir nepieciešams izsijāt caur 2 mm sietu, lai tādējādi atdalītu augsni no mehāniskajiem piemaisījumiem, piemēram, augu saknes, akmeņi u.c. frakcijas, kuras nav nepieciešams izmantot pie augsnes analizēšanas.

Augsnes pH tiek noteikts destilētā ūdenī (aktīvais) un 1M kālija hlorīdā (aktīvais un apmaiņas) (Food and Agriculture, 2021), apmaiņas katjonu Ca^{2+} , Mg^{2+} , K^{+} , Mn^{2+} , Al^{3+} , Fe^{2+} noteikšanai izmanto standarta ISO11260:20218 detalizēto aprakstu, metālus (As, Fe, Cd, Hg, Pb, Cr, Co, Ni, Cu, Zn, Se, Sb, kā arī Mg, Ca, K) nosaka ar slapjās dedzināšanas metodi (Patnaik, 1997), slāpekļa un oglekļa noteikšanai tiek izmantota sausā dedzināšanas metode elementu analizatorā EuroVector EuroEA, aktīvā fosfora noteikšanai jāizmanto Mehlich 3 metode (Mehlich, 1984), organisko vielu noteikšanā izmanto sausās dedzināšanas metodi (Heiri et al., 2001).

SECINĀJUMI:

1. Augsnes kvalitāti var novērtēt gan veicot augsnes morfoloģiskos novērojumus, ko var veikt uz vietas aplūkojot augsnes īpašības (augšņu horizontu biezumu, sablīvējumu, ūdeņu uzkrāšanos), gan arī veicot organisko vielu analizēšanu.

2. Organiskās vielas ir svarīgākais augsnes kvalitātes rādītājs, jo samazinoties organisko vielu daudzumam, samazināsies augsnē esošo vielu saistīšanās spējas, palielināsies barības vielu izskalošanās pakāpe, būtiski palielināsies piesārņojuma riska pakāpe, izmainīsies augsnes fizikālās un ķīmiskās īpašības, izmainīsies mikrobioloģiskie procesi augsnē.
3. Analizēt nepieciešams: varu (Cu), svinu (Pb), cinku (Zn), niķeli (Ni), arsēnu (As), kadmiju (Cd), hromu (Cr), dzīvsudrabu (Hg), naftas produktus, poliaromātiskos ogļūdeņražus (PAH) un polihlorbifenilus (PCB), jo šiem elementiem ir augsnes kvalitātes normatīvi, kurus nedrīkst pārsniegt, uzsākot jebkuru jaunu darbību, kas rada piesārņojumu, un tie 2005. gadā ir izdoti kā "Noteikumi par augsnes un grunts kvalitātes normatīviem" (Noteikumi nr. 804).
4. Papildus būtu nepieciešams noteikt ūdens infiltrāciju, augsnes tilpummasu, augsnes blīvumu, augsnes iztvaikošanu, augsnes ūdens ietilpību, ūdens aiztures kapacitāti, ar ūdeni pildītās poras, augsnes struktūru, augsnes temperatūru, augsnes pH, elektrovadītspēju, organiskās vielas, katjonu apmaiņas kapacitāti un augsnē esošos nitrātus.
5. Mikroorganismi ir jutīgs indikators, novērtējot augsnes kvalitātes izmaiņas, jo mikrobioloģiskajai aktivitātei ir svarīga loma bioģeoķīmiskajos ciklos. Mikrobu aktivitātes tiek regulētas dēļ barības vielu apjoma un pieejamības, kā arī dēļ temperatūras, skābekļa un ūdens pieejamības un piegādes.
6. Svarīgi ir noskaidrot teritorijas izmantošanas vēsturi, pašreizējo stāvokli un potenciālu, lai varētu izmantot augsnes kvalitātes novērtēšanu kā svarīgu instrumentu, un sekojoši varētu noskaidrot augsnes fizikālo, ķīmisko un bioloģisko ietekmi uz augsni un tuvējām ūdenstilpnēm, ko rada lauksaimnieciskā darbība.
7. Svarīgi ir noteikt faktorus (katjonu apmaiņas kapacitāte, pH, augsnes mitrums), kas ietekmē herbicīdu pieejamību augsnē, un tas noteiks to, cik efektīva būs herbicīdu iedarbība, un tā kā ķīmisko īpašību atšķirības starp dažādiem herbicīdiem ir salīdzinoši nelielas, tad augsnes veids un vide vairāk ietekmēs herbicīdu veiktspēju nekā konkrētais izmantojamais herbicīds.
8. Paredzamie ieguvumi, kas saistīti ar ĢM, ir ražas pieaugums, samazināta pesticīdu un insekticīdu lietošana, samazināta oglekļa dioksīda emisija, uzlabota augsnes struktūra, uzlabota kultūraugu barības vielu kvalitāte un samazinātas ražošanas izmaksas.

9. ĢM kultūraugi var ietekmēt barības vielu apriti rīzsfēras augsnes zonā; ĢM kultūras nelabvēlīgi neietekmē augsnes mikrobioloģiskos procesus; ģēnu pārnese risks no ĢM kultūrām uz nemērķa organismiem ir visai minimāls; nepietiekami ilgtermiņa eksperimentālie dati ierobežo izpratni par ĢM kultūraugu ietekmi.
10. Iespējamās bažas ir par pārtikas nekaitīgumu, kas saistīts ar toksicitāti un alergenitāti, ar iespējamajiem vides riskiem, kas saistīti ar ģēnu plūsmas iespējām, ar nelabvēlīgām ietekmēm uz nemērķa organismiem, ar rezistences attīstību nezālēs un kukaiņos, kā arī ģenētiskas perturbācijas rezultāts, kas varētu izraisīt neparedzētas jaunas slimības vai arī rezistenci pret antibiotikām.
11. Kopējie ieguvumi: ekonomiskie ieguvumi, uzlabota produktivitāte un ražas rādītāji, kultūraugu apsaimniekošana un samazināta augsnes apstrāde.

Literatūras saraksts

1. Bertho L., Schmidt K., Schmidtke J., Brants I., Fernández Cantón R., Novillo C., Head G. 2020. Results from ten years of post-market environmental monitoring of genetically modified MON 810 maize in the European Union. Published: April 24, 2020.
2. Brookes G, Barfoot P. 2020. Environmental impacts of genetically modified (GM) crop use 1996–2018: impacts on pesticide use and carbon emissions. *GM Crops & Food*. 11:215–241.
3. Curtis TP, Sloan WT, Scannell JW. 2002. Estimating prokaryotic diversity and its limits. *Proc Natl Acad Sci USA* 99:10494–10499
4. Dill GM, CaJacob CA, Padgett SR. 2008. Glyphosate-resistant crops: adoption, use and future considerations. *Pest Manage Sci: formerly Pesticide Sci*. 64:326–331. doi:10.1002/ps.1501.
5. Folberth C, Khabarov N, Balkovič J, Skalský R, Visconti P, Ciais P, Janssens IA, Peñuelas J, Obersteiner M. 2020. The global cropland-sparing potential of high-yield farming. *Nat Sustain*. 3:281–289.
6. Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2021. Standard operating procedure for soil pH determination, 8 – 10.

7. Heiri O., Lotter A. F., Lemcke G. 2001. *Loss on ignitions as a method for estimating organic and carbonate content in sediments: reproducibility and comparability of results*, Volume 25, 101 – 110.
8. Hussain S, Hussain S, Guo R, Sarwar M, Ren X, Krstic D, Aslam Z, Zulifqar U, Rauf A, Hano C, El-Esawi MA. 2021. Carbon sequestration to avoid soil degradation: a Review on the role of conservation tillage. *Plants* 2021, 10(10), 2001.
9. ISAAA. 2018. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2018. Biotech crops continue to help meet the challenges of increased population and climate change. ISAAA Brief 54. Ithaca (NY): International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications. [accessed 2022 May 28].
<https://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/54/download/isaaa-brief-54-2018.pdf>.
10. ISO 11260:20218. Soil quality — Determination of effective cation exchange capacity and base saturation level using barium chloride solution. International standard. Second edition 2018-05.
11. Karlen D.L., Andrews S.S., Wienhold B.J., Zobeck T.M. 2008. Soil Quality Assessment: Past, Present and Future. Publications from USDA-ARS / UNL Faculty. 1203. J. Integr. Biosci. 6(1):3-14 <https://digitalcommons.unl.edu/usdaarsfacpub/1203>
12. Livermore M, Turner R. 2009. GM soybean cropping in the USA – a review. *Outlooks Pest Manag.* 20:135–136.
<https://docserver.ingentaconnect.com/deliver/connect/resinf/17431026/v20n3/s12.pdf?expires=1655411944&id=0000&titleid=75002301&checksum=BAA8945B20A80F2E5477728481C54B57&host=https://www.ingentaconnect.com>.
13. Mandal A., Sarkar B., Owens G., Thakur J.K., Manna M.C., Niazi N.K., Jayaraman S., Patra A.K. 2020. Impact of genetically modified crops on rhizosphere microorganisms and processes: A review focusing on Bt cotton. Applied Soil Ecology, Volume 148, April 2020, 103492
14. Mehlich, A. 1984. Mehlich three soil test extractant: A modification of the Mehlich two extractant. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 15, 1409 – 1416.
15. Mmbando G.S., Ngongolo K. 2024. The recent genetic modification techniques for improve soil conservation, nutrient uptake and utilization. 15, 1: 233–247.

16. Ortiz A., Sansinenea E. 2022. The Role of Beneficial Microorganisms in Soil Quality and Plant Health. *Sustainability*, 14, 5358.
17. Patnaik P. 1997. *Handbook of Environmental Analysis*. Boca Raton FL, CRC Press. 584 p.
18. Rebello S., Nathan V.K., Sindhu R., Binod P., Awasthi M.K., Pandey A. 2021. Bioengineered microbes for soil health restoration: present status and future. *Bioengineered*, 12(2):12839-12853.
19. Schloter M., Dilly O., Munch J.C. 2003. Indicators for evaluating soil quality. *Agriculture, Ecosystems & Environment*. 98, 1-3: 255-262.
20. Sharpley, A., T.C. Daniel, J.T. Sims, and D.M. Pote. 1996. Determining environmentally sound soil phosphorus levels. *J. Soil Water Conserv.* 51:160-166.
21. Smit E., Bakker P.A.H.M., Bergmans H., Bloem J., Griffiths B.S., Rutgers M., Sanvido O., Singh B.K., van Veen H., Wilhelm R., Glandorf D.C.M. 2012. General Surveillance of the soil ecosystem: An approach to monitoring unexpected adverse effects of GMO's. 14, 1: 107-113.
22. Smith, J.L., J.W. Doran. 1996. Measurement and use of pH and electrical conductivity for soil quality analysis. Pp 169-185. In: J.W. Doran and A.J. Jones (eds.) *Methods for assessing soil quality*. SSSA Special Publication No. 49, Soil Science Society of America, Inc., Madison, WI.
23. Smyth S, Gusta M, Belcher K, Phillips P, Castle D. 2011. Changes in herbicide use after adoption of HR Canola in Western Canada. *Weed Technol.* 25:492–500. doi:10.1614/WT-D-10-00164.1.
24. Soil Science Society of America (SSSA). 1997. *Glossary of Soil Science Terms 1996*. Soil Science Society of America Inc., Madison WI. 139 p.
25. Tariku A. 2023. Global economic impacts of genetically modified organisms (GMOs) - A review Vol 05 No 4, p 37-47/37.
26. <https://www.vaad.gov.lv/lv/augu-aizsardzibas-lidzeklu-statistika>
27. <https://www.isaaa.org/resources/infographics/top5biotechcrops/default.asp>
28. https://environment.ec.europa.eu/topics/soil-and-land/soil-health_en

2.2. Augsnes izmaiņu indikatoru monitorings

Sagatavoja Dr. biol. Guntis Tabors

Plaši izplatīta pesticīdu lietošana ir galvenais avots, kas piesārņo ūdeni, augsni un gaisu, veicina bioloģiskās daudzveidības samazināšanos un izraisa kaitēkļu rezistenci. Ķīmisko pesticīdu iedarbība uz cilvēkiem ir saistīta ar hroniskām slimībām, piemēram, vēzi, un sirds, elpošanas un neiroloģiskām slimībām.

No 2011. līdz 2020. gadam pesticīdu pārdošanas apjomi ES-27 dalībvalstīs saglabājās relatīvi stabili — aptuveni 350 000 tonnu gadā. 2020. gadā 22 % no visām monitoringa vietām upēs un ezeros visā Eiropā viens vai vairāki pesticīdi tika konstatēti virs robežvērtībām, kas rada bažas (risku cilvēku veselībai). Runājot par augsnes piesārņojumu, 2019. gada pētījumā 83 % no pārbaudītās lauksaimniecības augsnes satur pesticīdu atliekas. Pesticīdu piesārņojums ir viens no galvenajiem bioloģiskās daudzveidības zuduma cēloņiem Eiropā. Cilvēki galvenokārt ir pakļauti pesticīdu iedarbībai ar uzturu, tostarp pārtiku un dzeramo ūdeni, kā arī pavadot laiku vietās, kur tiek izmantoti pesticīdi, bet lauksaimniecības darbinieki tiek pakļauti pesticīdu ietekmei darba vietā (Eiropas Vides aģentūra; Publicēts 14.09.2023 Pēdējās izmaiņas 14.09.2023).

2020. gadā Eiropas Komisijas stratēģijā “No lauka līdz galdam” tika prezentēti divi pesticīdu lietošanas samazināšanas mērķi: par 50 % samazināt ķīmisko pesticīdu lietošanu un risku un par 50 % samazināt bīstamāko pesticīdu lietošanu. Stratēģija ir būtiska daļa no Eiropas Zaļā kursa, un tās mērķis ir padarīt Eiropas pārtikas sistēmas taisnīgas, veselīgas un ilgtspējīgas. Lai samazinātu atkarību no ķīmiskajiem pesticīdiem un saglabātu nodrošinātību ar pārtiku, būs ļoti svarīgi arī veicināt pāreju uz alternatīviem lauksaimniecības modeļiem, kuros lauksaimnieciskajā ražošanā piemēro ekoloģiskas koncepcijas un principus, norādīts Eiropas Vides aģentūras informatīvajā ziņojumā.

Augsnē esošo dzīvo organismu un augsnes veselības novērtējumi un uzraudzības monitorings var tikt izmantots, lai veicinātu un attīstītu ilgtspējīgākas un produktīvākas lauksaimniecības sistēmas. Kopējais mikrobu skaits ir kvalitatīvs izmaiņu rādītājs, kas parādās pēc apstrādes ar herbicīdiem. Tādējādi vienmēr ir bažas par to kā herbicīdu lietošanas ietekme var ietekmēt augsnes veselību.

Bieži vien pētījumu rezultātos parādās lielas atšķirības par herbicīdu ietekmi un to apjomu uz augsnes organismiem. Dažkārt ietekme var būt īslaicīgi pārejoša līdz nomācošai, no neinhibējošas vai dažkārt līdz pat stimulējošai iedarbībai. Herbicīdu ietekme var atšķirties atkarībā no augsnes veida, attiecīgā herbicīda un tā devas, kā arī no sugas jutības. Nav novērotas smagas negatīvas ietekmes uz augsnes floru, augsnes bioķīmiskajiem rādītājiem un augsnes faunu, lietojot ieteicamo herbicīdu devu lauka apstākļos (Barman, Varshney 2008). Tomēr lielākoties pieejamā informācija tiek balstīta uz īstermiņa eksperimentos iegūtiem datiem un tādēļ ir nepieciešams izveidot pilnvērtīgu datu bāzi, kas balstās uz ilgtermiņa herbicīdu izmantošanu lauka apstākļos.

Skaidrs, ka nezāļu apkarošanai lauksaimniecības izmantojamās zemēs strauji tiek izmantotas ķīmiskās metodes, jo tas nodrošina dažādas priekšrocības: laiks, darbaspēks un izmaksas. Herbicīdi zemnieku laukos nonāca daudz vēlāk nekā insekticīdi un fungicīdi, taču to patēriņš pasaulē jau ir pārsniedzis jebkuru citu pesticīdu patēriņa apjomus. Kopumā varētu teikt, ka herbicīdu ietekmi uz augsnes mikrobu sabiedrībām un nozīmīgām augsnes funkcijām ir nenozīmīga, ja vien tos izmanto ieteicamajās devās, kuras drīkst lietot uz lauka.

Bunemann et al. (2006) pētījumā tika pārskatīti visi lauksaimniecībā izmantojamie ieguldījumi, un tādējādi varēja gūt priekšstatu par atšķirībām starp visiem pesticīdiem herbicīdiem ir vismazākā ietekme uz augsnes organismiem, savukārt insekticīdu un fungicīdu negatīvā ietekme ir daudz biežāka un izteiktāka.

Rapšu (*Brassica napus*) GT73 līnija tika izstrādāta, izmantojot īpašu ģenētisku modifikāciju, lai tā būtu izturīga pret glifosātu saturošiem herbicīdiem.

Modificētā rapšu līnija ļauj lauksaimniekiem nezāļu apkarošanai rapšu audzēšanā izmantot glifosātu saturošus herbicīdus, piemēram, Roundup®.

Lauksaimniecībā lauksaimnieki nezāļu apkarošanai izmanto dažādus herbicīdus kombinācijā ar augsnes apstrādi. Konvencionālajā lauksaimniecībā ir atšķirīgas herbicīdu aktīvo vielu normas, izsmidzināšanas biežums un to kombinācijas ar nezāļu lielumu un nezāļu sugām (Owen, 1998; Senior and Dale, 2002), kā arī ar kultūraugu sugām un augsnes tipu (Groef et al., 2007).

Augsnes apstrādes fiziskā ietekme ir acīmredzama. Tiek izjaukti augsnes minerālie materiāli, izjaukta augsnes struktūra, tiek apraktas kultūraugu atliekas, un augsne tiek atstāta

neaizsargāta. Augsnes apstrāde var pat pasliktināt pesticīdu iedarbību, “pastiprināts kontakts starp pesticīdiem un nitrificējošiem mikroorganismiem uzartā augsnē palielina ekotoksikoloģiskās ietekmes iespējamību” (Jensen et al. 2014).

Salīdzinot augsnes apstrādi ar herbicīdiem, Carter et al. (2007) atklāja, ka glifosāta ietekme uz augsnes bioloģiskajām īpašībām 3 gadu kartupeļu rotācijā bija periodiska, nekonsekventa un uzskatāma par ekoloģiski nenožīmīgu, salīdzinot ar augsnes apstrādes lielāku ietekmi uz augsnes struktūru (ziņots Rose et al. 2016).

Tātad, herbicīds vai augsnes apstrāde? Herbicīdi ļauj uzturēt augsnes virskārtu aizsargpārklājumu, pasargājot augsni no erozijas, saglabājot augsnes struktūru un mikrobu dzīvotni. Augsnes apstrāde to visu iznīcina. Ja augsnes aizsardzība ir pirmā prasība, lai uzturētu lauksaimniecisko ražošanu, tad neapšaubāmi augsnes apstrāde nav mūsu pirmā izvēle, ja ir pieejami citi, mazāk kaitīgi instrumenti, piemēram, herbicīdi. Kompromisi starp herbicīdu lietošanu un augsnes apstrādi dod priekšroku herbicīdiem.

Plašāk audzē tikai četras ĢM herbicīdu izturīgās (tolerantās) augu sugas, kas ir izturīgas pret glifosātu: kukurūza (*Zea mays*), kokvilna (*Gossypium hirsutum*), sojas pupas (*Glycine max*) un eļļas rapsis vai rapsis, un pēdējā no tām aptver 5 % no visas pasaules biotehnoloģiju jomas.

Uzlabota nezāļu apkarošana, izmantojot herbicīdu toleranto eļļas rapsi, daudzi agronomiskie aspekti ir pierādīti vairākās publikācijās (Westwood, 1997; Hommel and Pallutt, 2000; Bohan et al., 2005). Bet attiecībā uz paredzamo prakses izmaiņām, kādas tad ir lauksaimnieku īpašās cerības? Apkopojums, ko veica Schuette et al. (2004) ir šāds: vienkāršota nezāļu kontrole > nezāļu apkarošanas efektivitāte > herbicīdu izmaksu samazināšana > augsnes apstrādes samazināšana > lielāka raža > nezāļu ierobežošanas laiks > samazināts herbicīdu lietošanas biežums.

Vissvarīgākā ir nezāļu apkarošanas vienkāršība un efektivitāte, kam seko samazinātas herbicīdu izmaksas un zemas augsnes apstrādes potenciāls. Herbicīdu lietošanas laika maiņa var izraisīt palielinātu herbicīdu novirzi, noplūdi uz laukiem, kas nav herbicīdiem paredzētie lauki, un agrovidē, ja, piemēram, pēc dīgšanas, dienas vai vēlākas sezonas lietošana sakrīt ar lielāku vēja ātrumu.

Lielā nelabvēlīgā novirze var rasties, veicot herbicīdu smidzināšanu no gaisa (lidmašīnas). Jāizvairās no herbicīdu lietošanas sausos vai zema līmeņa inversijas apstākļos un

īpaši uzmanīgiem jābūt pie atklātiem ūdeņiem. Herbicīdu tolerantais eļļas rapsis nodrošina efektīvāku nezāļu kontroli, kā rezultātā samazinās ziedaugu skaits, kas nodrošina barību un dzīvotni dažādiem nemērķa un labvēlīgiem organismiem. Izmaiņas agroekosistēmā attiecas uz lietošanas laiku un veidu, izkliedēšanas normām, miglošanas biežumu un herbicīdu kombinācijām, augsnes apstrādes sistēmu, rotācijas sistēmu. Ķīmiskā struktūra, darbības veids un ierobežots glifosāta metabolisms augos, kā arī augsnes noturības trūkums, atlikušās aktivitātes trūkums, tiek ņemta vērā augu ierobežotā uzņemšana no augsnes (Böger 1994), un tiek ņemts vērā tā lietošanas veids kā iemeslus, kāpēc rezistences pret glifosātu attīstība var attīstīties diezgan lēni. Saimniecības lielums, augsnes apstrādes sistēma, augsne, nezāļu pārpilnība un operatoru izglītība arī noteikti ietekmē ražas un neto ienākumu rezultātus.

Kā zināms, tad lauksaimniecība ir primārais pārtikas avots, tomēr mūsdienīgā, intensīvā lauksaimniecība kopumā ir kā apgrūtinājums videi, kā rezultātā tiek piesārņots dzeramais ūdens, notiek augsnes degradācija, erozija un samazinās bioloģiskā daudzveidība (Frison et al. 2011). Kopumā pasaulē ĢM kultūraugu attīstība vairojusi bažas sabiedrībā arī attiecībā uz augsnes ekosistēmu ilgtspēju. ĢM augi var ietekmēt lauksaimniecību un to dabiskās ekosistēmas, tomēr jāuzsver, ka lielākā daļa izvirzīto jautājumu vienlīdz attiecas arī uz jaunu šķirņu un jaunu kultūraugu ieviešanu (gan ĢM, gan ģenētiski nemodificēti kultūraugi) un ar tiem saistītās izmaiņas lauksaimniecības praksē, piemēram, mehanizācija, aršanas režīmi, stādīšanas laiki, kā arī kaitēkļu apkarošana (Lilley et al., 2006).

Augi ir vieni no galvenajiem augsnes ekosistēmas veidotājiem, kas savukārt nodrošina citu augu augšanu, regulē ūdens kvalitāti un daudzumu, barības vielu ciklu, oglekļa apriti un organisko vielu sadalīšanos. Zināms, ka ir cieša saikne starp augiem un augsnes ekosistēmu funkcijām, un iespējams, ka ar ĢM augu saistītām izmaiņām var ietekmēt kultūraugus, un sekojoši agronomiskā darbība var ietekmēt augsnes sistēmas. Augsnes vidē ir ļoti daudzveidīgs dzīvo organismu spektrs, piemēram, no mikrobiālās komponentes dominē baktērijas, sēnes, vienšūņi un nematodes. Augus un mikroorganismus ļoti ietekmē augsne, un otrādi. Augi ietekmē augsni caur rizosfēru, augu nobirām, ūdeni, gāzēm un barības vielu apmaiņu.

Augsnes bioloģiskā aktivitāte ir viens no būtiskākajiem augsnes kvalitāti raksturojošajiem parametriem. Augsnes kvalitātes izmaiņas ir nozīmīgas ne tikai, lai

nodrošinātu kvalitatīvu un ilgtspējīgu lauksaimniecisko ražošanu, bet arī saglabātu vides (ūdens, atmosfēras) kvalitāti (Dubova u.c., 2013).

Augsnē esošās bioloģiskās sabiedrības aktivitātei un daudzveidībai ir zināma saistība ar lauksaimnieciskās darbības ietekmi, tostarp augu sugu maiņa (O'Donnell et al., 2001), ūdens stress (Griffiths et al., 2003), mēslošana (Webster et al., 2002), lauka apsaimniekošana (Clegg et al., 2003), augsnes apstrāde (Feng et al., 2003), sēnīšu slimība (McSpadden Gardener, Weller, 2001), augi un lauku apsaimniekošana (da Silva, Nahas, 2002), zālāju uzlabošana (Grayston et al., 2004), nitrifikācija (Wheatley et al., 2003) un augsnes apstrādes dziļums (Fierer et al., 2003). Tāpēc paredzams, ka ĢM kultūrām būs zināma ietekme uz augsni, un izaicinājums ir formulēt reālistiskos kritērijus, lai novērtētu un veiktu monitoringu šo ģenētiski modificēto augu ietekmei uz augsnes sabiedrībām.

Lielākajai daļai ĢM augu ir nosakāma ietekme uz augsnes sistēmu, kas tomēr ir relatīvi neliela salīdzinājumā ar atšķirībām starp šķirnēm vai to saistību ar laika apstākļiem un sezonālītāti. Augsnes sistēma var mainīties, pat, ja ir novākti ĢM augi, tomēr bieži vien daudzi augsnes parametri ātri vien tiek atgriezti iepriekšējā stāvoklī un šie augsnes parametri atbilst augsnes kontroles parametriem. Taksonomiskie bioloģiskās daudzveidības zudumi, kas novēroti lauka monitoringā, iespējams, izmainās tikai kā relatīvais skaits dažādu grupu sabiedrībās. Regulāra paraugu ņemšana ir ļoti svarīga, jo izmaiņas augu un augsnes dzīvnieku sabiedrības struktūrās visas sezonas un augu attīstības laikā piešķir papildu sarežģītības pakāpi, tomēr daudzas no šīm ietekmēm ir atkarīgas no augu un augsnes dzīvnieku sabiedrības rakstura visas sezonas garumā.

Pamatojoties uz individuālu monitoringa pieeju, tiek noteikti īpaši monitoringa uzraudzības mērķi, kuriem ir skaidri definēti bojājumi, tomēr trūkst monitoringa aktivitātes, kas ir saistītas ar ekosistēmas bojājumu konceptu.

Monitoringā ir jāfokussējas tikai uz tādiem organismiem, kuru aktivitātes rezultātā, iespējams, zūd kāda konkrēta augsnes funkcija, kā rezultātā rada jebkādu negatīvu ietekmi uz augsnes ekosistēmu. Indikators organismus izvēlas pēc to agronomiskās atbilstības, ekoloģiskās nozīmības un atbildes reakcijas uz dažādiem vides traucējumiem, kā arī pēc pārbaudes metožu reālās pieejamības iespējām. Dažkārt varētu būt arī tā, ka lauka apstākļos audzētām ĢM kultūrām nav bijusi tik liela ietekme uz augsni, kas izraisītu nozīmīgas dažādu organismu zudumus vai to nopietnu samazināšanos.

Indikatoru izmantošanai ir nepieciešama plaša analīze par ietekmi uz augsnes mikrobiālo un faunistisko sabiedrību, lai uzlabotu jutīgumu un precizitāti un, kas ir svarīgi, uzlabot neparedzamo, neprognozējamo ietekmi. Lai veiktu šādu novērtēšanas monitoringu, nepieciešams kombinēt dažāda veida izmaiņas, piemēram, biomasas monitoringu, mikroorganismu un faunas sabiedrības aktivitāti un daudzveidību, lai uzlabotu jebkura veida ietekmes konstatēšanu (Lilley et al., 2006). Faunistisko grupu izmantošanai kā par augsnes kvalitātes indikatoriem (rādītājiem) un ir nepieciešams izvēlēties tādus organismus, kas ir dominējošie un sastopami visos augsnes tipos, ir liela to pārpilnība un liela bioloģiskā daudzveidība, un svarīga nozīme augsnes funkcionēšanā, ieskaitot, barības ķēdēs (Schloter et al., 2003).

Nav vienkāršas korelācijas starp augu produktivitāti un augsnes mikrobioloģisko biomasas lielumu. Mikrobioloģiskās biomasas svārstības nav sensitīvs indikators (rādītājs) jebkuram ĢM kultūraugam, lai gan konsekventa ilgtermiņa lejupslīde varētu liecināt par būtiskām izmaiņām. Plēsēji var samazināt augsnes baktēriju skaitu, tādējādi padarot grūti izmantojamu baktēriju skaitu vai biomasu, lai novērtētu ĢM augu tiešo ietekmi.

Arī augsnes faunas populācijas daudzpusīgā ietekme uz augiem, lai palielinātu augu produktivitāti, var ierobežot to izmantošanu kā ĢM augu ietekmes uz vidi rādītājiem. Augsnes baktēriju, sēnīšu un faunas populācijas lielums un aktivitāte ir sarežģīti izskaidrojami, jo to darbības process ir ļoti komplicēts, un līdz ar to varētu būt visai neprecīzs ekosistēmas kopējais novērtējums. Tomēr neskatoties uz to, ka minēto augsnes organismu izmantošana ir populāra, jo parāda pamata bāzes ekoloģiskos datus un jebkuras izmaiņas augsnes vidē, salīdzinot ar kontroles vietām, var uzrādīt svarīgas ietekmes un izmaiņas.

Bioloģiskās daudzveidības nozīme augsnes ekosistēmas funkcionēšanā dažkārt var būt pretrunīga, jo sugu daudzveidības un to funkciju attiecības var tikt ietekmētas. Daudzveidība attiecas gan uz augsnē esošajām sugām, gan uz sugu sabiedrības struktūrām. Tas ir būtisks aspekts, novērtējot augu ietekmi uz augsnes ekosistēmu kopumā, un būtu jānošķir novērtēšanas ietekme uz augsnes daudzveidību (organismu daudzums, kas ir augsnē) un ietekme uz kādu no augsnes funkcijām (kas notiek augsnē): augsnes bioloģiskās daudzveidības samazināšanās ne vienmēr var izraisīt augsnes funkciju samazināšanos. Pat ja bioloģiskā daudzveidība var netikt uzskatīta par svarīgu faktoru, tomēr ir vajadzīgs kaut kāds minimālais sugu skaits, lai varētu nodrošināt augsnes sistēmas funkcionēšanu. Salīdzinājumā ar augsnēm,

kuras ir stabilas apstākļos, vairāk traucētām augsnēm ir nepieciešams lielāks sugu skaits, lai uzturētu un saglabātu augsnes pamatfunkcijas. Augsnes funkcijas, ko nodrošina vairākas sugas, ir izturīgākas pret dažādu apstākļu izmaiņām nekā tās augsnes funkcijas, ko nodrošina tikai viena vai divas sugas. Tāpēc augsnes ekosistēmas noturība ir vēl viena augsnes īpašība, kas saistīta ar daudzveidību, un uzskata par vērtīgu faktoru, kas būtu jāsaglabā.

Viena problēma ir tā, ka metodes varētu būt pārāk jutīgas un katra augu šķirne varētu izraisīt atšķirīgu reakcijas ietekmi uz augsnes bioloģisko daudzveidību, kas dažkārt varētu pārspīlēt jebkādu izmaiņu vispārējo nozīmi, piemēram, salīdzinot ĢM augus ar vecāku līnijām, ko ir grūti novērtēt.

Lauksaimniekiem pastāvīgi būtu jāuzrauga un jākontrolē savā saimniecībā esošā augsne, novērtējot barības vielu daudzumu, pH, struktūru (ūdens akumulēšanos un sablīvējumu), un funkcijas (augu atlieku sadalīšanās pakāpi, vai ir problēmas ar kaitēkļiem un patogēniem). Šie praktiskie novērojumi var tikt saistīti plašākiem augsnes kvalitātes jautājumiem un nodrošināt virkni praktiski izmantojamus rādītājus, kas saistīti ar būtiskiem papildus pakalpojumiem un perspektīvu augsnes izmantošanu. Svarīgi ir veikt ilgtermiņa novērojumus, ievākt datus par jebkurām izmaiņām, lai novērstu nelabvēlīgos ietekmes uz augsni riskus. Lietderīgi ir regulāri uzraudzīt augsnes kvalitāti un izvērtēt ekosistēmu pakalpojumu sniegšanas iespējamību, un pievēršot uzmanību uz lauksaimniecības praksi kopumā. Lauksaimniekiem nepieciešams aizpildīt anketu, kura tika izstrādāta, lai iegūtu datus par dažādiem monitoringam nepieciešamajiem raksturlielumiem, jo lauksaimniecībā ir vairāki faktori (piemēram, augsnes īpašības, audzēšanas metodes, vides faktori), kuri var ietekmēt augsnes kontrolējamās īpašības (Bertho et al., 2020).

Ģenētiski modificētie organismi (ĢMO) ir iezīmējuši būtisku pavērsienu mūsdienu lauksaimniecībā, veicinot ģenētiskās inženierijas jaudas demonstrēšanu kultūraugu ražas palielināšanā (Haris et al., 2023). Viens no būtiskākajiem iemesliem, lai akceptētu ĢMO izmantošanu, ir to potenciāls veicināt lauksaimniecības produktivitāti. Visā pasaulē palielinoties iedzīvotāju skaitam, samazinoties aramzemēm un mainoties klimatiskiem apstākļiem, tiek apsolīts palielināt ražu, uzlabot kultūraugu rezistenci pret kaitēkļiem un slimībām, un arī toleranci pret abiotisko stresu, veicinot ĢMO piedāvātos taustāmos risinājumus šīm problēmām (Razzaq et al., 2021).

Bez tam arī novērota klimata pārmaiņu ietekme uz lauksaimniecību, tostarp temperatūras un nokrišņu modeļu izmaiņām, paaugstināts ekstrēmo laika apstākļu biežums un apjoms, kā arī jūras līmeņa celšanās, kas noved pie paaugstināta piekrastē esošo lauksaimniecības zemju sāluma, kas rada ievērojamas problēmas un izaicinājumus pasaulei nodrošināt ar pārtiku (Haris et al., 2023). Šajā kontekstā ĢMO piedāvā daudzsološu risinājumu attīstot kultūraugus, kas spēj labāk izturēt un pielāgoties šādu apstākļu izmaiņām. Sausumizturīgi vai karstumizturīgi kultūraugi varētu saglabāt vai pat palielināt ražu pie sliktākiem augšanas apstākļiem, tādējādi mazinot klimata pārmaiņu ietekmi uz pārtikas ražošanas apjomiem.

ĢMO ir kā daļa globālās lauksaimniecības ainavas sastāvdaļa kopš 1990. gadu sākuma. Šobrīd globāli pasaulē ĢMO audzē apmēram 190 miljonus hektāru platībā, kas ir aptuveni 13% no pasaules kopējā lauksaimniecībā izmantojamām zemes platībām. Lielākā daļa ĢMO kultūraugu tiek audzēti piecās valstīs - ASV, Brazīlijā, Argentīnā, Kanādā un Indijā. ĢMO galvenokārt tiek audzēti atsevišķu ieguvumu dēļ, piemēram, paaugstinātas raža, samazinātas lauksaimniecības izmaksas un uzlabota kultūraugu kvalitāte (Khalid, Abdullah, et al., 2021).

ĢMO komercializācija primāri ir centrēta uz kultūraugiem, ņemot vērā globālo nepieciešamību neatliekami uzlabot pārtikas ražošanu un uzlabot lauksaimniecisko izturību.

Galvenās audzējamās ģenētiski modificētās kultūras ir sojas pupas, kukurūzu, kokvilna un rapsis, ar sekojošām noteiktām visizplatītākām īpašībām kā, piemēram, tolerance pret herbicīdiem, kukaiņu rezistence un uzlabota barības vielu uzņemšana. Pret herbicīdiem noturīgas kultūras, jo īpaši sojas pupas un kukurūza ir lielākais ĢMO kultūraugu segments. Šie kultūraugi ir konstruēti tā, lai tie izturētu specifiskus herbicīdus, kā arī, lai vienkāršotu nezāļu apsaimniekošanu un uzlabotu ražu, tādējādi samazinot konkurenci par resursiem (Haris et al., 2023). Pret herbicīdiem izturīgi kultūraugi, nodrošinot efektīvāku nezāļu kontroli, samazina konkurenci par tādiem resursiem kā gaisma, ūdens un barības vielas, tādējādi uzlabojot kultūraugu ražību. Līdzīgi ir pret kukaiņiem noturīgas kultūras, kas var samazināt ražas zudumus kaitēkļu postījumu dēļ (SHAH et al., 2023). Pret kukaiņiem (kaitēkļiem) noturīgas kultūras, galvenokārt Bt kukurūza un Bt kokvilna, satur *Bacillus thuringiensis* baktērijas gēnu, kas rada (producē) specifiskiem kukaiņiem toksisku proteīnu. Šiem kultūraugiem ir potenciāls samazināt pesticīdu pielietojumu un palielināt ražu (Razzaq et al., 2021; Zafar et al., 2020; BABAR et al., 2022). Mazāka daļa ĢMO kultūraugu ir bijuši izstrādāti, lai uzlabotu barības vielu

uzņemšanu un saturu augos, piemēram, Zelta rīsi, kas bagātināti ar beta karotīnu un kas cīnās ar A vitamīna deficītu. Šiem kultūraugiem ir potenciāls novērst nepietiekamu uzturu pasaulē, tomēr tās saskarsies arī ar regulējuma šķēršļiem un sabiedrības akcepta jautājumiem (Bhutta et al., 2023).

Tomēr ĢMO izmantošana neiztiek arī bez domstarpībām. Kritiķi apgalvo, ka šo organismu ilgtermiņa ietekme uz vidi un veselību joprojām ir vāji izprasta un ieviestās regulas ir nepietiekamas. Bieži tiek paustas bažas par gēnu plūsmas potenciālu uz nemērķa sugām, kā rezultātā samazinās bioloģiskā daudzveidība, kā arī par iespējām radīt jaunus alergēnus vai toksīnus (Haris et al., 2023).

Ģenētiski modificēto augu ietekmes uz vidi monitorings būtu jāuzskata par nozīmīgu vides sastāvdaļas monitoringu, kas būtu nepieciešams realizēt, lai novērtētu zemes izmantošanas un apsaimniekošanas ietekmi uz bioloģisko daudzveidību un vidi ES valstīs. Lai noteiktu, kuras cilvēku aktivitātes ir saistītas ar ietekmi uz vidi, Eiropas Pārtikas nekaitīguma iestādes ĢMO ekspertu grupa iesaka pilnībā integrēt visas attiecīgos vides monitoringus, lai tādējādi varētu apkopot datus par visiem nozīmīgākajiem lauksaimniecības un zemes izmantošanas ietekmes faktoriem (piemēram, pesticīdiem) un tie pilnībā tiktu analizēti un salīdzināti. Vides monitoringa saskaņošana un sinhronizācija atvieglotu analīzi un monitoringa ziņojumu interpretāciju, un varētu nodrošināt nopietnu zinātnisku pamatu zemes izmantošanas atbalstam un vides politikai (EFSA Journal 2014;12(11):3883 - EFSA 2014).

Ģenētiski modificētu organismu (ĢMO) apzināta izplatīšana dabā nozīmētu iespējamu ietekmi uz vidi, kas var būt vai nu negaidīta, vai tikai daļēji paredzama, tādēļ ir nepieciešamība atbilstoša uzraudzība (Zughart et al., 2013).

Piesārņojuma kontrolei jau ir pieejamas un plaši izmantotas augsnes saglabāšanas vai kaitēkļu apkarošanas standarta monitoringa metodes, savukārt ģenētiski modificēto organismu nelabvēlīgās ietekmes uz vidi monitoringam šādas standartizācijas nav (Berhorn et al., 2005).

ĢMO ietekme var notikt visdažādākajos ekoloģiskos līmeņos, piemēram, organismos, biocenozēs, ekosistēmās vai ainavās, un var parādīties dažādās vidēs (gaisā, augsnē un ūdenī), turklāt ietekme var nebūt ierobežota ne laikā, ne telpā, un esošā ietekme var būt gan tieša, gan netieša, kas var notikt tūlīt vai pēc ilgāka ĢMO izplatīšanas sākuma. Dažkārt vienlaikus

vienā un tajā pašā teritorijā var rasties kombinēta ietekme, piemēram no diviem augiem, kas norāda uz to, ka ir nepieciešams realizēt tādu uzraudzības stratēģiju, kas nodrošinātu abu augu uzraudzības pieeju, kurā tiktu ņemti vērā konkrēti vides cēloņi savstarpējām attiecībām, kā arī nodrošinātu kompleksos vides novērojumus (Züghart et al., 2008). Jebkurā gadījumā katram no ĢM augiem monitoringa pieeja būs atšķirīga, jo metodoloģija galvenokārt ietvers nozaru monitoringa mērķa un metodoloģijas kopumu, lai attiecīgi papildinātu viens otru atkarībā no pētāmās augu sugas, paredzamā pielietojuma un vides, kurā augs atradīsies. Iespējamie cēloņi un sekas un to formulēšana, kas izriet no vides riska novērtējuma, biodrošības pētījumu rezultātiem, kā arī no esošajām zināšanām par ekoloģiju un ekosistēmu teoriju, būs galvenais instruments, lai noteiktu konkrēto ĢM augu iespējamo nelabvēlīgo ietekmi un varētu noteikt attiecīgos monitoringa mērķus (BfN et al., 2011).

Standarta noteikšanas process, jo īpaši, ja ir sabiedrības tieša līdzdalība apspriešanas procesa posmā, garantē augstu pārredzamības un akceptēšanas pakāpi. Standartizācijas rezultātus parasti atzīst par mūsdienīgiem, ja ar juridisko noteikumu īstenošanu ar tiem var iepazīties un varētu sniegt papildus norādījumus. Tādējādi ir iespējams ievērojami novērtēt un līdz ar to paaugstināt piedāvājumu kvalitāti monitoringa programmām un ekspertu ziņojumiem, nodrošinot lietotājam tiesisko ticamību un nodrošināt pieejamo datu salīdzināmību (Zughart et al., 2013).

Svarīgi tomēr ir atzīmēt, ka ražas ieguvumi no ĢMO var būtiski atšķirties atkarībā no vietējiem audzēšanas apstākļiem un specifiskās kultūras (Haris et al., 2023). Klimata pārmaiņu ietekmei kļūstot arvien būtiskākai, svarīgi ir audzēt tādus kultūraugus, kas spēj izturēt tādus abiotiskus stresus kā sausumu, sāļumu un ekstremālas temperatūras un tam nākotnē būs arvien lielāka nozīme. Šajā ziņā ĢMO varētu būt daudzsološa nozīme (Haris et al., 2023). Ģenētiski modificētu organismu ietekme uz vidi ir visai sarežģīti nosakāma. Kamēr viņi saglabā būtisku ieguvuma potenciālu, piemēram, samazināta pesticīdu lietošana un uzlabota zemes izmantošanas efektivitāte, tas tomēr nāk arī ar riskiem. Iespējamā ietekme uz bioloģisko daudzveidību, iespējamā gēnu nodošana savvaļas radniekiem un pesticīdu lietošanas modeļu maiņa ir ļoti svarīgi apsvērumi, izvērtējot ĢMO ietekmi uz vidi (Haris et al., 2023).

Ir paustas bažas, ka kultivējot ĢMO audzēšanu, īpaši monokultūras, var negatīvi ietekmēt bioloģisko daudzveidību. Tas varētu rasties caur vairākiem mehānismiem, piemēram, tādiem kā ĢM pazīmju pārņemšana uz savvaļas radnieciskām kultūrām vai

modificēto ģeņi ietekme uz nemērķa kultūrām, piemēram, no Bt kultūrām toksicitāte pāriet līdz nemērķa kukaiņiem. Tomēr ĢMO ietekme uz bioloģisko daudzveidību ir sarežģīts komplekss jautājums un lielā mērā ir atkarīgs no konkrētās ĢM pazīmes, kultūras un vides konteksta. Daži ĢMO potenciāli varētu dot labumu bioloģiskajai daudzveidībai, samazinot nepieciešamību lietot ķīmiskos pesticīdus vai uzlabot zemes izmantošanas efektivitāti, tādējādi samazinot spiedienu dabiskos biotopus pārvērst par lauksaimniecības zemēm. Lai izprastu visas šīs ietekmes ir nepieciešama plaša ekoloģiskā izpēte un monitorings (Dolezel et al., 2018). Ģeņu plūsma, ģeņu pārnese no vienas populācijas uz otru ir dabisks process. Tomēr, runājot par ĢMO, ir bažas par to, ka ģenētiski modificētas iezīmes varētu pāriet uz savvaļas radnieciskām sugām, radot "supernezāles" vai negatīvi ietekmējot vietējo floru (Haris et al., 2023).

Viens no visvairāk argumentētajiem ĢMO ieguvumiem ir to potenciāls, lai nevajadzētu daudz izmantot ķīmiskos pesticīdus. Tādas kultūras kā Bt kukurūza vai kokvilna var saražot savu insekticīdu, tādējādi samazinot nepieciešamību pēc ķīmiskā pielietojuma, savukārt pret herbicīdiem izturīgie kultūraugi ļauj efektīvāk veikt nezāļu apkarošanu, potenciāli samazinot kopējo herbicīdu lietošanu. Pesticīdu ietekmi uz vidi nenosaka tikai izmantošanas apjoms. Būtiska nozīme ir arī pesticīda toksiskumam un noārdīšanās ātrumam, tā ietekmei uz nemērķa sugām un tā lietošanas metodei.

Kamēr bieži tiek runāts par ĢMO iespējām palielināt lauksaimniecības produktivitāti un paaugstināt uztura (barības vielu vērtību) saturu, bažas par ĢMO drošību ir bijis kā centrālais aspekts plašākām debatēm par ĢMO. Šīs bažas parasti ir par divām kategorijām: iespējamā ietekme uz cilvēku veselību un ietekme uz vidi (Gaskell et al., 2010). Ar ĢMO saistītās bažas par cilvēku veselību ietver: iespējamo alergenitāti, toksicitāti un uztura atšķirību salīdzinājumā ar tradicionālajiem kultūraugiem. Alergenitāte attiecībā uz ĢM kultūraugu potenciālu ir tāda, ka tā varētu izraisīt alerģiskas reakcijas tikai dažiem indivīdiem, tomēr potenciālā alergenitāte ir kā galvenais apsvēruma ĢMO drošuma novērtējumā (Prescott et al., 2005).

Pieaugot ĢM augu tirdzniecības apjomam un palielinoties lielākām to audzētām platībām, to bioloģiskā drošība attiecībā uz augsnes mikroorganismiem ir kļuvusi par strīdīgu jautājumu. Ietekme uz augsnes mikroorganismu daudzveidību un bagātību ir būtiska, novērtējot ĢM augu bioloģiskās drošības riskus (Guan et al., 2016).

Augsnes mikroorganismu sabiedrības daudzveidību un bagātības izmaiņas ir svarīgs rādītājs, novērtējot ĢM augu bioloģiskās drošības riskus (Wolfenbarger and Phifer, 2000 no Guan et al., 2016).

Herbicīdu ietekmes uz dabisko vidi noteikšana ir būtiska, lai nodrošinātu ilgtspējīgu lauksaimniecības praksi. Augsnes mikroorganismu izdalītā oglekļa dioksīda daudzums (augsnes elpošana) ir viens no svarīgākajiem līdz šim zināmajiem augsnēs veselības rādītājiem. Galvenie augsnēs CO₂ emisiju avoti ir sakņu elpošana un augsnēs mikroorganismu izraisītā organisko vielu noārdīšanās. Augsnēs mikrobu aktivitāte galvenokārt ir atkarīga no augsnēs īpašībām, tostarp augsnēs temperatūras, organisko vielu un augsnēs mitruma satura. CO₂ producēšana pakāpeniski var samazināties, palielinoties herbicīdu devām (Rastogi et al., 2002).

Iespējams, ka bioloģiskās daudzveidības veicināšana neizslēdz turpmāku biotehnoloģisko ieguldījumu, tomēr iespējams, ka arī biotehnoloģijas veicināšana varētu apdraudēt bioloģiskās daudzveidības resursus nākotnē. Viena stratēģija dod priekšroku ģenētiski modificētu kultūraugu izmantošanai, bet cita stratēģija vērsta uz lauksaimniecības bioloģisko daudzveidību (Jacobsen et al., 2013). Jebkurā gadījumā bioloģiskā daudzveidība ir kā obligāta prasība labvēlīgiem ekoloģiskajiem rezultātiem, un lauksaimniecības zemēs bioloģiskā daudzveidība ir būtiska iezīme, novērtējot lauksaimniecības prakses ilgtspējību (Schütte et al., 2017).

Augsnēs mikrobioloģiskais un bioķīmiskais indikators (rādītājs) ir samērā vienkāršs augsnēs kvalitātes noteikšanas rādītājs. Būtiski ir novērtēt abiotiskās un biotiskās augsnēs īpašības un procesus kā augsnēs indikatorus ekosistēmās (Schloter et al., 2003).

Pētījumiem jābūt prioritāri vēršoties uz ĢMO ilgtermiņa ietekmes novērtēšanu uz veselību un uz vidi. Tas ir būtiski, lai izpētītu iespējamās ar veselību saistītās riskus ilgtermiņā patērējot ĢMO un lai saprastu kā ĢMO audzēšana laika gaitā ietekmē ekosistēmas (Haris et al., 2023).

SECINĀJUMI:

1. Regulāra augsnēs paraugu ņemšana ir ļoti svarīga, jo izmaiņas augu un augsnēs dzīvnieku sabiedrības struktūrās visas sezonas un augu attīstības laikā piešķir papildu sarežģītības pakāpi, tomēr daudzas no šīm ietekmēm ir atkarīgas no augu un augsnēs

dzīvnieku sabiedrības rakstura visas sezonas garumā. Pamatojoties uz individuālu monitoringa pieeju, tiek noteikti īpaši monitoringa uzraudzības mērķi, kuriem ir skaidri definēti bojājumi, tomēr trūkst monitoringa aktivitātes, kas ir saistītas ar ekosistēmas bojājumu konceptu. Tāpēc ir nepieciešams kombinēt dažāda veida izmaiņas, piemēram, biomasas monitoringu, mikroorganismu un faunas sabiedrības aktivitāti un daudzveidību, lai uzlabotu jebkura veida ietekmes konstatēšanu.

2. Faunistisko grupu izmantošanai kā par augsnes kvalitātes indikatoriem ir nepieciešams izvēlēties tādus organismus, kas ir dominējošie un sastopami visos augsnes tipos, ir liela to pārpilnība un liela bioloģiskā daudzveidība, un svarīga nozīme augsnes funkcionēšanā, ieskaitot, barības ķēdēs.
3. Augsnes mikrobioloģiskais un bioķīmiskais indikators (rādītājs) ir samērā vienkāršs augsnes kvalitātes noteikšanas rādītājs, un būtiski ir novērtēt abiotiskās un biotiskās augsnes īpašības un procesus kā augsnes indikatorus ekosistēmās.
4. Augsnes funkcijas, ko nodrošina vairākas sugas, ir izturīgākas pret dažādu apstākļu izmaiņām nekā tās augsnes funkcijas, kuras nodrošina tikai viena vai divas sugas. Tāpēc augsnes ekosistēmas noturība ir vēl viena augsnes īpašība, kas saistīta ar bioloģisko daudzveidību, un uzskata par vērtīgu faktoru, kas būtu jāsaglabā.
5. Visā pasaulē palielinoties iedzīvotāju skaitam, samazinoties aramzemēm un mainoties klimatiskiem apstākļiem, tiek apsoltis palielināt ražu, uzlabot kultūraugu rezistenci pret kaitēkļiem un slimībām, un arī toleranci pret abiotisko stresu, veicinot ĢMO piedāvātos taustāmos risinājumus šīm problēmām. Šajā kontekstā ĢMO piedāvā daudzsološu risinājumu attīstot kultūraugus, kas spēj labāk izturēt un pielāgoties dažādu apstākļu izmaiņām. Sausumizturīgi vai karstumizturīgi kultūraugi varētu saglabāt vai pat palielināt ražu pie sliktākiem augšanas apstākļiem, tādējādi mazinot klimata pārmaiņu ietekmi uz pārtikas ražošanas apjomiem.
6. Augsnes mikrobu aktivitāte galvenokārt ir atkarīga no augsnes īpašībām, tostarp augsnes temperatūras, organisko vielu un augsnes mitruma saturs.
7. Pētījumiem jābūt prioritāri vēršoties uz ĢMO ilgtermiņa ietekmes novērtēšanu uz veselību un uz vidi. Tas ir būtiski, lai izpētītu iespējamās ar veselību saistītos riskus ilgtermiņā patērējot ĢMO un lai saprastu kā ĢMO audzēšana laika gaitā ietekmē ekosistēmas.

8. Sakņu elpošana un augsnes mikroorganismu izraisītā organisko vielu noārdīšanās ir galvenie augsnes CO₂ emisiju avoti, un CO₂ producēšana pakāpeniski var samazināties, ja palielināsies herbicīdu devas, tādēļ svarīgi ir veikt CO₂ koncentrācijas novērtēšanu.

Literatūras saraksts

1. Bünemann E. K., Schwenke G. D., Van Zwieten L. 2006. Impact of agricultural inputs on soil organisms—a review. *Soil Research*, 44(4): 379–406.
2. Clegg C.D., Lovell R.D.L., Clegg P.J.H. 2003. The impact of grassland management regime on the community structure of selected bacterial groups in soils. *FEMS Microbiol. Ecol.* 43: 263–270.
3. O'Donnell A.G., Seasman M., Macrae A., Waite I., Davies J.T. 2001. Plants and fertilisers as drivers of change in microbial community structure and function in soils. *Plant Soil* 232: 135–145.
4. Feng Y., Motta A.C., Reeves D.W., Burmester C.H., van Santen E., Osborne Y.A. 2003. Soil microbial communities under conventional-till and no-till continuous cotton systems. *Soil Biol. Biochem.* 35: 1693–1703.
5. Fierer N., Schimel J.P., Holden P.A.. 2003. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles. *Soil Biol. Biochem.* 35: 167–176.
6. Frison E., Cherfas J., Hodgkin T. 2011. Agricultural biodiversity is essential for a sustainable improvement in food and nutrition security. *Sustainability* 3:238–253.
7. Grayston S. J., Campbell C.D., Bardgett R.D., Mawdsley J.L., Clegg C.D., Ritz K., Griffiths B.S., Rodwell J.S., Edwards S.J., Davies W.J., Elston D.J., Millard P. 2004. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques. *Appl. Soil Ecol.* 25: 63–84.
8. Griffiths R.I., Whiteley A.S., O'Donnell A.G., Bailey M.J. 2003. Physiological and community responses of established grassland bacterial populations to water stress. *Appl. Environ. Microbiol.* 69: 6961–6968.
9. Jacobsen S.E., Sørensen M., Pedersen S.M., Weiner J. 2013. Feeding the world: genetically modified crops versus agricultural biodiversity. *Agron Sustain Dev.* 33:651–662.

10. Jensen J., Petersen S. O., Elsgaard L., Krogh P. H. 2014. Pesticide Interactions with N source and Tillage: Effects on soil biota and ecosystem services. Poster session presented at Global Soil Biodiversity Initiative (GSBI), Dijon, France.
11. McSpadden Gardener, B.B., Weller, D.M. 2001. Changes in populations of rhizosphere bacteria associated with take-all disease of wheat. *Appl. Environ. Microbiol.* 67: 4414–4425.
12. Rastogi M, Singh S, Pathak H. 2002. Emission of carbon dioxide from soil. *Current Science.* 82(5):510–517.
13. Schloter M., Dilly O., Munch J.C. 2003. Indicators for evaluating soil quality. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 98: 255–262.
14. Schütte G, Eckerstorfer M, Rastelli V, Reichenbecher W, Restrepo-Vassalli S, Ruohonen-Lehto M, Saucy A-GW, Mertens M. 2017. Herbicide resistance and biodiversity: agronomic and environmental aspects of genetically modified herbicide-resistant plants. *Environ Sci Eur.* 29: (1):5.
15. da Silva P., Nahas, E. 2002. Bacterial diversity in soil in response to different plants, phosphate fertilizers and liming. *Brazilian Journal of Microbiology.* 33: 304–310
16. Webster G., Embley T.M., Prosser J.I. 2002. Grassland management regimens reduce small-scale heterogeneity and species diversity of b-proteobacterial ammonia oxidizer populations. *Appl. Environ. Microbiol.* 68: 20–30.
17. Wheatley R. E., Caul S., Crabb D., Daniell T. J., Griffiths B. S., Ritz K. 2003. Microbial population dynamics related to temporal variations in nitrification in three arable fields. *Eur. J. Soil Sci.* 54: 707–714.

2.3. Lauksaimniecības noteču monitorings

Sagatavoja Dr. biol. Guntis Tabors

Lauksaimniecības noteču monitorings ir iedalīts pie ūdeņu monitoringa programmas. Ūdeņu monitoringa programma ir sastādīta atbilstoši Ūdens apsaimniekošanas likuma un Vides aizsardzības likuma prasībām, un ūdeņu monitoringa programmu īsteno LVĢMC, LHEI un LLU (tagad LBTU).

Ūdeņu monitoringa programmas īstenošanas rezultātā tiek noteikts virszemes ūdeņu stāvoklis, pazemes ūdeņu stāvoklis, jūras ūdeņu stāvoklis, kā arī lauksaimnieciskās darbības un ar to saistīto piesārņojuma avotu slodzes ietekme uz virszemes un pazemes ūdeņu kvalitāti.

Saskaņā ar Ūdens apsaimniekošanas likumu virszemes ūdeņu stāvoklis ir virszemes ūdensobjektu (ŪO) vispārīgā kvalitāte, kuru nosaka pēc objekta sliktākajiem ekoloģiskās un ķīmiskās kvalitātes rādītājiem. Pazemes ūdeņu stāvoklis ir pazemes ŪO vispārīgā kvalitāte, kuru nosaka pēc objekta sliktākajiem kvantitatīvajiem un kvalitatīvajiem rādītājiem.

Atbilstoši Ūdens apsaimniekošanas likumam Latvijas teritorija ir sadalīta četros upju baseinu apgabalos (UBA) – Daugavas, Lielupes, Gaujas un Ventas – kuri ietver virszemes ŪO, tai skaitā piekrastes un pārejas ŪO, un pazemes ŪO. Ūdeņu monitoringa mērķis ir iegūt visaptverošu informāciju par ūdeņu stāvokli šajos ŪO. Visām monitoringa stacijām noteikts monitoringa veids. Monitoringa staciju apsekojums pēc izvirzītās parametru mērījumu programmas sniegs noteiktu informāciju kopējam ūdeņu stāvokļa vērtējumam.

Ūdeņu monitorings ir sistemātiski, regulāri un mērķtiecīgi ūdeņu stāvokļa novērojumi, mērījumi un analīze, kas ļauj iegūt informāciju par:

- virszemes ūdeņu ekoloģisko un ķīmisko kvalitāti, kvantitāti un hidroloģisko režīmu,
- jūras ūdeņu kvalitāti un hidroloģisko režīmu;
- pazemes ūdeņu ķīmisko kvalitāti un kvantitatīvo stāvokli,
- virszemes un pazemes ūdeņu stāvokļa saistību,
- lauksaimnieciskās darbības un piesārņojuma avotu slodzes ietekmi uz virszemes un pazemes ūdeņu kvalitāti.

Ūdeņu monitoringa rezultātā iegūtā informācija plaši tiks izmantota:

- atjaunojot upju baseinu apsaimniekošanas plānus; analizējot apsaimniekošanas procesā radīto slodžu izmaiņu tendences; nosakot vides kvalitātes mērķus katram ŪO un pasākumus šo mērķu sasniegšanai;
- iegūtā informācija būs būtiska valsts un vietējo pašvaldību institūcijām;
- monitoringa dati ļaus noteikt pamatotus pasākumus ūdens ekosistēmu aizsardzībai nepieciešamības gadījumā;
- monitoringā iegūtie rezultāti tiks izmantoti turpmākai monitoringa programmas aktualizācijai, pilnveidošanai un uzlabošanai;
- monitoringa datus izmantos ĪJT robežu pamatošanai un vajadzības gadījumā robežu pārskatīšanai atbilstoši ES Nitrātu direktīvas prasībām;
- monitoringa rezultātā iegūtā informācija atgriezeniski būs noderīga LR normatīvo aktu pilnveidošanai vai papildināšanai sakarā ar normatīvo aktu izmaiņām ES un Latvijas mērogā;
- monitoringā iegūtie rezultāti tiks izmantoti dažādu starptautisku ziņojumu sagatavošanai, kā arī tiks iesniegti dažādās starptautiskās institūcijās - EVA, HELCOM, ES SBJR, UNEP, WHO;
- monitoringā iegūtie dati izmantojami piesārņojuma avotu un pārrobežu pārneses piesārņojuma ietekmes uz ūdeņiem novērtēšanai, kā arī piesārņojuma slodžu noteikšanai uz Baltijas jūru.

Vides politikas pamatnostādnes (2021.-2027. gads), kuras apstiprinātas ar 2022. gada 31. augusta Ministru kabineta rīkojumu Nr.583 "Par Vides politikas pamatnostādņēm 2021.-2027. gadam", ir tās, kas nosaka nepieciešamību realizēt lauksaimniecības noteču monitoringu. Vides politikas pamatnostādņu 2021.-2027. gadam nodaļā 2. Valsts vides monitorings, apakšnodaļā 2.2. Politikas apakšmērķis raksturo nepieciešamība iegūt visaptverošu informāciju par ūdeņu stāvokli Latvijas teritorijā.

Lauksaimniecības noteču monitoringa rezultāti nodrošina Ūdeņu struktūrdirektīvas (Eiropas Parlamenta un Padomes 2000. gada 23. oktobra Direktīva 2000/60/EK) 5. panta 1. punkta, 8. panta, 10. panta un 15. panta, kā arī II Pielikuma 1.4., 1.5., 2.2. un 2.3. punktu prasību izpildi par ūdens resursu stāvokļa monitoringa programmu izveidi un īstenošanu.

Detalizēta informācija par Lauksaimniecības noteču monitoringu ir apkopota Vides monitoringa programmā 2021.-2026. gadam, kas ir Vides politikas pamatnostādņu 2021.-

2027. gadam 1. pielikuma 2. daļa. Vides monitoringa programmas 2021.-2026. gadam mērķis ir radīt tādu monitoringa informācijas sistēmas struktūru, kas nodrošina LR un ES tiesību aktos noteikto prasību izpildi, tai skaitā, starptautisko konvenciju prasību izpildi. Vides monitoringa programma ir iedalīta četrās daļās, un attiecīgi Lauksaimniecības noteču monitorings ir Ūdeņu monitoringa programmas viena no sastāvdaļām. Lauksaimniecības noteču monitoringa pētījumi par gruntsūdeņu, izmēģinājumu lauciņu, drenu lauku, mazo sateces baseinu un upju telpiskajos līmeņos ir nepieciešami, lai kvalitatīvi izpildītu Nitrātu direktīvas (Padomes 1991. gada 12. decembra Direktīvas 91/676/EEK attiecībā uz ūdeņu aizsardzību pret piesārņojumu ar nitrātiem, kas cēlušies no lauksaimnieciskās darbības) 5. panta 3., 6. un 7. punktā, 6. un 7. panta prasības par ūdeņu kvalitātes monitoringa programmas ieviešanu un uzturēšanu.

Kopš 1993. gada Latvijas Lauksaimniecības universitāte (no 2022. gada LBTU) īsteno lauksaimniecības noteču monitoringu, kas nodrošina nepārtrauktu datu kopas pieejamību par ūdens kvalitātes un kvantitātes parametru mainību ilgtermiņā. Monitoringa aktivitātes tiek veiktas atbilstoši starptautiskajā praksē pieņemtām metodēm un materiāltehnisko nodrošinājumu. Lauksaimniecības noteču monitoringa mērķis ir noteikt un novērtēt lauksaimnieciskās darbības ietekmi uz virszemes un pazemes ūdeņu kvalitāti un kvantitāti, veicot regulāru un sistemātisku ūdens paraugu ievākšanu un hidroloģiskos mērījumus.

Atkarībā no lauksaimniecības darbības radītā piesārņojuma izcelsmes avota lauksaimniecības noteču monitoringa pētījumu vietas ir iespējams iedalīt divos virzienos. Pirmkārt, tas var būt lauksaimniecības izklīdētā (difūzā) piesārņojuma ar augu barības vielām noteikšana, piemēram, notece no salīdzinoši plašām lauksaimniecības zemju platībām, kurā ierīkotas meliorācijas sistēmas. Otrkārt, tiek izveidoti lauksaimniecības punktveida piesārņojuma monitoringa posteņi, kas atrodas tiešā lauksaimniecības dzīvnieku novietņu tuvumā vai platībās, kurās vēsturiski vai arī joprojām mūsdienās tiek izklīdēti organiskais mēslojums.

Ūdens monitoringa programmā (5.1. nodaļa no Vides politikas pamatnostādnes 2021.-2027. gadam 1.pielikuma 2.daļas) tiek aprakstīts Lauksaimniecības noteču monitoringa tīkls, kurā teikts, ka Lauksaimniecības noteču monitorings tiek īstenots 62 vietās sekojošos savstarpēji pakārtotos izpētes līmeņos: pazemes ūdeņi (20 vietas); eksperimentālie lauciņi (1 vieta); drenu lauks (6 vietas); mazais sateces baseins (11 vietas); upes (24 vietas).

Lauksaimniecības noteču monitoringa vietu skaits atbilstoši izpētes līmeņiem un atrašanās vietai ir apkopots Ūdens monitoringa programmas 82.tabulā (2.1. tabula).

2.1.tabula

Lauksaimniecības noteču monitoringa vietas

Izpētes līmenis	Skaits (raksturojums)	Nosaukums
Pazemes ūdeņi	20 (urbumi)	Bērze, Mellupīte, Vecauce, Oglaine, Staļģene, Miltiņi
Eksperimentālie lauciņi	1 (stacija)	Mellupīte (16 lauciņi x 0.12 ha)
Drenu lauks	6 (4 stacijas, 2 posteņi)	Bērze, Mellupīte, Vienziemīte, Vecauce, Zemgale
Mazais sateces baseins	11 (7 stacijas, 4 posteņi)	Bērze, Mellupīte, Vienziemīte, Bauska, Vecauce, Ogre, Skrīveri, Mežacīruļi, Zante
Maza un vidēja izmēra upes	24 (posteņi)	15 Bērzes upes daļbaseini, 9 īpaši jutīgo teritoriju upes

Ūdens monitoringa programmā 5.2. apakšnodaļā tiek aprakstīts analizējamo paraugu raksturojums un paraugu ņemšanas biežums. Ūdeņu paraugu ievākšana noris atbilstoši tehniskajām iespējām visos monitoringa līmeņos noteikta režīma ietvaros. Eksperimentālo lauciņu, drenu lauku, mazo sateces baseinu, upju izpētes līmeņos ūdens paraugu ievākšana notiek reizi mēnesī, pazemes ūdeņu paraugu ievākšana tiek veikta 4 reizes gadā. Atkarībā no meteoroloģiskajiem un hidroloģiskajiem apstākļiem ūdens plūsma vasaras mēnešos var izsīkt eksperimentālo lauciņu, drenu lauku un mazo sateces baseinu līmeņos. Ūdeņu paraugu ķīmiskā sastāva analizēšana nepieciešama, lai noteiktu slāpekļa ($\text{NO}_3\text{-N}$, $\text{NH}_4\text{-N}$, Nkop) un fosfora savienojumu ($\text{PO}_4\text{-P}$, Pkop) koncentrācijas ūdenī un raksturotu šo savienojumu noplūdes un procesus ūdeņu ekosistēmās. Katrs ūdeņu paraugs tiek identificēts ņemšanas brīdī un tā identifikācijas numurs (kods) tiek saglabāts līdz analītiskā procesa beigām ķīmijas laboratorijā un rezultātu ievadīšanai datu bāzēs. Ūdeņu paraugu savākšanas vietā tiek novietoti polietilēna konteineri, kuros automātiskā režīmā, proporcionāli caurplūdim, tiek iesūkņēts un akumulēts kopējais ūdens paraugs, kas raksturo noteiktu laika posmu. Konteineri pēc vidējā parauga ņemšanas rūpīgi iztīrāmi no sanešiem un izskalojami ar tā paša sastāva ūdeni, kuru atbilstošajā parauga ņemšanas vietā savāc paraugu ņemšanas iekārta. Manuāla paraugošanas režīma gadījumā ūdeņu paraugi tiek ņemti noteiktā vietā vienu reizi mēnesī.

Ūdens paraugus savāc 0.5 l polietilēna pudelēs. Paraugus pirms transportēšanas uz laboratoriju uzglabā ledusskapī 2° – 4° C temperatūrā. Par paraugu ņemšanu izdara atzīmes lauku novērojumu žurnālā. Ūdens paraugu testēšana tiek veikta akreditētās laboratorijās. No 1995. g. līdz 2005. g. un kopš 2008. g. ūdens paraugi tika testēti Latvijas Hidroekoloģijas institūta Hidroķīmijas laboratorijā, savukārt, no 2005. g. līdz 2007. g. LVĢMC Vides laboratorijā. Ūdens ķīmiskā sastāva analīzes izpildītas ievērojot nosakāmajam parametram atbilstošas testēšanas metodes.

Sekojoši Ūdens monitoringa programmas 5.3. apakšnodaļā ir apkopots lauksaimniecības noteču monitoringa metodikas apraksts.

Pazemes ūdeņu izpētes līmenī tiek noteiktas augu barības vielu koncentrācijas dažādos ūdens horizonta ieguluma dziļumos, kas tiek panākts, izvietojot urbumu filtrus dažādos dziļumos. Pazemes ūdeņu urbumu filtri ierasti tiek izvietoti zem drenu izbūves dziļuma, kas ļauj noteikt lauksaimnieciskās darbības ietekmi uz seklo gruntsūdeņu kvalitatīvajiem rādītājiem nosusinātās lauksaimniecības zemēs.

Eksperimentālo lauciņu izpētes līmenī tiek noteikti augu barības vielu izskalošanās procesi augsnē, atkarībā no mēslojuma veida un devas, iestrādes laika, augu sekas un augsnes apstrādes. Pētījuma uzdevums ir noteikt augu barības vielu emisiju koeficientus dažādiem kultūraugiem un mēslošanas režīmiem, kas raksturīgi Latvijā izmantotajām augu sekām. Iegūtos rezultātus iespējams izmantot modelēšanas vajadzībām. Izmēģinājumu lauciņu drenu sistēmas ir norobežotas ar kontūrdrenām, nepieļaujot ūdeņu pieplūdi no blakus esošajām teritorijām. Notece no katras drenu sistēmas tiek novadīta uz svārstīgiem kausiņiem, kas atrodas monitoringa stacijas ēkā, datu loggeris un mehāniskie skaitītāji fiksē svārstīgo kausiņu apgāzienu skaitu, zinot kausiņu tilpumu, tiek aprēķināts noteces apjoms. Ūdens paraugu ņemšana noris automātiski, proporcionāli caurplūdamam. Kopš 2015. gada eksperimentālajos laucīņos tiek izklidētas noteiktas slāpekli saturoša minerālmēslojuma devas, kas izteiktas kā slāpekļa deva tīrvielā uz vienu hektāru apsētās lauksaimniecības platības, t.sk., 0 kg, 60 kg, 120 kg, 180 kg un 240 kg.

Drenu lauka izpētes līmenī tiek noteiktas augu barības vielu koncentrācijas un noplūdes, kuru ietekmē dažādu lauksaimniecības kultūru kopums, daudzpusīga mēslojuma pielietošana un augsnes apstrādes veidi un laiks. Noteces kvalitatīvo un kvantitatīvo mērījumu veikšana notiek monitoringa stacijas ēkā, kurā atrodas drenu kolektora izteka un nostiprināta

trijstūra formas pārgāzne. Latvijā tiek izmantotas trijstūra pārgāznes ar izgriezuma leņķi 60° (Bērze) vai 90° (Mellupīte, Vienziemīte, Zemgale). Caurplūdumu aprēķina datu logeris, ņemot vērā pārgāznes izgriezuma leņķi un ūdens līmeni uz pārgāznes. Ūdens līmeņa mērījumus veic datu logeris ik pēc 10 minūtēm, balstoties uz 6 mērījumiem tiek aprēķināts stundas vidējais ūdens līmenis, logera atmiņā tiek fiksēti 24 mērījumi diennaktī. Ūdens paraugu ņemšana noris automātiski un ir proporcionāla caurplūdumu svārstībām. Lai nodrošinātu ūdens paraugu ņemšanas proporcionalitāti caurplūdumam, regulāri jāveic iestatītā paraugu ņemšanas caurteces apjoma korekcija, it sevišķi specifiskos hidroloģiskā režīma periodos (pavasara pali, rudens lietavas, vasaras un ziemas mazūdens periodi).

Mazā sateces baseina izpētes līmenī nosaka kopējo lauksaimniecības ietekmi uz augu barības vielu koncentrācijām un noplūdēm heterogēnā sateces baseinā ar dažādiem saimniekošanas un zemes lietojuma veidiem, ar atšķirīgu reljefu un augsnēm. Šajā līmenī dominējošajam zemes lietojuma veidam, vairāk kā 50% no sateces baseina teritorijas, ir jābūt lauksaimniecībā izmantojamai zemei. Ūdens līmeņu mērīšanai un caurplūduma aprēķināšanai šajā izpētes līmenī izbūvē dažāda veida pārgāznes, piemēram, Krampa tipa pārgāzne (Bērze, Mellupīte) vai trijstūra pārgāznes ar izgriezuma leņķi 90° (Mežacīruļi, Zante, Vecauce). Mazā sateces baseina līmenī un drenu lauka līmenī tiek nodrošināta vienotu principu un līdzīgu mēriekārtu izmantošana ūdens līmeņa mērījumiem, datu vienību saglabāšanā logeru atmiņā un ūdens paraugu ņemšanā, līdz ar to iegūtie rezultāti ir korekti un savstarpēji salīdzināmi.

Upes izpētes līmenis ietver pētījumus maza (< 100 km²) un vidēja sateces baseina (100 – 1000 km²) upēs, upju baseinu iedalījums trīs grupās pēc sateces baseina platības un citiem kritērijiem noteikts saistībā ar Ūdens struktūrdirektīvas prasību izpildi. Mazo upju līmenī (Ālaves upe) nosaka konkrēta zemes lietojuma veida ietekmi uz ūdeņu kvalitāti, šajā gadījumā lauksaimniecības zemju ūdeņu kvalitāti. Vidēju upju līmenī (Bēzres upe) iespējams noteikt ūdeņu kvalitāti upes iztekā, kā arī upes daļbaseinos, kuros ir sastopami dažādi zemes lietojuma veidi (lauksaimniecības zeme, mežs, purvs), topogrāfiskie apstākļi, punktveida piesārņojuma avoti (lauksaimniecības dzīvnieku novietnes, apdzīvotās vietu notekūdeņu attīrīšanas ietaises), kā arī novērtējama ūdenskrātuvju ietekme uz augu barības vielu aiztures procesiem. Vidējo upju līmenis nav lauksaimniecības noteču monitoringa vispārpieņemta sastāvdaļa, taču ļauj novērtēt un salīdzināt piesārņojuma samazināšanos aiztures un atšķaidīšanās procesu ietekmē dažādos hidrogrāfiskā tīkla posmos. Šajā izpētes līmenī iegūtās

ilgtermiņa datu rindas tiek izmantotas ūdens kvalitātes un kvantitātes parametru modelēšanas aktivitāšu īstenošanai, kuras ietver lauksaimniecības ietekmes uz virszemes un pazemes ūdeņiem vispārējo novērtēšanu un konkrētu ūdens aizsardzības pasākumu efektivitātes noteikšanu.

Ūdens ir ļoti svarīgs resurss cilvēku izdzīvošanai un attīstībai. Vides piesārņojums ir lielākais izaicinājums drošai ūdens ieguves avotu uzturēšanā (Evans et al., 2019). Pēdējās desmitgadēs ir izstrādātas daudz un dažādas tehnoloģijas, lai varētu veikt rūpniecisko notekūdeņu un sadzīves notekūdeņu attīrīšanu.

Pārmērīga barības vielu, piemēram, slāpekļa un fosfora, ievadīšana virszemes ūdeņos var veicināt eutrofikāciju, aļģu augšanu, paaugstinātu toksicitāti un citu nelabvēlīgu ietekmi uz zivju un ūdens bezmugurkaulnieku sabiedrībām (Jabbar, Grote 2019). Lauksaimnieciskais izkliedes piesārņojums jau sen tiek uzskatīts par būtisku faktoru (Wiens 1980), jo tas nav kā punktveida piesārņojums, kuru ir vieglāk konstatēt un kontrolēt, un šis izkliedes lauksaimniecības radītais piesārņojums ietekmē vides eutrofikāciju (Wang et al., 2019).

Lauksaimnieciskās darbības izkliedes piesārņojums var radīt līdz pat 52% no kopējā slāpekļa daudzuma un 54% no kopējā fosfora daudzuma, kas ir novērtēts Ķīnā esošajā Taihu ezera baseinā (Zhang et al., 2004). Tāpat arī citā pētījumā Itālijā konstatēts, ka slāpekļis un fosfors var veidot attiecīgi 24% un 71% no kopējā N un P piesārņojuma apjoma (Vighi, Chiaudani 1987).

Lauksaimniecības notece ir visa tā virszemes notece, kas aizplūst no lauksaimniecības zemes, un kas rodas no tā ūdens pārpalikuma, kas atrodas uz lauksaimniecības zemes teritorijas virszemes. Galvenie lielā ūdens avoti ir dēļ apūdeņošanas un nokrišņiem. Lauksaimniecības notece ir ar visai sarežģītu piesārņojuma sastāvu, ietverot nitrātus, amoniju, fosfora savienojumus, smagos metālus un noturīgos organiskos piesārņojumus. N un P ir būtiski elementi, attiecīgi, aminoskābēs un ģenētiskajā materiālā, un tie ir vitāli svarīgi ūdensaugu augšanai un ir kā atslēga barības vielu limitam eutrofikācijas laikā (Conley et al., 2009).

Antropogēnās darbības radītā eutrofikācija ir kļuvusi par primāro problēmu, jo tā var ietekmēt ūdens ekosistēmu veselību un drošību visā pasaulē. Tajā pat laikā nepārtraukta smagie metāli un noturīgie organiskie piesārņotāji (NOP), kas nāk no lauksaimniecības

noteces, var viegli uzkrāties dzīvajos organismos, radot dažādus draudus veselībai (piemēram, piesārņojums dzeramā ūdenī). Tādēļ ir ļoti svarīgi savlaicīgi samazināt lauksaimniecisko piesārņojumu un kontrolēt eutrofikāciju ezeros un upēs, aizsargāt ūdens vidi, kā arī nodrošināt dzeramā ūdens kvalitāti (Xia et al., 2020).

Lauksaimniecības piesārņojuma noteces jomā ir jābūt trīs galvenām kontroles stratēģijām: izcelsmes avota kontrolei, procesa kontrolei un noslēguma apstrādei (sanācijai). Izcelsmes avota kontroles uzdevums ir samazināt N un P izmantošanu, lai tādējādi ierobežotu izskalošanās procesus, kad tiek veikta augsnes apstrāde vai mēslojuma apsaimniekošana (Chilundo et al., 2018). Lauksaimniecības noteces procesa kontroles mērķis ir novērst piesārņojošo vielu nokļūšanu, piemēram, grāvjos (Wu et al., 2013). Noslēgumā attīrīšana ir pēdējā izvēle (opcija), lai izvairītos no blakus lauksaimniecības teritorijām esošo ūdenstilpju piesārņošanas (Díaz Peña et al., 2012).

Diemžēl lielā pārtikas pieprasījuma dēļ pēdējo desmitgažu laikā neaizstājama ir kļuvusi ķīmisko mēslojumu un pesticīdu lietošana (Carvalho, 2006), kuru mērķis ir palielināt kultūraugu ražu un aizsargāt kultūraugus no kaitēkļiem. Kaitēkļu veidotās pielāgošanās un rezistences pret ķīmikālijām ir iemesls tam, ka ik gadu kultūraugu aizsardzībai tiek izmantots arvien lielāks daudzums pesticīdu un ir jauni ķīmiskie savienojumi, radot nevēlamas blaknes, kā arī paaugstinot pārtikas ražošanas izmaksas (Carvalho, 2006, Xia et al., 2020).

Visā pasaulē tiek izmantoti N un P minerālmēsli, un saskaņā ar Apvienoto Nāciju Organizācijas Pārtikas un lauksaimniecības organizācijas (FAO) statistikas datiem no 2015. gada pasaulē vidējais N mēslojums izmantojamās aramzemēs sasniedza 68,6 kg/ha, savukārt P sasniedza 30,1 kg/ha. ASV joprojām palielinās mēslošanas līdzekļu izmantošana, turklāt Ķīna ir ne tikai lielākais minerālmēsli ražotājs, bet arī patērētājs. Minerālmēsli pārmērīga izmantošana rada visdažādākās vides problēmas, tostarp virszemes ūdeņu eutrofikāciju, kas ir ar N saistīto siltumnīcefekta gāzu emisijas un gruntsūdeņu piesārņojumu (Huang et al., 2017). Pastiprināto lauksaimniecības piesārņojuma radīto noteci veicina lietūs nokrišņu (Vymazal, Březinová 2015) un lauku laistīšanas ūdeņi (Xia et al., 2020).

Pielietotā mēslošanas apjoma kontrole tomēr ir visplašāk izmantotā metode (Malhi et al., 2001). Kopumā ir ļoti svarīgi apzināt un pārvaldīt mēslojuma lietošanu un to apjomus. Galvenā lauksaimniecības apūdeņošanas sistēmas komponentes sastāvdaļa ir grāvji, un tie var kalpot par lauksaimniecības zemju virszemes noteces ceļu. Tā kā lauksaimniecības notecei ir

kaut kāds noteikts novadīšanas laika periods, tad pirms ūdens novadīšanas grāvjos, grāvji varētu būt ideāla vieta, kur būtu nepieciešams veikt N un P kontroli (Chen et al., 2015). Skaidrs, ka dažkārt N un P difūzija var atšķirties starp dažādām augsnēm, ieskaitot augšes granulometrisko sastāvu (smilts, māls, grants).

Lai gan katru gadu lauksaimniecības zemēs vidējie barības vielu zudumu rādītāju atšķirības ir visai niecīgas, tās tomēr ļoti var atšķirties, ja tiek salīdzināti dati katru mēnesi. Jabbar, Grote (2019) pētījuma dati liecina, ka pavasarī aptuveni 70% ūdensteces vietu tiek degradētas. Arī Ķīnā (Gao et al., 2005) konstatēts, ka vislielākais N un P koncentrācijas samazinājums lauksaimniecības zemēs ir aprīlī, jūnijā, jūlijā un augustā, kas ir saistīts ar augsta riska eutrofikācijas periodu. Kā galvenais lauksaimnieciskā izkliedes piesārņojuma veids ir nepārtraukta N un P pieplūde, kas noved pie to uzkrāšanās tuvākajās ūdenstilpēs. Pārmērīga N un P uzkrāšanās rada dažādas vides problēmas, piemēram, aļģu ziedēšana, ūdens degradācija, zivju bojā eja un bioloģiskās daudzveidības zudums (Carpenter et al., 1998). Tā kā nav efektīvas kontroles mehānisma attiecībā uz piesārņojumu, kas ir saistīts ar lauksaimniecības izkliedes radīto piesārņojumu, N un P piesārņojums ir kļuvis par globālu vides problēmu. ASV gadījumā N un P pārmērīgas bagātināšana rada problēmas, kas noved pie problēmām, kad tiek aptuveni par 50% samazinās ezeru platības un par 60% samazinās upju platības (Smith 2003). Ķīnā vairāk nekā puse lielo ezeru ir eutrofiski, bet gandrīz trīs ceturtdaļas pastāvīgi pasliktinās to stāvoklis (Sun et al., 2012). Pat Kanādā Vinipegas ezera noplicināšanās ir saistīta arī ar pārmērīgu N un P barības vielu bagātināšanu (Tiessen et al., 2010). Tāpēc pastiprināti ir jākontrolē N un P notece no lauksaimniecības noteces.

Zinātniskās izpētes projektā “Virszemes ūdeņu un gruntsūdeņu kvalitātes pārraudzība īpaši jutīgajās teritorijās un lauksaimniecības zemēs lauksaimniecības noteču monitoringa programmā”, kura rezultāti publicēti 2022.gadā ir realizēts lauksaimniecības noteču monitorings, un šo pētījumu realizēja Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte. Esošajā zinātniskās izpētes projektā novērtēts lauksaimniecības noteces monitoringa stacijas un posteņi. Pētījuma autori apraksta, kas tad ir monitoringa stacija un monitoringa postenis.

Monitoringa stacija ir pētījumu vieta, kurā tiek īstenota ūdens līmeņa un caurplūdumu mērījumu veikšana virszemes ūdenstecē vai drenu sistēmā, izmantojot speciālas mērbūves (pārgāznes), sensorus un datu loggerus. Pozitīvais moments ir tāds, ka šādās pētījuma vietās ūdens paraugus var iegūt automātiskā režīmā, un esošās stacijas var tikt uzskatītas par

precīzām ūdeņu kvalitātes pētījuma veidu. Tas ir tāpēc, ka var tikt nodrošināti nepārtraukti hidroloģiskie mērījumi, un sekojoši detalizēti var novērtēt visus nepieciešamos rādītājus noteiktā laika periodā starp ūdens paraugu ievākšanas reizēm.

Monitoringa postenis ir nejaušu ūdens paraugu ievākšanas vieta, kura nav aprīkota ar speciālām mērbūvēm (pārgāznēm) un ūdens caurplūduma mērījumi netiek veikti. Izmantojot esošo monitoringa sistēmu hidroloģiskos apstākļus pētāmajās teritorijās iespējams noteikt ar hidroloģiskās modelēšanas programmatūras pielietojumu. Monitoringa posteņi ir lētāks un vienkāršāks ūdeņu kvalitātes pētījumu veids, kas tiek izmantots kā alternatīva pilnvērtīgu monitoringa staciju aizstāšanai tajos gadījumos, kad ir novērojami nelabvēlīgi pētījumu vietu raksturojošie apstākļi vai ir ierobežotas finansiālās iespējas. Šīs metodikas izmantošanas gadījumā pastāv varbūtība konstatēt aktuālo situāciju ūdenstecē vai drenu sistēmā, tomēr nav iespējams novērtēt hidroloģisko apstākļu un ūdens kvalitātes raksturojošo parametru mainību laika periodā starp ūdens paraugu ievākšanas reizēm.

Pētījums tika realizēts Mellupītē (stacija), Bērzē (stacija), Vienziemītē (stacija), Vecaucē (stacija, postenis), Bauskā (postenis), Skrīveros (postenis), Ogrē (postenis), Zemgalē (stacija). Latvijas Lauksaimniecības universitāte kopš 2005. gada ir vērtējusi Bērzē upes ūdens kvalitātes monitoringu 15 raksturīgos daļbaseinos, nosakot lauksaimniecības darbības ietekmi (83,4 % aizņem no visas sateces baseina), kā arī to, cik liela ietekme ir no purviem, mežiem un pilsētvides.

Esošā pētījumā rezultātā, kuras vadītājs ir Ainis Lagzdīns un izpildītāji ir Ritvars Sudārs, Linda Grinberga, Kaspars Abramenko, Andris Andersons un Raivis Intlers ir izvirzījuši sekojošus galvenos secinājumus:

1. Lauksaimniecības noteču monitoringa rezultāti (1995.g. – 2022.g.) rāda, ka lauksaimniecības ietekmētajās teritorijās nitrātu – slāpekļa izskalošanās ir atkarīga no antropogēnās ietekmes (lauksaimniecības zemju izmantošanas intensitāte) un dabiskajiem faktoriem (meteoroloģiskie un hidroloģiskie apstākļi). Neatkarīgi no meteoroloģisko un hidroloģisko apstākļu ietekmes uz iegūtajiem ūdeņu kvalitatīvo rādītāju rezultātiem, atsevišķās monitoringa stacijās un posteņos novērots palielināts nitrātu – slāpekļa izskalošanās risks, kuram pēdējos piecos (2018.g. – 2022.g) monitoringa īstenošanas gados ir tendence palielināties.

2. Novērotajām nitrātu – slāpekļa koncentrācijām ir raksturīga izteikta mainība pētījuma vietu ietvaros, kā arī sezonālā, ikgadējā un ilgtermiņa griezumā. Sezonālās un ikgadējās nitrātu – slāpekļa koncentrāciju izmaiņas ir saistītas ar noteces mainību. Nozīmīgākie nitrātu – slāpekļa zudumi no augsnes parasti notiek pavasara palu laikā un neveģetācijas periodā, kad augi nespēj uzņemt augsnē esošās augu barības vielas.
3. Nitrātu – slāpekļa koncentrācijas ūdeņos samazinās, palielinoties izpētes līmenim. Salīdzinoši augstākās nitrātjonu koncentrācijas novērotas eksperimentālo lauciņu un drenu sistēmu izpētes līmeņos, nitrātu – slāpekļa koncentrācijas samazinās novadgrāvjos, maza un vidēja izmēra upēs, kurās aktīvi notiek dabiskie pašattīršanās procesi.
4. Ekstremāliem meteoroloģiskajiem apstākļiem ir negatīva ietekme uz slāpekļa un fosforu savienojumu zudumiem. Izteikta sausuma apstākļos augu barības vielu zudumi no nosusinātām lauksaimniecības platībām samazinās, jo limitēta mitruma apstākļos augi attīstības procesu nodrošināšanai nespēj pilnvērtīgi izmantot augsnē esošās un ar mēslojumu nodrošinātās augu barības vielas, turklāt sausuma apstākļos nenotiek pakāpeniska augu barības vielu izskalošanās. Pēc sausuma periodiem, atsākoties drenu notecei, augu barības vielu zudumi izteikti palielinās.
5. Videi draudzīgas meliorācijas sistēmu elementu ierīkošana lauksaimniecības zemēs, piemēram, mākslīgos mitrājus, spēj efektīvi samazināt augu barības vielu koncentrācijas noteci no lauksaimniecības zemēm. Augu barības vielu samazināšanas efektivitāte mākslīgajos mitrājos ir atkarīga no izvēlētajiem tehniskajiem risinājumiem un dimensijām, kur nozīmīgs aspekts ir ūdens uzturēšanās laiks mitrāja platībā.

Pesticīdus nosaka monitoringa punktos, kas faktiski atrodas lauksaimniecības teritorijās, tai skaitā arī vietās, kuras sakrīt ar īpaši jutīgajām nitrātu teritorijām vai monitoringa punktos (galvenokārt avotos), kas spēj raksturot lauksaimniecības slodzes ietekmi (LVGMC, 2023).

Eitrofikācija var ievērojami ierobežot jūras izmantojamību, samazinot bioloģisko daudzveidību, sabojājot piekrastes ainavu, kā arī samazinot zivju krājumus. Šī problēma visvairāk skārusi Somu līci, Rīgas līci un Baltijas jūras centrālo dziļāko zonu, ko sauc par Baltijas jūras pamatdaļu. Jūrā nonākošo barības vielu galvenie avoti ir barības vielu slodze no iekšzemes pa upēm un tiešas izplūdes piekrastē. Ar ūdeņiem Baltijas jūrā nonāk 78 % no

kopējās slāpekļa un 95 % no kopējās fosfora slodzes. Divi būtiskākie ar ūdeņiem ieplūstošu barības vielu slodzes avoti ir izkliedētie piesārņojuma avoti, galvenokārt lauksaimniecība (45 % no kopējā slāpekļa daudzuma un 45 % no kopējā fosfora daudzuma), un punktveida avoti, galvenokārt komunālie notekūdeņi (12 % no kopējā slāpekļa daudzuma un 20 % no kopējā fosfora daudzuma) (HELCOM, 2015).

Ezera ūdeņu ķīmiskās īpašības ir atkarīgas arī no tā, kādas augsnes un kādi pamatiežu tipi ir ezera sateces baseinā (67. lpp; Aizsargājamo biotopu saglabāšanas vadlīnijas Latvijā, Upes un ezeri; 2017)

Abramenko u.c. (2012) apkopoja ilggadējus (1994–2011) monitoringa rezultātus, un konstatēja, ka lauksaimniecības izraisītais piesārņojums ar slāpekļa savienojumiem gadā veido 2–37 kg/ha slāpekļa tīrvielas. Salīdzinot to ar viena cilvēka izraisīto notekūdeņu piesārņojuma ekvivalentu (ap 5 kg slāpekļa gadā), viens ha no lauksaimniecībā izmantojamām platībām Zemgalē ir līdzvērtīgs piesārņojumam, ko rada trīs līdz četri cilvēki. Tieši Zemgalē lauksaimniecība sasniegusi Latvijā augstāko ražošanas intensitāti, turpretī Vidzemes augstienē 1 ha līdzvērtīgs aptuveni viena cilvēka saražotā piesārņojuma apjomam. Jāņem vērā, ka slāpekļa izskalošanās no augsnes ir dabiska parādība un tā dabiskais izskalošanās līmenis Latvijā ir ap 2–5 kg N no ha gadā. Slāpekļa savienojumu noplūdes atsevišķos gadījumos, piemēram, Bauskā, sasniedz pat 250 kg N ha gadā. 1992. gadā tika slēgta ferma Ogres novadā, taču vidējais piesārņojums (1994–2011) no bijušās fermas piesārņotajām platībām joprojām ir līdzvērtīgs notekūdeņu piesārņojumam, ko rada pilsēta ar 1440 iedzīvotājiem. Tik augsts piesārņojuma līmenis rāda, ka noslodze ir vairākkārt pārsniegusi pieļaujamos organiskā mēslojuma apjomus uz 1 ha lauksaimniecības platības.

Pētījumu, kuru veica LBTU Meža un ūdens resursu zinātniskā laboratorija LIFE programmas integrētā projekta “Latvijas upju baseinu apsaimniekošanas plānu ieviešana laba virszemes ūdens sasniegšanai” (LIFE GOODWATER IP) ietvaros, un kur tika veikts ūdeņu kvalitātes monitorings, kas novērtēja virszemes ūdeņu stāvokli, novērtēja lauksaimnieciskās un cita veida darbības ietekmi uz slāpekļa un fosfora savienojumu koncentrācijām Aģes, Slocenes, Auces un Ēdas upēs. Pētījumā ietverti monitoringa rezultāti, kas iegūti laika posmā no 2020. gada maija līdz 2023. gada jūlijam. Galvenie pētījumā iegūtie rezultāti ir tādi, ka augstākās slāpekļa savienojumu koncentrāciju ir novērotas rudens sezonā, kad ūdenstecēs palielinās caurplūdumi pēc vasaras perioda ar mazāku ūdens periodu, un ziemas sezonā, kad

ir novēroti palielināti caurplūdumi dēļ sniega kušanas ūdeņiem. Savukārt fosfora savienojumu koncentrāciju izmaiņās ir novērojamas neizteiksmīgas sakarības ar novērotajiem caurplūdumiem, un paaugstinātas fosfora savienojumu koncentrācijas konstatētas vasaras un ziemas sezonās, kurām raksturīgi atšķirīgi hidroloģiskie apstākļi (Lagzdīņš u.c., 2024).

Izšķīdušie pesticīdi, barības vielas un sedimenti no lauksaimniecības noteces tuvākajos ūdeņos (upes, ezeri) rada visdažādākās problēmas, kā rezultātā pastiprinās augsnes erozija, notiek barības vielu zudumi un tiek veicinātas noturīgo organisko vielu pārveidošanās (Blankenberg et al., 2015). Ievērojot augsnes apstrādes nosacījumus var ievērojami samazināt piesārņojuma noplūdes iespējamību un līdz ar to tiks samazināta piesārņojuma slodze.

Lai gan augsnes apstrāde neizbēgami ietekmēs augsnes virskārtu, pareizai augsnes apstrādes metodei (piemēram, samazināta vai pilnībā neveicot augsnes apstrādi) ir būtiska nozīme augsnes pasargāšanai no erozijas (Holland 2004). Turklāt augsnes apstrāde uzlabo augsnes struktūru un palielina organisko vielu saturu, kas var palielināt infiltrācijas un noteces attiecību un samazināt ūdens iztvaikošanu (Schmidt et al., 2019). Piemēram, Clausen et al. (1996) pētīja augsnes apstrādes ietekmi uz augsnes ūdeņu noteci kultūraugu zemes teritorijās Vermontā, ASV, un konstatēja, ka samazinot augsnes apstrādes apjomus, samazināsies noteces apjomi pat par 64%.

Piemēram, Liang et al. (2016) raksta, ka, papildus neapstrādājot augsni rīsu appludinātajās teritoriju plantācijās var pat par 25,9% samazināt ūdens noteces apjomu (Liang et al., 2016). Samazināta augsnes apstrāde vai apstrādes intensitāte var dot tādu pat efektu kā izmantojot kultūraugu atliekas, ja nepieciešams pasargāt augsnes virsmu no nokrišņu ietekmes, kas var radīt ūdens eroziju dēļ ekstremāli spēcīgiem nokrišņiem. (Meier et al., 2017).

Tomēr, dažkārt pat neveicot augsnes apstrādi, tā var būt efektīva, lai samazinātu augsnē izšķīdušā N noteci no lauksaimniecībā izmantojamām platībām (Liu et al., 2014). Turpretim neuzarot, neveicot augsnes apstrādi, esošā prakse nenovēršami izraisīs augsnes sablīvēšanos ilgākā laika posmā, kas savukārt novedīs pie P uzkrāšanās augsnes virskārtā un līdz ar to arī noteces palielināšanās rezultātā būs P zaudējumi.

Tiessen et al. (2010) raksta, ka neveicot aršanas pasākumus Kanādas prērijās samazinājās kopējā N koncentrācija par 41%, bet kopējais fosfors palielinājās par 42%.

Augsnes apstrāde samazinās augsnes sablīvēšanos un līdz ar to samazināsies P uzkrāšanās augsnes virskārtā, savukārt atstājot uz lauka vairāk kultūraugu atliekas, tie akumulēs vairāk ūdeni, kas savukārt veicinās ilgstošāku noteces periodu. Augsnes apstrādes veida izvēlei būtu jābalstās uz vietējiem klimatiskajiem apstākļiem, augsnes apstākļiem, kultūraugiem un dominējošo eutrofikācijas radītajām barības vielām.

Pareizs augsnes apstrādes tehnoloģijas pielietojums (vagas izveidošana) var samazināt kopējos N un P zudumus attiecīgi par 63,6% un par 42,8% (Xia et al., 2020). Tas ir tāpēc, ka vagu pareizs izvietojums var samazināt pilnīgu saskari ar augsnes mikroorganismiem un var palēnināt nitrifikācijas procesus.

Zeng et al. (2008) pētīja mēslošanas dziļuma ietekmi uz kopējā N zudumu (Zeng et al. (2008)). Pētījuma autori konstatēja, ka mēslojumu iestrādājot 20 cm dziļumā kopējā N un kopējā P zudumi samazinājās attiecīgi par 36,2% un 31,4%, salīdzinot ar virsmas mēslošanu. Mēslošanas laika un lietošanas apjoma rādītāji ir svarīgi, lai kontrolētu barības vielu zudumus.

Spēcīgi nokrišņi un lauka drenāžas sistēmas var sekmēt noteci no lauksaimniecības zemēm. Novērtēts, ka rīsu audzēšanas sezonā, kas ir apvienojumā ar palielināto nokrišņu daudzumu, virszemes noteces apjomi sasniedz līdz pat 86% no kumulatīvajiem kopējiem N zudumiem (Xia et al., 2020).

Ūdens savākšana no pārplūstošajiem laukiem varētu ievērojami samazināt plūdu ūdens līmeni, tādējādi uzlabojot lauku buferspēju (uzņemšanu, akumulāciju), lai palīdzētu samazināt piesārņojuma noteces un barības vielu zudumus. Galvenais ir, lai samazinātos kontakta laiks starp augsni un ūdeni, kur jābūt saskaņotam menedžmentam starp pirmējo lauka apstrādi un mēslošanas menedžmentu (pārvaldību; lietojuma plānojumu).

Jebkurā gadījumā vienmēr nevarēs pilnībā novērst ūdeņu noplūdi tuvākajās ūdenstilpēs no lauksaimnieciskās darbības. N un P koncentrācijas lauksaimniecības noteces ūdeņos būtiski samazināsies, stingri kontrolējot piesārņojuma avota izcelsmi. Tomēr joprojām ir grūti definēt drošu koncentrāciju līmeni, kas nebūtu kaitīgas videi, jo ilgtermiņa barības vielu uzkrāšanās blakus lauksaimniecības teritoriju ūdeņos ir arī paaugstinātu eutrofikācijas risku. Tādēļ vienmēr ir jāveic preventīvie pasākumi, lai novērstu piesārņojošo lauksaimniecības noteces ūdens nonākšanu tuvākajās ūdenstilpēs. Jebkura darbība, jebkurš process ir

jākontrolē, un kontroles mērķis ir veikt piesārņojuma attīrīšanu jau pirms lauksaimniecības noteces piesārņojums ir nonācis ūdenskrātuvēs.

Ekoloģiskie grāvji varētu būt viens no risinājumiem un tie tiek konstruēti, balstoties uz plaši izplatītajiem grāvju tīkliem apkārtējās lauksaimniecības zemes teritorijās. Pirms barības vielas nonāk tuvākajās ūdenstilpēs, saņemošajiem ūdeņu grāvjiem ir jāsamazina notecē esošo piesārņojošo vielu koncentrācija, izmantojot tādu kā akumulācijas funkciju un nepieļaujot tuvākās apkārtnes pārplūšanu (Moeder et al., 2017). Tas var būtiski samazināt turpmākās ekspluatācijas izmaksas. Tāpēc šis tiek uzskatīts par daudzsološu lauksaimniecības noteces kontroles iespēju, jo īpaši, blīvi apdzīvotās teritorijās.

Kas tad īsti ir ekoloģisko grāvju sistēma?

Ekoloģiskais grāvis ir tāda inženiertehniska sistēma, kas tiek izstrādāta, lai veiktu lauksaimniecības noteces ar barības vielām likvidēšanu, izmantojot sorbcijas, sedimentācijas, piesārņojuma pārveidi (transformāciju), kā arī piesārņojuma uzņemšanu augos un mikroorganismu metabolisko aktivitāti (Dollinger et al., 2015). Kā nozīmīgu apūdeņošanas un drenāžas sistēmas sastāvdaļu lauksaimniecības grāvji ir plaši izplatīti starp lauksaimniecības zemes teritorijām. Pamatā bāzēts uz tradicionālajiem lauksaimniecības grāvju sistēmām ekoloģiskie grāvji veicina piemērota substrāta izveidošanos un ūdensaugu ieviešanu (introdukciju), veidojot unikālu ūdens-sedimentu (nogulumu) un augu-mikroorganismu sistēmu (Kumwimba et al., 2018).

Perifitons ir ekoloģisko grāvju galvenā sastāvdaļa. Perifitons ir sarežģīts aļģu, zilaļģu, heterotrofo mikrobu un detrita maisījums, kas ir pievienots iegremdētām virsmām lielākajā daļā ūdens ekosistēmu. Perifitons ir plaši izplatīts dabiskajās ūdenstilpēs un tas var palīdzēt attīrīt ūdeni no piesārņojuma absorbcijas un adsorbcijas procesu rezultātā. Perifitons var būt ar lielu biomasu un ir jutīgs pret ūdens kvalitāti un ir efektīvs, lai atbrīvotos no N un P piesārņojuma.

Pētījuma rezultāti (Pierobon et al. 2013) Po upes Itālijā baseinā parāda, ka vidējais akumulētais piesārņojuma daudzums ar N ir $1,52 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$ (uz km dienā) grāvjos ar veģetāciju (*Phragmites australis* un *Typha latifolia*) salīdzinājumā ar grāvjiem bez veģetācijas un tas ir aptuveni 6 reizes mazāks, t.i., $0,24 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$. Tas liecina par to, ka ūdensaugiem

ir būtiska loma ūdens-sedimentu (nogulumu) un augu-mikroorganismu sistēmā. Arī citi pētījumi parāda augu nozīmi fitoremediācijā, kad augi spēj aizturēt piesārņojuma izplatīšanos. Vymazal and Březinová (2018) raksta par pētījuma rezultātiem Čehijā, kur 200 m garš ekoloģiskais grāvis ar tādām augu sugām kā *Epilobium hirsutum*, *Lythrum salicaria*, *Filipendula ulmaria*, *Phragmites australis*, *Typha latifolia* un *Glyceria maxima* var tikt izmantots, lai aizturētu no zivju dīķiem noplūdušo piesārņojumu un neļautu tam tālāk izplatīties. Publikācijas dati rāda, ka ja ir iepriekš uzskaitītie augi, tad N augi var akumulēt $5.28 \text{ kg kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$ un P - $0.70 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$. Flora and Kröger (2014) pētīja *Leersia oryzoides* un *Typha latifolia* izmantošanu Misisipi štatā, ASV, un iegūtie rezultāti parādīja, ka barības vielu akumulācijas apjoms bija sekojošs: $2,19 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$ slāpeklim un $0,58 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$ fosforam. Li et al. (2016) pētīja slāpekļa akumulāciju ekoloģiskā grāvī, kas apstādīts, izmantojot *Iris pseudacorus* un *Lythrum salicaria* Tianjin, Ķīnā, un šeit slāpekļa akumulēšanas apjomi bija $1,73 \text{ kg km}^{-1} \text{ dienā}^{-1}$.

Augi, kurus var labi izmantot, lai likvidētu un aizvāktu piesārņojumu ar barības vielām (fitoremediācija): parastā niedre *Phragmites australis*, platlapu vilkvāļīte *Typha latifolia*, pūkainā kazroze *Epilobium hirsutum*, vītoli vējmietīņš *Lythrum salicaria*, parastā vīgrieze *Filipendula ulmaria*, dižā ūdenszāle *Glyceria maxima*, Parastais parīss *Leersia oryzoides*, purva skalbe *Iris pseudacorus*.

Šie rezultāti liecināja, ka augu daudzveidībai ir liela ietekme uz ekoloģisko grāvju izmantošanu tālākai piesārņojuma izplatības apturēšanai, un neļaut tālāk tam izplatīties. Veģetācijas sezonā augos var uzkrāties liels barības vielu daudzums, kurus augi izmanto savām augšanas vajadzībām. Tomēr to uzkrāšanās spēja augiem pakāpeniski samazinās (Menon, Holland 2014), turklāt augu sadalīšanās novedīs pie uzņemto barības vielu izdalīšanās un tādējādi kļūs par vēl vienu barības vielu avotu, nu jau citiem organismiem (Kröger et al., 2007).

Diemžēl ekoloģisko grāvju apsaimniekošana vienmēr ir bijusi sarežģīta problēma. Liela mēroga ražas novākšanai ir vajadzīgs liels darbs, kas ievērojami palielina arī uzturēšanas izmaksas. Maziem lauksaimniecības uzņēmumiem šādas izmaksas parasti ir pārāk augstas, lai tās segtu, tāpēc tas kavē ekoloģisko grāvju plašāku pielietojumu, un šādi maza mēroga lauka īpašumi vai mazdārziņi ir ļoti izplatīti Āzijā un Latīņamerikā (Xia et al., 2020).

Fitoremediācija ir augiem raksturīga spēja uzņemt piesārņojuma radītās vielas un veikt vides atveseļošanu. Fitoremediācijas (fitosanācijas) zemās efektivitātes dēļ N un P izņemšanas

no vides aprites, izmantojot ekoloģiskos grāvjus, nevar salīdzināt ar pašvaldību un valsts notekūdeņu attīrīšanas tehnoloģijām, it īpaši, apūdeņošanas un stipru nokrišņu periodā.

Mikroorganismu izmantošanas tehnoloģijas ir efektīvas, ekonomiskas un videi draudzīgas, lai tās plaši izmantotu sadzīves notekūdeņu apstrādē (Fernandes et al., 2013). Mikroorganismi vienlaikus var atdalīt barības vielas (piemēram, N un P) un smagos metālus (piemēram, hroms un dzīvsudrabs) tādā veidā, lai tie būtu videi draudzīgi (Samaras et al., 2009).

Lauksaimniecības noteces beigu apstrāde ir pēdējā barjera pirms barības vielas nonāk kādā no ūdenstilpēm (upes, ezeri). Būvētie mitrāji, buferjoslas un zemes (teritoriālās) infiltrācijas sistēmas ir kopējās gala apstrādes tehnoloģijas.

Būvētie mitrāji ir augsnes-augu-mikroorganismu unikālā sistēma, un šie mitrāji ir kā pārejas zona starp lauksaimniecības zemi un saņemošiem ūdeņiem ar labu N, P un organisko vielu daļiņu absorbciju, adsorbciju un fizikālo nosēdumu kapacitāti. Dyaz et Al. (2012) iesaka ūdens iztvaikošanu, infiltrācijas procesus, veģetācijas īpatnības un hidraulisko aiztures laiku noteikt kā galvenos faktorus, kas ietekmē piesārņojuma koncentrāciju speciāli uzbūvētajos mitrājos.

Tomēr mitrāju efektivitātei ir ļoti sezonāls raksturs, lai varētu veikt piesārņojuma imobilizāciju. Valkama et Al. (2017) pētīja barības vielu akumulēšanas efektivitātes sezonālās atšķirības un konstatēja, ka kopējā P akumulēšanas efektivitāte visaugstākā bija jūnijā (28%) un viszemākā februārī (5,5%), bet kopējā N akumulēšanas efektivitāte visaugstākā bija jūlijā (82%) un viszemākā novembrī (3,5%).

Tāpat kā ekoloģiskie grāvji, arī būvētie mitrāji paļaujas uz fitoremediācijas un augsnes absorbcijas spēju. Būvētos mitrājus uzskata par praktisku tehnoloģiju tās daudzo priekšrocību dēļ, piemēram, zemas izmaksas, vienkārša ekspluatācija un vienkārša apkope (Wu et al., 2015).

Lielākajai daļai no N un P jābūt izdalītiem no lauksaimniecības noteces pirms piesārņojums ir nonācis ietekošajos ūdeņos. Tādēļ ir rūpīgi jākontrolē lauksaimniecības noteci, un ir jāizmanto dažādas kontroles tehnoloģijas.

Ideālai lauksaimniecības noteces pārstrādes tehnoloģijai jābūt ar šādām īpašībām: (1) spēja pielāgoties vietējiem apstākļiem, ieskaitot klimatam, ģeogrāfijai, kultūraugu veidam,

sējumu platībai, lauksaimniecības iekārtām un lauksaimnieku izglītībai; 2) pārvaldības vienkāršībai bez sarežģītām ekspluatācijas procedūrām vai tehniskām specifikācijām; 3) zemām ieguldījumu un darbības izmaksām; (4) elastībai, lai pielāgotos lielām ūdens tilpuma un piesārņojuma koncentrācijas svārstībām; (5) vispusīgai procesa apstrādei, lai veiktu barības vielu un organisko vielu noārdīšanos. Tomēr kopumā ņemot bieži vien neviena tehnoloģija nevar pilnībā izpildīt visus šos nosacījumus.

SECINĀJUMI:

1. Lauksaimniecības piesārņojuma noteces jomā ir jābūt trīs svarīgākajām kontroles stratēģijām: izcelsmes avota kontrolei, procesa kontrolei un noslēguma apstrādei jeb sanācijai. Izcelsmes avota kontroles uzdevums ir samazināt N un P izmantošanu, ierobežojot izskalošanās procesus pie augsnes apstrādes vai mēslojuma apsaimniekošanas. Lauksaimniecības noteces procesa kontroles mērķis ir novērst piesārņojošo vielu nokļūšanu grāvjos. Noslēguma sanācija ir pēdējā izvēle (opcija), lai izvairītos no blakus lauksaimniecības teritorijās esošo ūdenstilpju piesārņošanas.
2. N un P difūzija var atšķirties starp dažādām augsnēm, ieskaitot augsnes granulometrisku sastāvu (smilts, māls, grants).
3. Augsnes apstrāde ietekmē augsnes virskārtu, un pareizai augsnes apstrādei (samazināta vai pilnībā neveicot augsnes apstrādi) ir būtiska nozīme augsnes pasargāšanai no erozijas, turklāt augsnes apstrāde uzlabo augsnes struktūru un palielina organisko vielu saturu, kas savukārt var palielināt infiltrācijas un noteces attiecību, un arī samazināt ūdens iztvaikošanu.
4. Dažkārt neveicot augsnes apstrādi tā var būt efektīva, lai samazinātu augsnē izšķīdušā N noteci no lauksaimniecībā izmantojamām platībām, savukārt neuzarot, neveicot augsnes apstrādi, izraisīs augsnes sablīvēšanos ilgākā laika posmā, kas novedīs pie P uzkrāšanās augsnes virskārtā un līdz ar to arī noteces palielināšanās rezultātā būs P zaudējumi.
5. Ekoloģiskie grāvji ir viens no risinājumiem, lai nepieļautu piesārņojuma izplatību, un šie ekoloģiskie grāvji tiek uzskatīti par daudzsološu lauksaimniecības noteces kontroles iespēju, jo īpaši, blīvi apdzīvotās teritorijās.
6. Ideālai lauksaimniecības noteces pārstrādes tehnoloģijai ir jābūt spējai pielāgoties vietējiem apstākļiem, ieskaitot klimatam, ģeogrāfijai, kultūraugu veidam, sējumu

platībai, lauksaimniecības iekārtām un lauksaimnieku izglītībai, arī pārvaldības vienkāršībai bez sarežģītām ekspluatācijas procedūrām vai tehniskām specifikācijām, zemām ieguldījumu un darbības izmaksām, elastībai, kas var pielāgoties lielām ūdens tilpuma un piesārņojuma koncentrācijas svārstībām, kā arī vispusīgai procesa apstrādei, veicot barības vielu un organisko vielu noārdīšanos.

7. Kopumā Latvijā ir tikuši veikti vairāki pētījumi, kuros ir noteikta lauksaimniecības noteces ietekme uz tuvākās ūdenstilpnes vides eitrofikāciju izraisošiem piesārņotājiem, tostarp N un P savienojumu nokļūšana ūdenstilpēs un gruntsūdeņos, noskaidroti arī N un P koncentrāciju ietekmējošie faktori (nokrišņu intensitāte, augsnes īpašības), tomēr netiek realizēts vides monitorings, lai novērtētu lauksaimniecības noteces iespējamo kaitīgo ietekmi uz ĢMO izplatību dažādās ar lauksaimniecību saistītās un nesaistītās vidēs, kas var ietekmēt ekosistēmas un bioloģisko daudzveidību.

Literatūras saraksts

1. Abramenko K., Vircavs V., Veinbergs A., Ābolkalna A., Dimanta Z., Vītola I. 2012. LLU Vides un ūdenssaimniecības katedra. Lauksaimniecība un ūdens vide. Ražība, Saimnieks, 54-56.lpp.
2. Blankenberg A.G.B., Haarstad K., Paruch A.M. 2015. Agricultural runoff in Norway: the problem, the regulations, and the role of wetlands. In: Vymazal J (ed) The role of natural and constructed wetlands in nutrient cycling and retention on the landscape. Springer, Cham.
3. Carpenter S.R., Caraco N.F., Correll D.L., Howarth R.W., Sharpley A.N., Smith V.H. 1998. Nonpoint pollution of surface waters with phosphorus and nitrogen. Ecol Appl 8:559–568.
4. Carvalho F.P. 2006. Agriculture, pesticides, food security and food safety. Environ Sci Policy 9:685–692.
5. Chilundo M., Joel A., Wesstrom I., Brito R., Messing I. 2018. Influence of irrigation and fertilisation management on the seasonal distribution of water and nitrogen in a semi-arid loamy sandy soil. Agr Water Manage 199:120–137.

6. Clausen J.C., Jokela W.E., Potter F.I., Williams J.W. 1996. Paired watershed comparison of tillage effects on runoff, sediment, and pesticide losses. *J Environ Qual* 25:1000–1007.
7. Díaz Peña F.J., Geen A.T., Dahlgren R.A. 2012. Agricultural pollutant removal by constructed wetlands: implications for water management and design. *Agr Water Manage* 104:171–183.
8. Dolezel M., Lang A., Greiter A., Miklau M., Eckerstorfer M., Heissenberger A., Willée E., Züghart W. 2024. Challenges for the Post-Market Environmental Monitoring in the European Union Imposed by Novel Applications of Genetically Modified and Genome-Edited Organisms. *BioTech*, 15; 13 (2): 14.
9. Dollinger J., Dagès C., Bailly J.S., Lagacherie P., Voltz M. 2015. Managing ditches for agroecological engineering of landscape A review. *Agron Sustain Dev* 35(3):999–1020.
10. Fernandes H., Jungles M.K., Hoffmann H., Antonio R.V., Costa R.H. 2013. Full-scale sequencing batch reactor (SBR) for domestic wastewater: performance and diversity of microbial communities. *Bioresour Technol* 132:262–268.
11. Flora C., Kröger R. 2014. Use of vegetated drainage ditches and low-grade weirs for aquaculture effluent mitigation: I Nutrients. *Aquacult Eng* 60:56–62.
12. HELCOM, “Fifth Baltic Sea Pollution Load Compilation” (PLC-5.5) (Piektais apkopojums par piesārņojuma slodzi Baltijas jūrā), 2015. gads.
13. Holland J.M. 2004. The environmental consequences of adopting conservation tillage in Europe: reviewing the evidence. *Agr Ecosyst Environ* 103:1–25.
14. Huang J., Xu C., Ridoutt B.G., Wang X., Ren P. 2017. Nitrogen and phosphorus losses and eutrophication potential associated with fertilizer application to cropland in China. *J Clean Prod* 159:171–179.
15. Kröger R., Holland M.M., Moore M.T., Cooper C.M. 2007. Hydrological variability and agricultural drainage ditch inorganic nitrogen reduction capacity. *J Environ Qual* 36(6):1646–1652.
16. Kumwimba M.N., Meng F., Iseyemi O., Moore M.T., Zhu B., Tao W., Liang T.J., Ilunga L. 2018. Removal of non-point source pollutants from domestic sewage and agricultural runoff by vegetated drainage ditches (VDDs): design, mechanism, management strategies, and future directions. *Sci Total Environ* 639:742–759.

17. Lagzdiņš A., Siksnāne I., Sudārs R. 2024. Hidroloģisko apstākļu un ūdeņu kvalitātes novērtējums LIFE GoodWater IP projekta demonstrācijas ūdensobjektos. 82. LU starptautiskā zinātniskā konference, Bioloģijas sekcija, Latvijas ūdeņu vides pētījumu un aizsardzības apakšsekcija. Referātu tēžu krājums, Latvijas Universitāte, Rīga, 7-8. lpp.
18. LVĢMC. 2023. Pārskats par virszemes un pazemes ūdeņu stāvokli 2022. gadā. Rīga, Latvijas Vides, ģeoloģijas un meteoroloģijas centrs (2023).
19. Li S., Wang X., Tu J., Qiao B., Li J. 2016. Nitrogen removal in an ecological ditch based on an orthogonal test. *Water Air Soil Poll* 227:396.
20. Liang X., Wang Z., Zhang Y., Zhu C., Lin L., Xu L. 2016. No-tillage effects on N and P exports across a rice-planted watershed. *Environ Sci Pollut Res* 23:8598–8609.
21. Liu K., Elliott J.A., Lobb D.A., Flaten D.N., Yarotski J. 2014. Conversion of conservation tillage to rotational tillage to reduce phosphorus losses during snowmelt runoff in the Canadian Prairies. *J Environ Qual* 43:1679–1689.
22. Malhi S.S., Grant C.A., Johnston A.M., Gill K.S. 2001. Nitrogen fertilization management for no-till cereal production in the Canadian Great Plains:a review. *Soil Till Res* 60:101–122.
23. Meier S., Curaqueo G., Khan N., Bolan N., Cea M., Eugenia G.M., Cornejo P., Ok Y.S., Borie F. 2017. Chicken-manure-derived biochar reduced bioavailability of copper in a contaminated soil. *J Soils Sediments* 17:741–750.
24. Menon R., Holland M.M. 2014. Phosphorus release due to decomposition of wetland plants. *Wetlands* 34(6):1191–1196.
25. Moeder M., Carranza - Diaz O., López - Angulo G., Vega - Aviña R., Chávez - Durán F.A., Jomaa S., Winkler U., Schrader S., Reemtsma T., Delgado - Vargas F. 2017. Potential of vegetated ditches to manage organic pollutants derived from agricultural runoff and domestic sewage: a case study in Sinaloa (Mexico). *Sci Total Environ* 598:1106–1115.
26. Pierobon E., Castaldelli G., Mantovani S., Vincenzi F., Fano E.A. 2013. Nitrogen removal in vegetated and unvegetated drainage ditches impacted by diffuse and point sources of pollution. *Clean-Soil Air Water* 41(1):24–31.
27. Samaras P., Papadimitriou C.A., Vavoulidou D., Yiangou M., Sakellaropoulos G.P. 2009. Effect of hexavalent chromium on the activated sludge process and on the sludge protozoan community. *Bioresour Technol* 100:38–43.

28. Schmidt J.H., Junge S., Finckh M.R. 2019. Cover crops and compost prevent weed seed bank buildup in herbicide-free wheat-potato rotations under conservation tillage. *Ecol Evol* 9:2715–2724.
29. Smith V.H. 2003. Eutrophication of freshwater and coastal marine ecosystems a global problem. *Environ Sci Pollut Res* 10:126–139.
30. Sun B., Zhang L., Yang L., Zhang F., Norse D., Zhu Z. 2012. Agricultural non-point source pollution in China: causes and mitigation measures. *Ambio* 41:370–379.
31. Tiessen K.H., Elliott J.A., Yarotski J., Lobb D.A., Flaten D.N., Glozier N.E. 2010. Conventional and conservation tillage: influence on seasonal runoff, sediment, and nutrient losses in the Canadian Prairies. *J Environ Qual* 39:964–980.
32. Zeng S.C., Su Z.Y., Chen B.G., Wu Q.T., Ouyang Y. 2008 Nitrogen and phosphorus runoff losses from orchard soils in South China as affected by fertilization depths and rates. *Pedosphere* 18:45–53.
33. Valkama P., Mäkinen E., Ojala A., Vahtera H., Lahti K., Rantakokko K., Vasander H., Nikinmaa E., Wahlroos O. 2017. Seasonal variation in nutrient removal efficiency of a boreal wetland detected by high-frequency on-line monitoring. *Ecol Eng* 98:307–317.
34. Vymazal J., Březinová T.D. 2015 The use of constructed wetlands for removal of pesticides from agricultural runoff and drainage: A review. *Environ Internat* 75:11–20.
35. Vymazal J., Březinová T.D. 2018. Removal of nutrients, organics and suspended solids in vegetated agricultural drainage ditch. *Ecol Eng* 118:97–103.
36. Wu H., Zhang J., Ngo H.H., Guo W., Hu Z., Liang S., Fan J., Liu H. 2015. A review on the sustainability of constructed wetlands for wastewater treatment: design and operation. *Bioresour Technol* 175:594–601.
37. Wu M., Tang X., Li Q., Yang W., Feng J., Tang M., Scholz M. 2013 Review of ecological engineering solutions for rural non-point source water pollution control in hubei province, china. *Water Air Soil Poll* 224(5):1561.

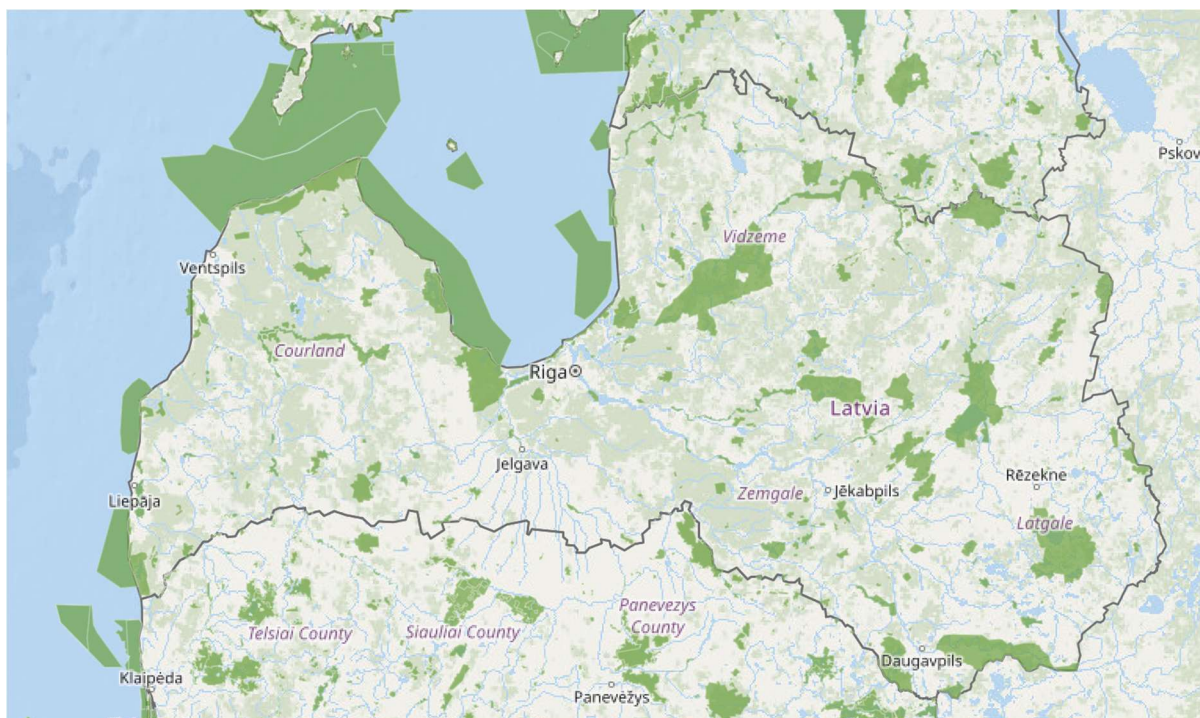
2.4. Natura 2000 vietu, vides fona un speciālais monitorings

Sagatavoja Dr. Biol. Maksims Balalaikins un Dr.ģeol. (PhD Earth Sci) Normunds Stivriņš

2.4.1. Natura 2000 vietu monitorings

Natura 2000 vietas Latvijas teritorijā iekļauj kā sauszemes, tā arī ūdens teritorijas (1.attēls), kas nozīmē, ka ir nepieciešams plašs uzraudzības monitorings saistībā ar ĢMO. Vides riska novērtējuma un uztvērējvides bāzlīniju noteikšanas iespējas Latvijā ir fragmentāras, ko nosaka kompleksā daba *Natura 2000* vietu daudzveidībai. Izvērtējot šo monitoringa veidu, jāņem vērā, ka saskaņā ar MK 2010.gada 16.marta noteikumiem Nr. 264. "*Īpaši aizsargājamo dabas teritoriju vispārējie aizsardzības un izmantošanas noteikumi*" 4.2. apakšpunktu aizsargājamās teritorijās audzēt ģenētiski modificētus kultūraugus ir aizliegts. Turklāt saskaņā ar MK 2015.gada 10.februāra noteikumiem Nr. 264. "*Ģenētiski modificēto kultūraugu līdzāspastāvēšanas noteikumi*" (<https://likumi.lv/ta/id/272171>), minimālais izolācijas attālums no ģenētiski modificēto kultūraugu lauka malas līdz tā paša kultūrauga bioloģiskās vai konvencionālās lauksaimniecības lauka malai, Eiropas nozīmes aizsargājamām dabas teritorijām (*Natura 2000* vietās), īpaši aizsargājamām dabas teritorijām, aizsargājamiem dendroloģiskiem stādījumiem, Latvijas Nacionālajam botāniskajam dārzam, kā arī pašvaldību teritorijām, kas noteikušas ģenētiski modificēto kultūraugu audzēšanas ierobežojumus, un valsts robežai ir 14 000 metru. Tā piemēram, kukaiņu dispersijas iespējas lielākas par 14 000 metriem ir maz ticamas, līdz ar to *Natura 2000* monitoringa aktivitātes var būt efektīvas ĢM organismu ietekmes izvērtēšanā tikai gadījumos kad tiek konstatēti nesankcionēti ĢM augu sējumi, tuvāk par 14 000 metru attālumam no *Natura 2000* teritorijas. Par nesankcionētiem augu sējumiem tiek uzskatīti sējumi, kur ĢM kultūras tiek apzināti vai neapzināti iesētas, kā arī gadījumi, kad notiek ĢM augu izplatība bez cilvēku tiešās līdzdalības.

Latvijā noteiktas 333 Eiropas nozīmes aizsargājamās dabas teritorijas *Natura 2000*, no kurām 7 ir aizsargājamās jūras teritorijas, bet 326 ir sauszemes aizsargājamās teritorijas. *Natura 2000* teritorijās jānodrošina labvēlīgs aizsardzības statuss (t.i. nodrošināt, ka populācijas vai platības ir stabilas vai palielinās) sugām un biotopiem, kuru dēļ šīs vietas ir izvēlētas. Lai varētu pārbaudīt, vai šāds statuss tiek nodrošināts, ir jāveic šo sugu un biotopu monitorings katrā *Natura 2000* vietā.



1.attēls. Natura2000 teritorijas Latvijā (<https://natura2000.eea.europa.eu>).

Natura 2000 teritorijās ir svarīgi uzturēt un attīstīt monitoringu, jo, piemēram, *Natura 2000* ūdeņu teritorijas tuvu apdzīvotām vietām var piedzīvot pastiprinātu urbānās ietekmes stresu. Ar virszemes noteci, ūdeņos var nonākt nevēlamas vielas un organismi, kas teorētiski var saturēt arī ĢMO. Tieši ūdeņi rada lielāko potenciālu ietvert augstāku ĢMO risku, jo tie uztver vielas un šķidrumus no plašāka sateces baseina (Pott et al., 2018). *Natura 2000* ietver ūdeņus (jūra, ezeri, upes), mitrājus un mežus. Līdz ar to, tas iekļauj ļoti plašu areālu ĢMO riskam. *Natura 2000* dzīvotnes funkcionāli ir saistītas ar piegulošajām teritorijām un, vēl plašākā mērā, ar Baltijas jūru. Līdz ar to, ĢMO vides monitoringa veikšana visās vietās fiziski nav iespējama. Attīstāms un uzturams ilgtermiņa monitorings konkrētās teritorijās, kas kalpo par pamatu bāzes līnijai jeb referencei (piemēram, Engures un Kaņiera ilgtermiņa putnu monitorings). Tieši migrējošo putnu dēļ ir izveidotas daudzas *Natura 2000* teritorijas, bet putni var būt viens no galvenajiem vektoriem (Reynolds et al., 2015), kā ĢMO var nonākt šajās vidēs. Putnu dzīvotnes piekrastes un iekšzemes ūdeņos rada risku pārnest potenciālos ĢMO taksonus, kas var ietekmēt bezmugurkaulniekus. Monitorējot putnus ir iespējams noskaidrot par potenciālajiem ĢMO vidē. Uz doto brīdi, *Natura 2000* monitoringa ietvaros:

1) DAP (Dabas Aizsardzības Pārvalde) organizē sauszemes *Natura 2000* monitoringu iegūstot datus par sugu populāciju un biotopu platību izmaiņām *Natura 2000* vietās. Prioritāri iegūstama informācija par tām sugām un biotopiem, kuru aizsardzībai teritorijas noteiktas kā *Natura 2000* vietas;

2) LHEI (Latvijas Hidroekoloģijas Institūts) īsteno monitoringu Latvijas jūras piekrastes un atklātajā daļā. *Natura 2000* monitorings Latvijas jūras piekrastes un atklātajā daļā aprakstīts Ūdeņu monitoringa programmas Jūras vides monitoringa programmas sadaļā.

Natura 2000 teritoriju monitoringa aktivitāšu īstenošanas biežumu, monitoringa veidus un to īstenošanas metodiku nosaka *Natura 2000* monitoringa programma, kas ir izstrādāta saskaņā ar Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmu, kas savukārt balstās uz Vides politikas pamatnostādņēm 2021.-2027. gadam. Monitoringa aktivitāšu apkopojums ir pieejams 1. pielikumā. *Natura 2000* monitoringa veikšanas gaitā iegūto informāciju par sugu populāciju un biotopu platību izmaiņām *Natura 2000* vietās apkopo 6 gadu periodā. Beidzoties kārtējam sešu gadu ciklam (iepriekšējais periods 2013.-2018. gads) tiek veiktas izmaiņas *Natura 2000* datu bāzē, tomēr izmaiņas *Natura 2000* datu bāzē tiek ieviestas arī ātrāk, ja sugu monitorēšanas biežums nav noteikts katru gadu.

Natura 2000 monitoringa metodiku veido vietu apsekošanas tabulas, metožu katalogs(-i), apsekošanas kartes un sugu un biotopu apsekošanas anketas. Līdz ar to, pastāv protokoli un monitoringu programmas vispārīgām *Natura 2000* biotopu monitoringam, bet atsevišķi par bezmugurkaulnieku ĢMO iestrādnēs ir Daugavpils Universitātei. Bez mugurkaulnieku monitorings *Natura 2000* vietās tiek īstenots saskaņā ar bezmugurkaulnieku monitoringa metodiku *Natura 2000* teritorijās (Balalaikins red. 2020). *Natura 2000* teritoriju bezmugurkaulnieku monitorings ir *Natura 2000* teritoriju monitoringa programmas sastāvdaļa, kas tiek realizēta bioloģiskās daudzveidības monitoringa ietvaros. Tā mērķis ir iegūt informāciju par Biotopu direktīvas (European Commission 1996) II pielikuma bezmugurkaulnieku sugām gan konkrētu *Natura 2000* teritoriju, gan visa *Natura 2000* teritoriju tīkla kontekstā. Monitoringa rezultāti ir nepieciešami regulārai *Natura 2000* teritoriju datubāzes aktualizēšanai un ziņojumu sagatavošanai Eiropas Komisijai par Biotopu direktīvas sugu aizsardzības stāvokli Latvijā. Svarīgākie jautājumi, uz kuriem monitoringam ir jāsniedz

atbildes, ir monitorējamo sugu populācijas lieluma un tām raksturīgo biotopu kvalitātes novērtējumi.

Bezmugurkaulnieku monitoringa *Natura 2000* teritorijās ietvaros tiek veikta vairāku organismu grupu uzskaitē. No šīm grupām ĢM organismu izplatības riskam var būt pakļautas dienas tauriņu sugas. Monitoringa ietvaros prioritāri monitorējamas Padomes Direktīvā 92/43/EEK “Par dabisko dzīvotņu, savvaļas faunas un floras aizsardzību (Biotopu direktīva)” II pielikumā iekļautās dienastauriņu sugas:

- ✓ skabiozu pļavraibenis *Euphydryas aurinia*;
- ✓ ošu pļavraibenis *Hypodryas maturna*;
- ✓ zirgskābeņu zilenītis *Lycaena dispar*;
- ✓ brūnvālišu zilenītis *Maculinea teleius*.

Papildus ir uzskaitāmi dati arī par Biotopu direktīvas IV pielikumā iekļautajām dienastauriņu sugām. Šo zemākas prioritātes sugu uzskaites iespēju robežās ir veicamas vienlaikus ar II direktīvas pielikumā iekļauto dienastauriņu sugu uzskaiti. Biotopu direktīvas IV pielikumā iekļautās sugas:

- ✓ meža sīksamtenis *Coenonympha hero* (Coe hero);
- ✓ gāršas samtenis *Lopinga achine* (Lop achi);
- ✓ lielais viršu zilenītis *Maculinea arion* (Mac ari);
- ✓ cīrulīšu dižtauriņš *Parnassius mnemosyne* (Par mnem);
- ✓ zobspārnu sfings *Proserpinus proserpina* (Pro pros).

Dienastauriņu monitoringam izvēlētā metode ir pieaugušu īpatņu (imago) uzskaitē maršrutos. Šī metode ir izmantojama visu monitoringa metodikā iekļauto prioritāri monitorējamo sugu uzskaitē. Monitoringa metodikas ietvaros izveidotie uzskaites maršruti ir paredzēti skabiozu pļavraibeņa, ošu pļavraibeņa, zirgskābeņu zilenīša un brūnvālišu zilenīša uzskaitēm. Papildus šo metodi var izmantot arī vienlaicīgam citu īpaši aizsargājamo dienastauriņu sugu monitoringam. Veicot maršrutu apsekošanu ir jāpievērš uzmanība meža sīksamteņa, gāršas samteņa, lielā viršu zilenīša, cīrulīšu dižtauriņa un zobspārnu sfinga sastopamības iespējai konkrētajā biotopā, ņemot vērā šo sugu lidošanas fenoloģiju.

Dienastauriņu maršrutu uzskaites ir plaši izmantota un aprobēta metode visā Eiropā (van Swaay et al. 2008). Uzskaites tiek veiktas vienu reizi sešu gadu periodā. Dienas tauriņu monitorings *Natura 2000* teritorijās nevar sniegt atbildi par ĢM organismu ietekmi uz aizsargājamo dienas tauriņu sugu populāciju izmēriem, tomēr, gadījumā ja *Natura 2000* teritorijā samazinās kādas no mērķsugām populācija ir iespējams izvērtēt, vai ĢM organismu sējumi varēja radīt tai riskus. Gadījumā ja potenciālie riski tiek konstatēti, ir veicams papildus pētījums, ar mērķi noskaidrot ĢM organismu sējumu iespējamo ietekmi uz konkrētu tauriņu sugu. Pētījuma ietvaros noskaidrojot, vai pastāv konkrētas sugas saskarsme ar ĢM organismiem, vai citām sugām, kuru populācijas ir ietekmējuši ĢM organismi.

Natura 2000 monitoringā ietvaros tiek vērtētas arī aizsargājamo ūdensvaboļu, pumpurgliemežu, gliemeņu, spāru, dobumu māņskorpiona, tumšās pūcītes, saproksīlo kukaņu, vēžu un medicīnas dēles populācijas. ĢM organismu ietekme uz šīm sugām ir maz ticama, līdz ar to, šo sugu monitoringa aktivitātes nav aktuālas ĢM organismu ietekmes novērtējumam.

2.4.2. Vides fona un speciālais monitorings

Vides fona un speciālais monitorings ir būtisks, lai novērtētu ĢMO ietekmi uz vidi un cilvēku veselību, kā arī nodrošinātu atbilstību normatīvajiem aktiem. ĢMO vides fona monitoringā jāizmanto metodes, kas ņem vērā vietējo ekosistēmu īpatnības, dabas daudzveidību, kā arī cilvēku un lauksaimniecības aktivitātes. Līdz ar to, vides fona un speciālo monitoringu veikšanā iespējams izmantot samērā plašu klāstu ar saistītajām metodikām (piemēram: bioloģiskās daudzveidība; gēnu plūsma; augsnes un ūdens kvalitāte; invazīvo sugu kontrole; sabiedrības un lauksaimnieku iesaiste; kontrolteritoriju un reāllaika datu ievākšana). Piemēram, notiek darbs pie vides DNS paraugu ievākšanas, ko veic LHEI sadarbībā ar Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centru, lai izstrādātu īpaši aizsargājamo dabas teritoriju invazīvo sugu monitoringu vides DNS paraugu ievākšanu (<https://lhei.lv/invazivo-sugu-monitorings-iadt-izmantojot-vides-dns-metodi-nr-1-08-87-2023/>). Metodiku iespējams varētu paredzēt paplašināt un iekļaut arī vides DNS skrīningu iekļaujot potenciālās ĢMO sugas no pieejamām datu bāzēm.

No vides viedokļa, mūsdienās aktuāls ir plastmasas (makro, mikro un nano frakcijas) piesārņojums un plastmasa atrodama visās vidēs, neatkarīgi no aizsardzības līmeņa. Lai cīnītos ar plastmasas piesārņojumu, ir radītas ĢMO baktērijas, kuras izmanto kā barības vielu plastmasu, bet nav vēl pietiekami pētījumi par šo baktēriju ietekmi uz vidi. Šobrīd, ar ĢMO baktērijām tiek eksperimentēts laboratorijas apstākļos, bet ļoti iespējama šo baktēriju nonākšana vidē. Lai arī satraukumam nav pamata, ir jāapzinās, ka šāds potenciālais ĢMO ietekmējošais faktors var pastāvēt. Te arī jānorāda, ka plastmasa var būt genotoksiska (Roursgaard et al., 2022), un vēl nav pietiekoši izpētīta plastmasas ietekme uz floru un faunu, kas bez ĢMO var radīt ietekmi uz DNS (iespējams, papildus ietekme).

Klimata izmaiņu ietekmē, tiek prognozēts, ka sugas, tai skaitā, bezmugurkaulnieki var migrēt no teritorijām, kuras nav to dabiskā dzīves vide. Šajā aspektā, vides monitoringa ietvaros, būtu jāparedz veikt uz klimata-izmaiņām balstītu scenāriju izstrāde potenciālo sugu tolerances līmeņu noteikšanai ĢMO izplatības kontekstā.

Aļģes ir viens no bāzes barības vielu avotiem dažādiem bezmugurkaulniekiem, kas nozīmē, ka potenciāls risks (zems) pastāv, ka šāda veida ĢMO ietekme var būt novērojama ūdens vidēs (piemēram, lielāku apdzīvoto vietu tuvumā un Baltijas jūras piekrastē). ĢMO aļģes ir viens no potenciāliem vides riskiem ūdens teritorijās, jo tās ar notekūdeņiem var nonākt vidē. ĢMO aļģes tiek praktizētas eksperimentos, lai attīstītu to izmantošanu dažādu ar vides attīrīšanu vai tautsaimniecībai nozīmīgu jaunu produktu ražošanu. Zinātniskajā literatūrā atrodami eksperimentālie pētījumi norāda, ka šādu aļģu izklūšanas biežums ir zemāks par noteikšanas robežām (Sebesta et al., 2022). Tomēr, pētījumi parasti ir veikti rūpīgi kontrolētos eksperimentos, kuros var neizdoties atspoguļot izbēgšanas mehānismus, kas var rasties sarežģītākā plaša mēroga kultivēšanas apstākļos. Ņemot vērā, ka ģenētiski modificētās aļģes var audzēt ārā, iespējams, atklātos dīķos, šādu organismu potenciāls nokļūt vidē ir lielāks nekā parastās rūpnieciskās kultivēšanas gadījumos.

ĪADT dzīvotņu saglabāšanā rada riskus, piemēram, Ādažu poligonā, kur notiek apmācības un tiek transportēti militārais personāls, aprīkojums un transportlīdzekļi, kas rada potenciālu iespēju izplatīties ne tikai florai, bet arī faunai, kas potenciāli ir ĢMO. Daļa no *Natura2000* ietver lielas Latvijas teritorijas daļas, kurās notiek tūrisms, kas rada potenciālos draudus taksonu neapzinātai ievazāšanai no citām valstīm.

Viens no purvu teritoriju riskiem ir pieguļošo teritoriju lauksaimniecība, kur potenciāli var tikt izmantoti ĢMO, kas var nonākt ar dažādu vektoru palīdzību purva vidē. Kaut arī risks pastāv, funkcionāls purvs ir izveidojis vidi (it sevišķi, sfagnum sūnu purvi), kurā var augt un attīstīties konkrēta flora un fauna, līdz ar to, ĢMO ietekme prognozējama kā zema. Potenciāls risks pastāv, attīstoties kūdrāju un mitrāju atjaunošanas projektiem. Izšķir divus fundamentālus purvu atjaunošanas paņēmienus – 1) renaturalizēt (atjaunot sākotnējo purva dzīvotni), un 2) realizēt paludikultūru audzēšanu (lauksaimniecība un mežsaimniecība mitros kūdrājos). Abos gadījumos var tikt izmantotas apzinātas sugu stādīšanas. Svarīgi, lai realizējot šādus projektus un aktivitātes tiktu ievērotas un izmantotas Latvijas teritorijai raksturīgas sugas. Mitrāju atjaunošanas un to funkcionalitātes uzlabošanas ietvaros izstrādāti ĢMO, kuri līdz šim nav konstatēti Latvijas teritorijā, bet zināms risks pastāv, ka šāda sugas var ieviesties (piem., mitru zālāju gadījumā: Czako et al., 2005; un mitrāju gadījumā: Carstens et al., 2012). Šādu projektu realizācijā svarīgi vismaz pāris reizes veikt monitoringu, lai pārliecinātos, ka šajā teritorijās netiek audzētas/ieviesušās ĢMO, kas var attiecīgi ietekmēt citas šādā vidē dzīvojošās sugas. Daļā *Natura 2000* purviem jau ir veikta renaturalizācija (piem., <https://www.purvi.lv/lv/projekta-vietas/index.html>).

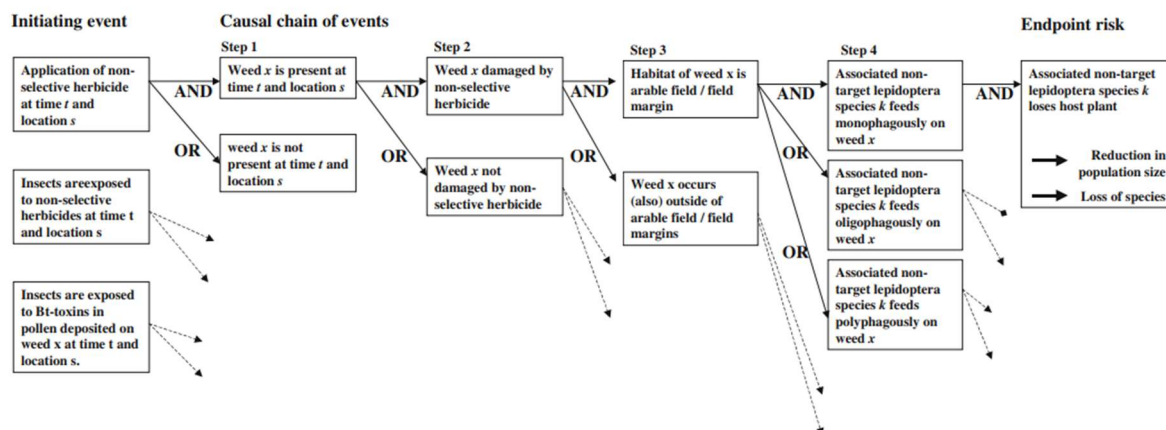
2.4.3. ĢMO izraisīto risku izvērtējums uz kukaiņu sugām

ĢMO ietekme uz kukaiņu bioloģisko daudzveidību ir saistīta ar kompromisu starp potenciālajiem ieguvumiem (piemēram, pesticīdu lietošanas samazināšanos) un riskiem (piemēram, dzīvotņu zudumu, ietekmi uz nemērķa kukaiņu sugām un lauksaimniecības kaitēkļu noturību pret ĢM augu radītājiem kukaiņu ierobežošanas līdzekļiem un paņēmieniem) (Nayab 2023). Lai gan ĢM kultūras var veicināt ilgtspējīgāku lauksaimniecību, tās rada arī ievērojamus riskus kukaiņu bioloģiskajai daudzveidībai, kas ir jāpārvalda, veicot rūpīgu uzraudzību, pētījumus un ieviešot riska mazināšanas stratēģijas (Prakash et al. 2011). Ekoloģiskā līdzsvara saglabāšana un kukaiņu bioloģiskās daudzveidības aizsardzība ir būtiska, lai saglabātu šo organismu sniegtos ekosistēmu un lauksaimniecības pakalpojumus (Lövei et al. 2010).

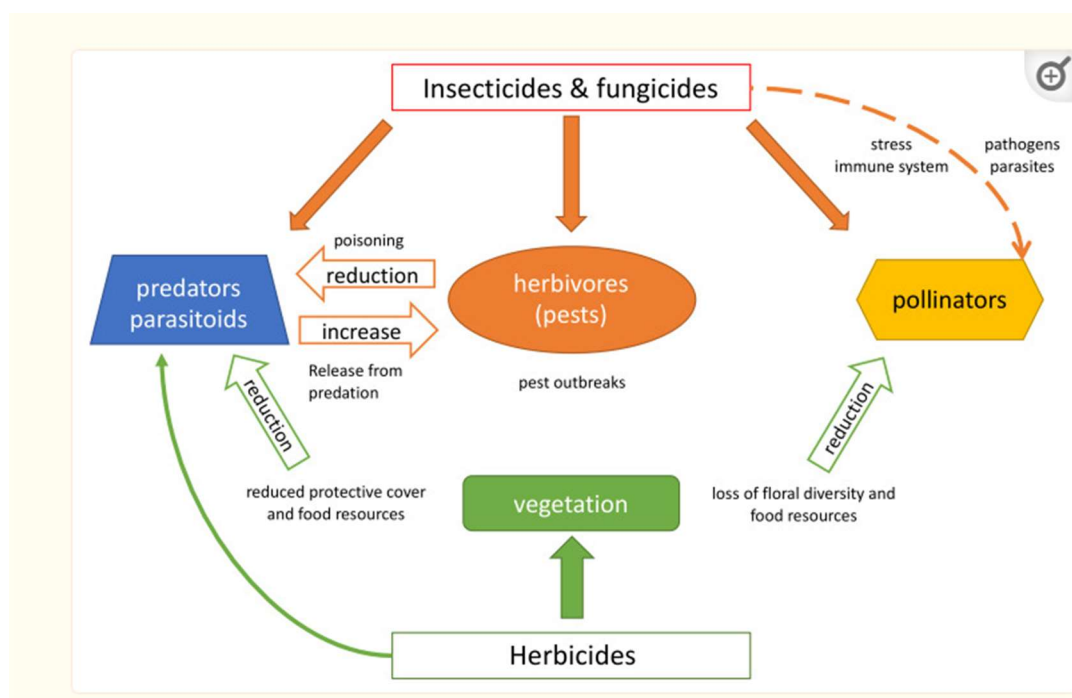
2.4.3.1. Vietējo augu sugu daudzveidības samazināšanās ĢMO sējumos

Ģenētiski modificētus kultūraugus bieži raksturo to augsta tolerance pret dažādiem herbicīdiem, piemēram glifosātu, kas veicina lielāku herbicīdu pielietošanas intensitāti (Schütte et al. 2017). Plaša herbicīdu pielietošana samazina augu daudzveidību sējumos un to tuvumā, tādā veidā samazinot zālēdāju kukaiņu un apputeksnētāju daudzveidību. Vienas kukaiņu grupas daudzveidības samazinājums var ietekmēt arī citu barības tīkla organismus, piemēram plēsīgo organismu populācijas (Brühl & Zaller 2019). Potenciāli būtiskāka ietekme paredzama uz apputeksnētājiem – bišu dzimtas Apidae un tauriņu kārtas Lepidoptera pārstāvjiem (Mu et al. 2022). Latvijā nav veikti pētījumi, kas norāda uz šī riska būtiskumu. Savukārt pētījumi ir veikti glifosātu rezistentas kukurūzas un sojas sējumos samazinās ziedaugu daudzveidības, kas ir vitāli svarīgi apputeksnētājiem bitēm un tauriņiem. Piemēram, asklēpiju *Asclepias* samazinājums, kas ir monarha tauriņa *Danaida monarch* barības augs tiek saistīts ar herbicīdu lietošanu ģenētiski modificētu augu sējumos (Brower et al. 2012, Pleasants & Oberhauser 2013, Pleasants et al. 2016, Schütte et al. 2017). Gadījumā, ja GM kukurūza un rapsis tiks plaši audzēts Eiropā, līdzīgs scenārijs tiek paredzēts arī papuves raibenim (*Issoria lathonia*), kas sastopams Latvijā (Hilbeck et al. 2008). Vācijā tika izstrādāts algoritms (2.att.), lai analizētu iespējamus riskus bioloģiskai daudzveidībai, ko rada neselektīvu herbicīdu lietošana, audzējot ģenētiski modificētu, pret herbicīdiem rezistentu kukurūzu (Hilbeck et al. 2008). Veicot analīzi tika izveidota tabula, kurā iekļautas tauriņu sugu un nezāļu asociācijas. Tauriņu sugas, kas saistītas ar sējumu nezālēm var tikt izmantotas kā indikatori ĢM sējumu ietekmei (2. pielikums).

Herbicīdu lietošana ir saistāma arī ar zālēdāju kukaiņu populāciju samazinājumu. Sējumus apdzīvo arī kukaiņu sugas, kas nav trofiski saistītas ar sējumu pamataugu. Šo sugu populācijas var samazināties to barības augu, herbicīdu izraisīta, samazinājuma rezultātā (Sanchez-Bayo 2021). Pesticīdu ietekmei uz kukaiņu faunu ir process, kas aptver dažādas organismu grupas, rezultātā izraisot ilgtermiņa negatīvas sekas (3.att.).



2.attēls. Algoritms bioloģiskās daudzveidības risku novērtēšanai, ko rada neselektīvu herbicīdu lietošana, audzējot ģenētiski modificētu, pret herbicīdiem rezistentu kukurūzu (Hilbeck et al. 2008).



3.attēls. Pesticīdu izmantošanas ietekme uz kukaiņu faunu (Sanchez-Bayo 2021).

2.4.3.2. Olbaltumvielu toksīnu izraisītā kukaiņu letalitāte

Augu bioloģiskajā aizsardzībā tiek pielietoti ģenētiski modificētie augi, kas satur endotoksīnus. Dabiski endotoksīnus izdala baktērija *Bacillus thuringiensis*, kas ir grampozitīvo augsnes baktēriju suga (Romeis et al. 2006). Šim toksīnam ir specifiska insekticīda iedarbība uz daudziem zvīņspārņu un cietspārņu kāpuriem, kā arī moskītu, knišķu un nematožu īpatņiem

(Belousova et al. 2021). Modificēto augu citoplazma satur šo toksīnu kristālus. Modificējot kultūraugus tiek paredzēts, ka toksīnu ietekme būs sugu specifiska un skars kultūraugu kaitēkļu sugas, tomēr pastāv bažas, ka var tikt ietekmēti arī citi kukaiņi (Yu et al. 2011, Abbas 2018).

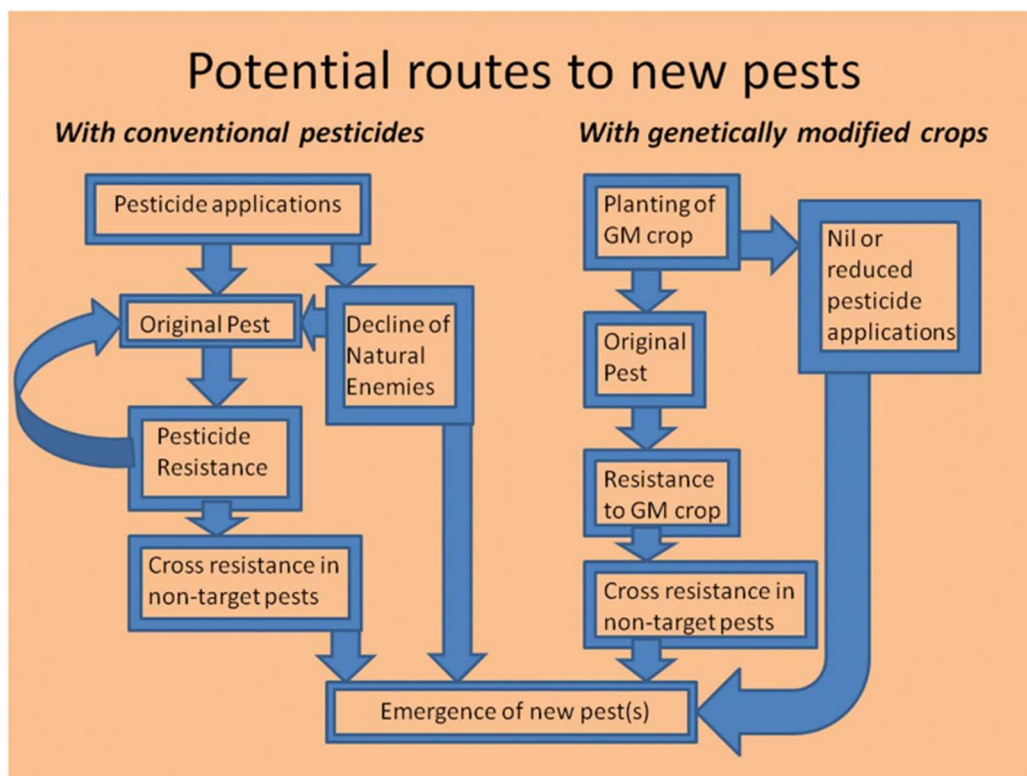
2.4.3.3. *Nemērķa kukaiņu mirstība*

Neskatoties uz to, ka toksīns iedarbojas uz konkrētām kukaiņu sugām, piemēram kukurūzas kaitēkli *Ostrinia nubilalis*, tomēr pētījumi liecina, ka dažas citas sugas, piemēram, dažas dienas un naktstauriņu sugas, kā arī citi apputeksnētāji, var tikt pakļauti toksīna iedarbībai, barojoties ar putekšņiem vai citām augu daļām. Lai gan lielākā daļa pētījumu liecina, ka ietekme uz citām ir ierobežota, joprojām pastāv neskaidrības, jo īpaši attiecībā uz ilgtermiņa ietekmi un subletālo ietekmi (piemēram, kukaiņu samazinātu reproduktīvo spēju) (Yu et al. 2011, Abbas 2018). Toksīnu atliekas var uzkrāties augsnē, potenciāli ietekmējot augsnē dzīvojošos kukaiņus un posmkājus, kuriem ir būtiska nozīme ilgtspējīgai augsnes kvalitātes uzturēšanā, pateicoties barības vielu apritei un noārdīšanai (Abbas 2018).

2.4.3.3. *Kaitēkļu izturība*

Viens no būtiskākajiem riskiem, kas saistīti ar ĢM kultūraugiem, ir noturības veidošanās pret toksīniem mērķa kaitēkļiem. Laika gaitā kaitēkļiem, kas pakļauti toksīniem, var attīstīties noturība, kas var izraisīt šo kaitēkļu savairošanos, kā rezultātā potenciāli iespējamais risinājums ir pesticīdu lietošanas palielināšana (Abbas 2018). Izturības veidošanās kaitēkļu populācijās var izjaukt ekosistēmu līdzsvaru, ļaujot kaitēkļiem izplatīties. Tas var izraisīt pārmērīgu ķīmisko pesticīdu lietošanu, lai kontrolētu izturīgās kaitēkļu populācijas. Tas var vēl vairāk kaitēt pārējām kukaiņu sugām un samazināt kopējo bioloģisko daudzveidību (Gatehouse et al. 2011).

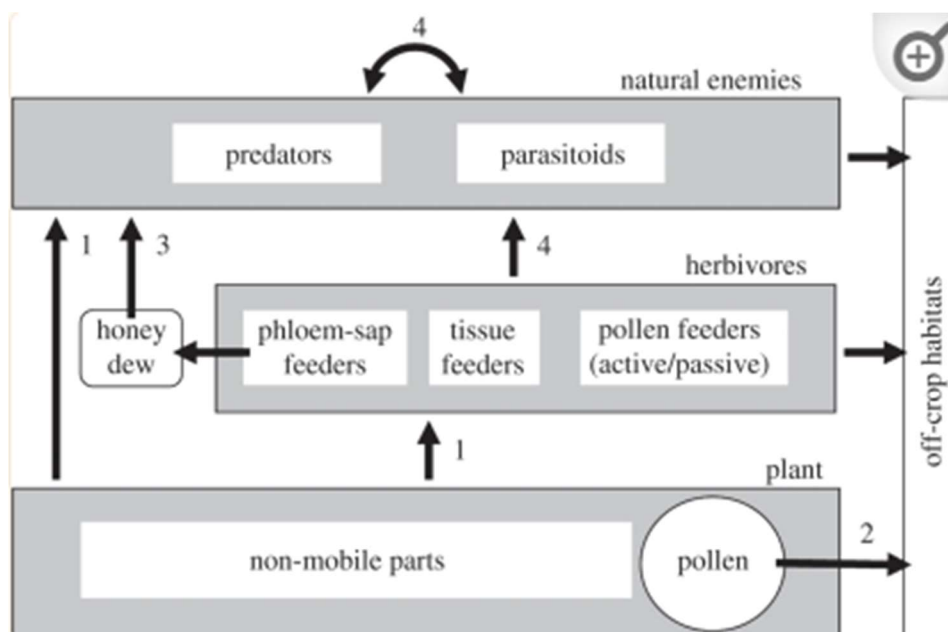
Toksīnu saturošu kultūraugu izmantošanas rezultātā samazinoties vienas kaitēkļu sugas izplatībai dažkārt var tikt izraisīti sekundāro kaitēkļu uzliesmojumi. Tas ir, ja tiek ierobežoti primārie kaitēkļi, citi kukaiņu kaitēkļi, kas iepriekš tika kontrolēti, var savairoties, izraisot bioloģiskās daudzveidības izmaiņas (4.att.) (Cheke 2018).



4.attēls. Diagramma, kurā attēloti iespējamie ceļi jaunu, bieži vien negaidītu kaitēkļu parādīšanās procesiem, ko izraisa tradicionālo pesticīdu lietošana (pa kreisi) un ģenētiski modificētu kultūraugu stādīšana (pa labi) (Cheke 2018).

2.4.3.4. Dabisko kaitēkļu ienaidnieku un citu derīgo kukaiņu skaita samazināšanās

ĢM kultūraugu izmantošana var arī netieši ietekmēt derīgo kukaiņu, piemēram, dabisko kaitēkļu ienaidnieku – plēsēju un parazītoīdu, kas palīdz kontrolēt kaitēkļus, populācijas. Tie var tikt pakļauti transgēnu produktu iedarbībai tieši no augu audu (ziedputekšņu, nektāra) patēriņa vai, biežāk, no kukaiņu, kas paši barojušies ar augu audiem, kuros transgēnu produkts ir uzkrāts, patēriņa. Šie dažādie iedarbības veidi ir parādīti 5.attēlā (Romeis et al. 2009).



5.attēls. Ceļi, pa kuriem posmkāji, kas nav mērķa posmkāji, var tikt pakļauti transgēnu produktu iedarbībai, pret kukaiņiem rezistentos transgēnos augos (Romeis et al. 2009).

Ja ģenētiski modificētās kultūras samazina mērķa kaitēkļu populāciju, tad, samazinoties pieejamiem upuriem, var samazināties arī dabisko plēsēju skaits, kas barojas ar šiem kaitēkļiem. Tas var izjaukt dabiskās bioloģiskās kontroles sistēmas, kas palīdz uzturēt ekoloģisko līdzsvaru lauksaimniecības sistēmās (Lundgren et al. 2009). Apputeksnētāji un citi derīgie kukaiņi (parazitoīdi un destruktori) ir vitāli svarīgi ekosistēmu veselībai. Tie var saskarties ar netiešiem riskiem, ko izraisa izmaiņas augu sabiedrībās, toksīnu iedarbība un samazināta barības pieejamība (Romeis et al. 2009.).

2.4.3. Ietekme uz ekosistēmu pakalpojumiem

Kukaiņi nodrošina būtiskus ekosistēmu pakalpojumus – apputeksnēšanu, kaitēkļu bioloģisko kontroli barības vielu apriti un augsnes irdināšanu. ĢM kultūras, mainot kukaiņu sabiedrības un bioloģisko daudzveidību, var traucēt šo pakalpojumu sniegšanu, kas ir ļoti svarīgi ekosistēmas funkciju un lauksaimniecības produktivitātes saglabāšanai (Arpaia 2010). Ja ĢM kultūras netieši kaitē apputeksnētājiem, piemēram, bitēm, tas var ietekmēt ne tikai kukaiņu apputeksnēto augu ražu, bet arī savvaļas augu vairošanos, kas var izraisīt kaskādveida ietekmi uz bioloģisko daudzveidību (Arpaia et al. 2021). Derīgo plēsēju un parazitoīdu skaita samazināšanās, ko izraisa ĢM kultūraugu audzēšanas prakse, var novest pie pārmērīgas

paļaušanās uz ķīmiskām kaitēkļu kontroles metodēm, kas vēl vairāk ietekmē bioloģisko daudzveidību (Brookes 2004; 2022).

2.4.3.1. Gēnu plūsma un invazivitāte

Potenciāls risks ir netīša gēnu plūsma no ĢM kultūrām uz savvaļas radniecīgām kultūrām, kas var izraisīt “supernezāļu” veidošanos vai citas neparedzētas ekoloģiskas sekas. Ja ĢM iezīmes (piemēram, izturība pret herbicīdiem) pāriet savvaļas augos, tas var izmainīt augu sabiedrības un potenciāli ietekmēt no tām atkarīgos kukaiņus (Vrbničanin et al. 2017). “Supernezāles” – pret herbicīdiem noturīgu nezāļu rašanās varētu izraisīt izmaiņas lauksaimniecības praksē, piemēram, pastiprinātu herbicīdu lietošanu, kas, mainot augu sabiedrības, var vēl vairāk samazināt kukaiņu bioloģisko daudzveidību (Kniss 2018). Hibridizācija – ja ĢM augi krustojas ar savvaļas radniecīgām sugām, tas var radīt jaunu ekoloģisko dinamiku, kas ietekmē vietējās kukaiņu sugas, mainot dzīvotņu vai barības avotu pieejamību (Vrbničanin et al. 2017).

2.4.3.2. Neplānota ekoloģiskā mijiedarbība

ĢM kultūraugiem var būt neparedzētas sekas, ko rada sarežģīta ekoloģiskā mijiedarbība. Izmaiņas vienā sugā var izraisīt viļņveida efektu visā ekosistēmā, potenciāli ietekmējot kukaiņu bioloģisko daudzveidību grūti paredzamā veidā (Ladics et al. 2015). Piemēram, kaitēkļu populāciju izmaiņas, izmantojot ĢM kultūras, var izraisīt izmaiņas citu sugu barības tīklos, tostarp kukaiņu, plēsēju un augu, populācijās (Cheke 2018). ĢM kultūru ilgtermiņa ekoloģiskā ietekme uz kukaiņiem joprojām ir joma, kas tiek pētīta. Potenciāli neliela, hroniska vai kumulatīva ietekme var parādīties tikai pēc gadiem vai desmitgadēm ĢM kultūru lietošanas (O'Callaghan 2005).

2.4.3.3. Seku mazināšanas stratēģijas

ĢM organismu potenciālās ietekmes izvērtēšana un ar tiem saistīto risku mazināšana būtiska loma ir ilgtspējīgas lauksaimniecības praksei. Piemēram, agroekoloģija vai integrētā

kaitēkļu apkarošana (IPM), var palīdzēt līdzsvarot ĢM kultūraugu priekšrocības ar nepieciešamību aizsargāt bioloģisko daudzveidību (Abdul Aziz 2022). ĢM kultūraugu radīto risku kukaiņu bioloģiskajai daudzveidībai var mazināt ar vairākām stratēģijām:

1. Ģenētiski nemodificētu augu joslas: ģenētiski nemodificētu kultūru stādīšana līdzās ĢM kultūrām var palīdzēt palēnināt kaitēkļu noturības attīstību, saglabājot gan bioloģisko daudzveidību, gan ĢM tehnoloģiju efektivitāti.
2. ĢM organismu tehnoloģiju attīstība: ģenētiskās inženierijas sasniegumi var radīt precīzākas, mērķtiecīgākas metodes, kas samazina kaitējumu nemērķa kukaiņiem un ekosistēmām (Kamthan et al. 2016, Sharma et al. 2022).
3. Ilgtspējīgas lauksaimniecības prakse: ĢM kultūraugu integrēšana plašākās ilgtspējīgas lauksaimniecības praksēs, piemēram, agroekoloģijā vai integrētajā kaitēkļu apkarošanā, var palīdzēt līdzsvarot ĢM kultūraugu priekšrocības ar nepieciešamību aizsargāt bioloģisko daudzveidību (Ceccarelli 2012).

Nozīmīgākās kukaiņu riska grupas, kas ir saistītas ar ĢM organismu izmantošanu lauksaimniecībā:

1. Apputeksnētāji (dienas tauriņi, naktstauriņi, ziedmušas).
2. Kukaiņu – fitofāgu sugas, kas nav uzskatāmas par lauksaimniecības kultūru kaitēkļiem, bet barojas sējumos un tiem pieguļošajās teritorijās.
3. Plēsīgie kukaiņi, kas barojas lauksaimniecības sējumos.

2.4.4. Monitoringa un pētījumu iespējas ĢM organismu ietekmes noteikšanai

Atsevišķu kukaiņu grupu monitoringa pasākumi ir iekļauti Vides monitoringa programmā 2021.-2026. gadam. Šī programma ir izstrādāta saskaņā ar Vides politikas pamatnostādņēm 2021.–2027. gadam. Vides monitoringa programmas saturs veidots ņemot vērā nacionālajos un ES tiesību aktos noteiktās prasības vides monitoringa veikšanai attiecībā uz veiktā un organizētā monitoringa tīklu, parametriem, novērojumu regularitāti un izmantojamām metodēm. Katrā no monitoringa programmas dokumentiem ir izvirzīts konkrētās programmas mērķis, lai izpildītu iepriekš noteiktos uzdevumus kvalitatīvai datu iegūšanai un apstrādei. Vides monitoringa programma 2021.-2026. gadam iedalīta četrās daļās:

- Gaisa un klimata pārmaiņu monitoringa programma;
- Ūdeņu monitoringa programma;
- Zemes monitoringa programma;
- Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programma.

Kukaiņu monitoringa aktivitātes ir attiecināmas uz Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmas īstenošanu. Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmas mērķi:

1. sniegt informāciju par īpaši aizsargājamo sugu un biotopu stāvokli un izmaiņām *Natura 2000* vietās;
2. sniegt informāciju par sugu populāciju lieluma un biotopu platību izmaiņu tendencēm valstī;
3. noteikt dabisko un antropogēno faktoru ietekmi uz novērojamiem biotopiem un sugām;
4. sniegt informāciju par invazīvo sugu izplatību un populāciju lieluma (vai relatīvā lieluma), kas ir reprezentatīvas visai valsts teritorijai kopumā, izmaiņām.

Lai nodrošinātu šo mērķu īstenošanu, bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmu iedala četrās sadaļās:

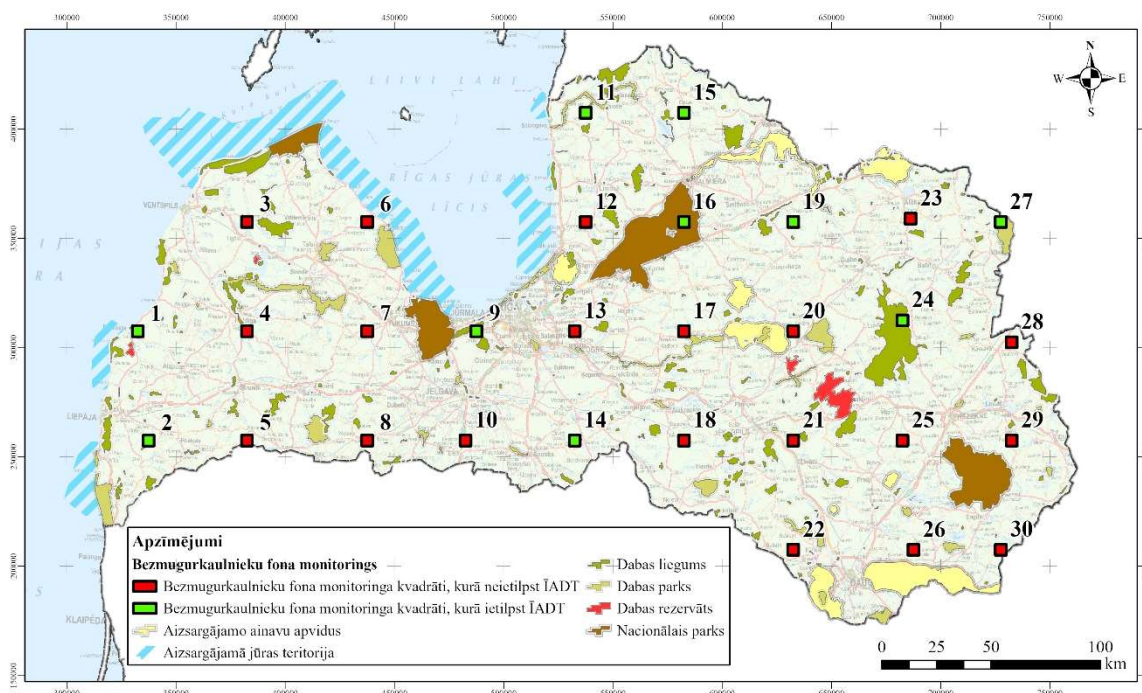
1. *Natura 2000* vietu monitorings;
2. valsts (fona) monitorings;
3. speciālais monitorings;
4. invazīvo sugu monitorings.

2.4.5. Bezmugurkaulnieku fona monitorings

Monitoringa mērķis ir sniegt informāciju par dienas tauriņu, naktstauriņu, skrejvaboļu un spāru sugu populācijām Latvijas teritorijā izvietotos monitoringa kvadrātos, iegūstot statistiski ticamus datus par šo bezmugurkaulnieku grupu, sugu un īpatņu skaita vai populāciju relatīvā lieluma izmaiņām valsts teritorijā, kā arī biotopu platību izmaiņu tendencēm valstī. Atšķirībā no *Natura 2000* monitoringa, kas tiek veikts tikai īpaši aizsargājamās dabas teritorijās, fona monitorings nodrošina sugu un biotopu monitoringu, kas ir reprezentatīvs visai valsts

teritorijai kopumā. Monitorings dod datus nevis tikai par vienu sugu vai biotopu, bet gan par plašāku kompleksu vērtībām, kuru nozīmīga daļa atrodas ārpus ĪADT, t.sk., *Natura 2000*.

Bezmugurkaulnieku fona monitorings tiek veikts iepriekš noteiktos, nemainīgos parauglaukumos (Valainis u.c. 2009). Lai nodrošinātu parauglaukumu sistemātisku un vienmērīgu izvietojumu, valsts teritorijā, izmantotas Latvijas koordinātu sistēmas (LKS-92) kvadrāti. 50x50 km lielos kvadrātos tika izvēlēti t.s. prioritārie 5x5 km kvadrāti, kuru numuri beidzas ar 2-22. Kopumā Latvijas teritorijā, izmantojot šādu metodiku, vienmērīgi izvietoti 30 kvadrāti. Ņemot vērā parauglaukumu izvēles principu, kuru var uzskatīt par nejaušu, daļa parauglaukumu ir izvietota īpaši aizsargājamo dabas teritoriju (turpmāk – ĪADT) robežās (skat 6. attēls),



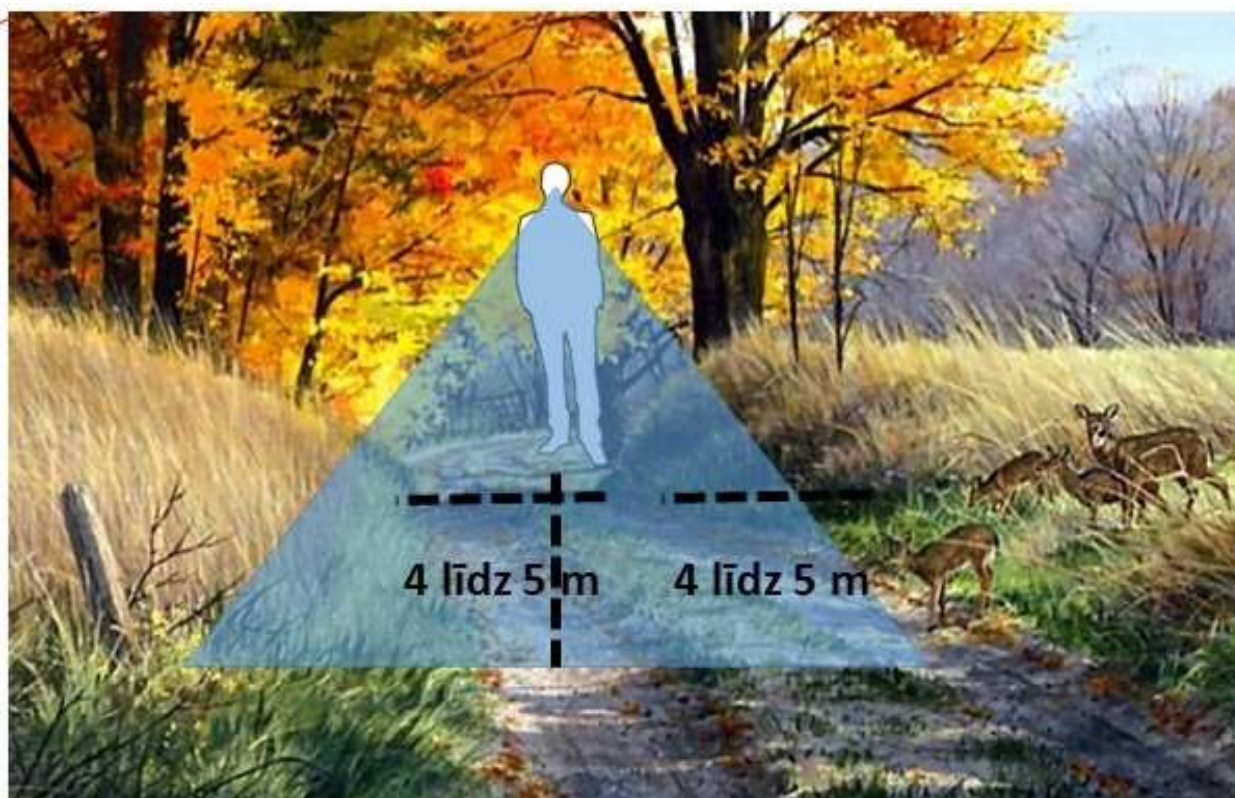
6.attēls. Fona monitoringa kvadrātu izvietojums un to pārklāšanās ar ĪADT.

Bezmugurkaulnieku fona monitoringa mērķgrupas, kuru populācijas var ietekmēt ĢM augu izplatība ir dienas tauriņi, naktstauriņi un skrejvaboles. Dienas tauriņu un naktstauriņu ietekme ir saistāma ar to barības augiem, kā arī ar apputeksnēšanas procesu. Savukārt skrejvaboles lielākoties ir plēsīgas sugas, kas dažādos sējumos barojas ar fitofāgiem, līdz ar to, skrejvabolēm ir augsta indikatīva vērtība. To populāciju izmaiņas norāda uz kopējo

ekosistēmas stāvokli un dažādu negatīvo faktoru ietekmēm, kas saistīti gan ar laikapstākļiem, gan ar teritoriju apsaimniekošanas pasākumiem.

2.4.5.1. Dienas tauriņu monitorings

Dienas tauriņi ir bezmugurkaulnieku grupa, kas bieži tiek izmantota bioloģiskās daudzveidības tendenču noteikšanai. Šī mērķa sasniegšanai ir būtiski veikt uzskaites atbilstoši standartizētai pieejai (Nowicki et al., 2007). Tauriņu uzskaites metodika (Valainis u.c. 2009) tika izstrādāta balstoties uz starptautisko pieredzi tauriņu uzskaitē (Elberg 1999, Van Swaay 2007). Dienas tauriņu uzskaitē tiek veikta, izmantojot maršrutu metodi. Uzskaita visus lidojošos dienas tauriņus 4 līdz 5 metrus uz sāniem un 4 līdz 5 metrus uz priekšu (skat. 7. attēlu). Katrā monitoringa kvadrātā uzskaitē tiek veikta nemainīgos maršrutos, kas tika definēti bezmugurkaulnieku fona monitoringa metodikā un vēlāk precizēti dabā. Katrā kvadrātā ierīkots viens vai vairāki maršruti, ar kopējo garumu 2 kilometri. Maršruti ir sadalīti posmos, kurus veido dažāda veida un kvalitātes tauriņu dzīvotnes. Tauriņi tiek uzskaitīti noteiktos laika apstākļos, kas nosakāmi pirms uzskaites veikšanas.



7. attēls. Dienas tauriņu uzskaites maršruts ar iezīmēto tauriņu uzskaites sektoru.

Dienas tauriņu uzskaitē notiek trīs reizes sezonā, tauriņu maksimālās aktivitātes periodā, kas ļauj izvērtēt fenoloģiski maksimāli plašāku tauriņu sugu grupu. Ievāktie sugu un īpatņu dati, konstatētie laika apstākļi, uzskaites laiks un maršruta raksturojums tiek norādīts lauka datu formā, kas tiek aizpildīta uzskaites laikā. Gadījumā ja tauriņa noteikšana lauka apstākļos ir apgrūtināta, nepieciešams ievākt īpatni un noteikt to laboratorijas apstākļos.

Tauriņu sugu populācijas izmaiņu rādītāju notikšanai tika aprēķināti multisugu indikatori “Multi-Species Indicators” (MSI). Tā ir biodaudzveidības noteikšanas sistēma, kurā sugu populāciju izmaiņas ir apvienotas vienā indikatorā. MSI aprēķina programma aprēķina šo indikatoru noteiktas ticamības robežās. Lineārās tendences (trend) vērtības tiek definētas vairākos terminos – “mērens pieaugums”, “liels samazinājums” vai “stabils” u.c. Papildus ir iespējams veikt papildu analīzes – izmaiņu punktu analīze, tendences izmaiņu salīdzināšana pirms un pēc izmaiņas punkta, kā arī kopējo izmaiņu laika rindā noteikšana un analīze (Anonīms 2019). MSI aprēķins tiek veikts trijos soļos: datu faila izveide “MS Excel” programmā, analīzes parametru iestatīšana un rīka palaišana. Analīzes programma ir R skripts, kas apvieno sugu gada rādītājus ar vairāku sugu indeksiem. Rīka algoritma apraksts ir pieejams Soldaat u.c. (2017). Palielinoties ĢM kultūru sēšanas izplatībai, ir jāvērtē uzmanība ar sējumu nezālēm saistīto indikatorsugu populāciju izmaiņu novērtēšanai, paturot iespēju noteikt šāda veida indikatora ieviešanu monitoringa ietvaros. Indikatorsugu noteikšanai var izmantot Vācijā izstrādāto indikatorsugu atlases principu (Hilbeck et al. 2008, 1. pielikums), iespēju robežās to papildinot.

2.4.5.2. Naktstauriņu monitorings

Naktstauriņu uzskaitē balstās uz pašķērājtipa gaismas lamatu izmantošanu. Visās lamatu stacijās tiek izmantotas viena tipa gaismas lamatas, kas aprīkotas ar viena tipa led spuldzēm, kas pielāgotas kukaiņu monitoringam (8.att.).



8.attēls. Led lampa gaismas lamatu aprīkošanai (att. pa kreisi), gaismas lamatas (att. pa labi).

Vienādu lamatu lietošana atvieglo datu interpretāciju un samazina monitoringa rezultātus ietekmējošo faktoru skaitu. Naktstauriņu monitoringa tiek veikts saskaņā ar Bezmugurkaulnieku fona monitoringa metodiku. Lamatu eksponēšana notiek astoņas nedēļas vasaras sezonas laikā. Optimālais lamatu eksponēšanas periods no 15.06. līdz 15.08. Lamatu ierīkošanu veic pieredzējušu ekspertu grupa, ar lielu pieredzi gaismas lamatu izmantošanā. Materiāls no lamatām tiek izņemts vienu reizi nedēļā, to sapakojot viena litra traukos. Līdz materiāla apstrādei tauriņi tiek turēti saldētavā pie apmēram -20°C temperatūras. Laboratorijas apstākļos ievāktais materiāls tiek sašķirot, monitoringa ietvaros tiek uzskaitīti tikai naktstauriņi (Macrolepidoptera), kodes netiek uzskaitītas. Tauriņi tiek noteikti līdz sugas līmenim, izmantojot noteicējus un standartkolekciju. Iegūtie dati tiek apkopoti, izmantojot "MS Excel" programmu.

Iegūto naktstauriņu monitoringa datu analīzei tiek izmantota standartizētā sugu populācijas izmaiņu rādītāju metodika, kuras ietvaros tiek aprēķināts multisugu indikators "Multi-Species Indicators" (MSI). Tā ir biodaudzveidības noteikšanas sistēma, kurā sugu populāciju izmaiņas ir apvienotas vienā indikatorā. Papildus MSI aprēķiniem, tauriņu

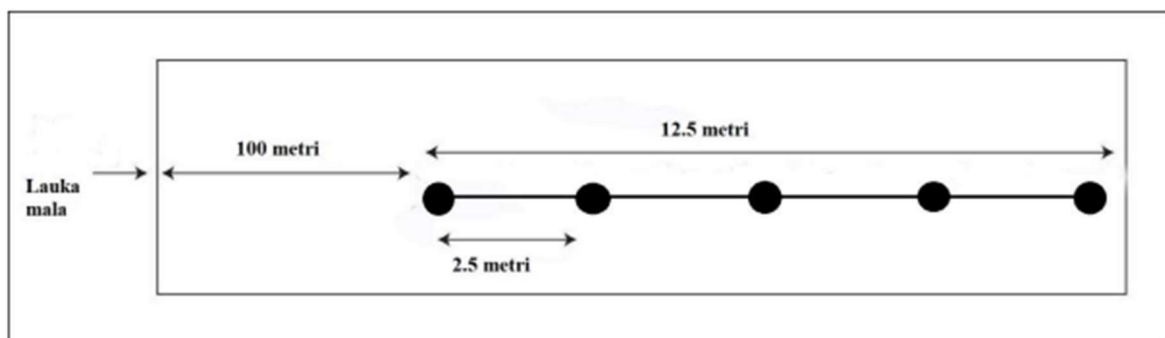
populāciju izmaiņu novērtējumam tika izmantota "TRIM programma "TRends and Indices for Monitoring Data" (Pannekoek un van Strien 2001, 2007). Sākotnēji šāda veida datu analīzes instrumenti tika izmantoti putnu, dienas tauriņu un arī spāru uzskaites datu analīzē (Gregory u.c. 2005, Pannekoek un van Strien 2001, van Strien u.c. 2004).

2.4.5.3. Skrejvaboļu monitorings

Skrejvaboles ir neatņemama un būtiska agrocenožu faunas sastāvdaļa, to sugu sastopamībai, dinamiskajam blīvumam un ekoloģiskajām prasībām ir būtiska nozīme lauksaimniecībā. Skrejvabolēm un īsspārņiem ir būtiska pozitīva nozīme agrocenozēs, kā integrētās augu aizsardzības un bioloģiskās daudzveidības elementam (Cameron, Leather 2012; Cole et al. 2005; Gailis, Turka 2013; Montanez & Amarillo-Suárez 2014). Valsts monitoringa programmas ietvaros (Bezmugurkaulnieku fona monitorings) šīs grupas uzskaitē notiek 30 monitoringa kvadrātos Latvijas teritorijā. Jāņem vērā, ka šāds monitorings nav mērķtiecīgs un varbūtība, ka monitoringa vieta sakrīt ar ĢM augu sējumiem ir samērā maza. Mērķtiecīgai ĢM organismu ietekmes noteikšanai ir veicami skrejvaboļu pētījumi ĢM organismu sējumos un ārpus tiem, vai attiecīgu nemodificētu kultūru sējumos. ĢM organismu ietekmes pētījumus var veikt saskaņā ar metodiku, kas tika pielietota salīdzinot skrejvaboļu sabiedrības konvencionāli un bioloģiski apsaimniekotās agrocenozēs. Pētījumi ar mērķi noskaidrot skrejvaboļu faunas atšķirības konvenciāli un bioloģiski apsaimniekotos laukos Daugavpils Universitātē tika veikti no 2010. līdz 2019. gadam (Balalaikins 2019). Pētījumu gaitā tika iegūtas dažādas atziņas par skrejvaboļu sabiedrībām, to atšķirībām konvencionāli un bioloģiski apsaimniekotos laukos, kā arī faktoriem, kas šīs atšķirības ietekmē. Pētījuma īstenošanai tika izmantotas Barbera tipa augsnes lamatas (9.att.), kas tika izvietotas sējumos pēc transektu principa (10.att), ne tuvāk par 100 metriem no lauka malas. Lamatu eksponēšana tika veikta saskaņā ar bezmugurkaulnieku fona monitoringa metodiku (Valainis u.c. 2009). Metodika paredz eksponēt lamatas 28 dienas, šo periodu sadalot 2 daļās, vasaras sākumā un beigās, skrejvaboļu maksimālās aktivitātes laikā. Sugu daudzveidības raksturošanai parauglaukumos tika izmantots Šēnona-Vīnera indekss.



9.attēls. Barbera tipa augsnes lamatas.



10.attēls. Barbera tipa lamatu izvietojums transektā no lauka malas.

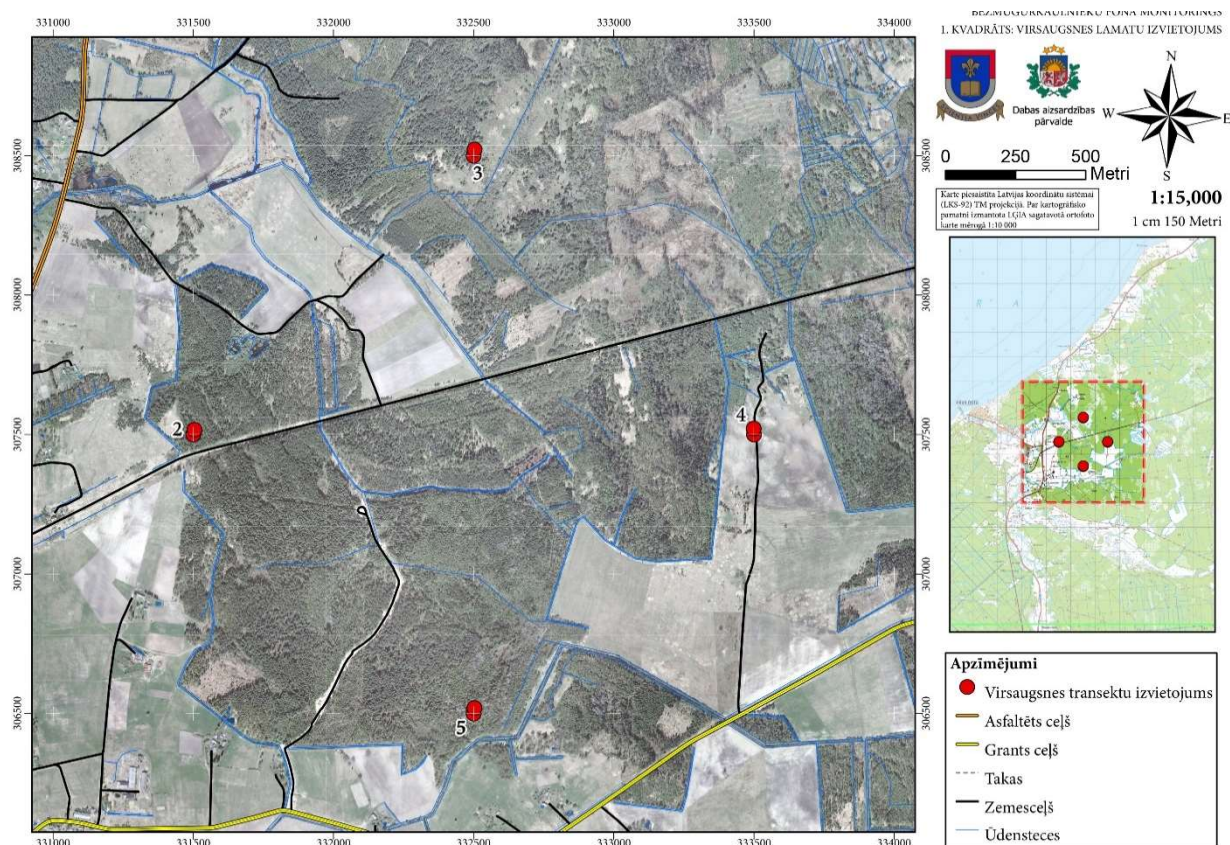
Skrejvaboles ir daudzu sauszemes ekosistēmu nozīmīgs funkcionālais elements. Šīs bezmugurkaulnieku grupas uzskaites tiek veiktas gan lauksaimniecībā izmantojamās zemēs, gan dabiskos biotopos (Brooks u.c. 2012). Virsaugsnes monitoringā tiek izmantota standartizētas augsnes lamatas, kas tiek izvietotas transektēs. Lamatām tiek izmantotas 200 mililitru vienreizējās glāzītes, kurām pielāgota jumbiņa konstrukcija (skat. 11. att.).



11. attēls. Standartizētas augsnes lamatas.

Katrā monitoringa kvadrātā tiek izvietotas četras transektes pēc vienas standartizētas shēmas (skat. 12. att.). Katras transektes garums ir 20 metri, attālums starp lamatām – divi metri. Lamatu eksponēšana tiek veikta divos posmos, vasaras sākumā un beigās, lai fiksētu pavasara un vasaras otrās puses skrejvaboļu faunas aspektu. Lamatas eksponē 28 dienas, divas nedēļas laika posmā no 01.06. līdz 30.06. un divas nedēļas laika posmā no 01.08. līdz 31.08. Lamatu ierīkošanas reizē tiek aizpildīta lauka darbu anketa, kurā ir norādīta precīzā transektas atrašanās vieta un parauglaukuma raksturojums. Lamatu saturs no vienas transektes tiek savākts vienā ZIP maisiņā, kas tiek atbilstoši marķēts. Līdz materiāla šķirošanai materiāls tiek uzglabāts saldētavā -20°C temperatūrā. Lamatu satura šķirošanas procesā tiek izņemtas skrejvaboles, izvietotas uz vates matracīšiem un noteiktas līdz sugas līmenim. Iegūtie dati tiek ievadīti “MS Excel” programmā.

Iegūto virsaugsnes monitoringa datu analīzei tiek izmantota standartizētā sugu populācijas izmaiņu rādītāju metodika, kuras ietvaros tiek aprēķināts multisugu indikators “*Multi-Species Indicators*” (MSI). Tā ir biodaudzveidības noteikšanas sistēma, kurā sugu populāciju izmaiņas ir apvienotas vienā indikatorā. Papildus MSI aprēķiniem, skrejvaboļu populāciju izmaiņu novērtējumam tiek izmantota “TRIM programma” “*TRends and Indices for Monitoring Data*” (Pannekoek & van Strien 2001, 2007). Sākotnēji šāda veida datu analīzes instrumenti tika izmantoti putnu, dienas tauriņu un arī spāru uzskaites datu analīzē (Gregory et al. 2005, Pannekoek & van Strien 2001, van Strien et al. 2004).



12. attēls. Virsaugšnes transektu izvietojums monitoringa kvadrātā.

2.4.5.4. Apputeksnētāju monitorings

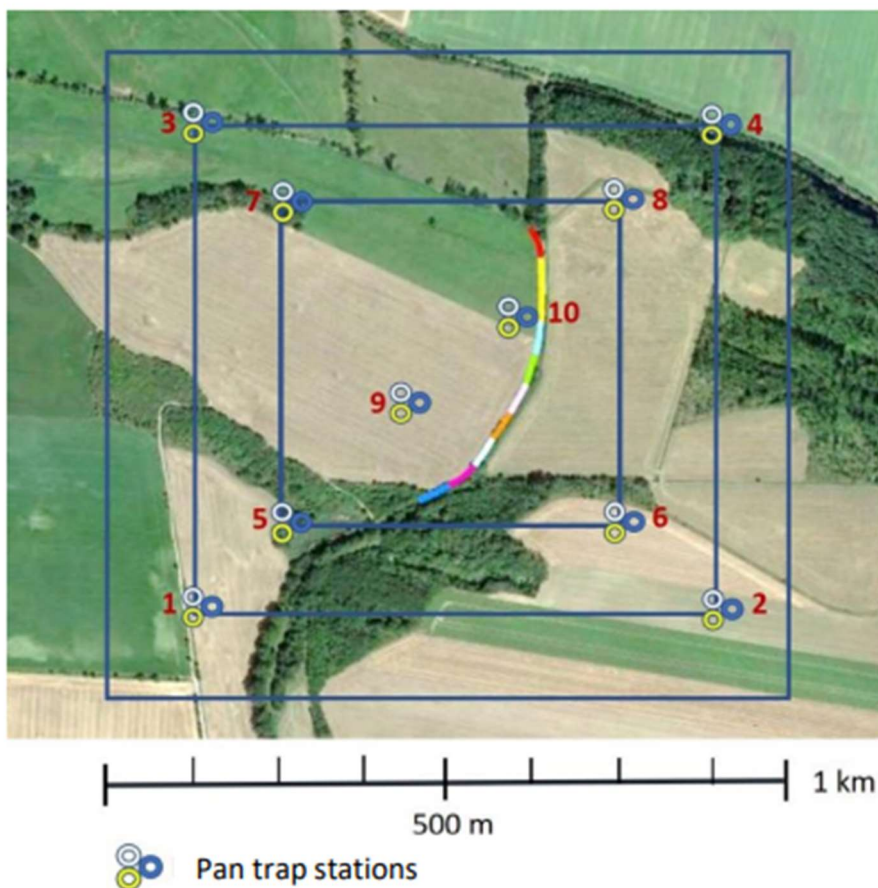
Saskaņā ar 2024. gada 24. jūnija Eiropas Parlamenta un padomes regulu (ES) 2024/1991 par dabas atjaunošanu un ar ko groza Regulu (ES) 2022/869 tiek noteikta nepieciešamība veikt apputeksnētāju monitoringu. Pēdējo desmitgažu laikā apputeksnētāju stāvoklis Savienībā ir strauji pasliktinājies, proti, katra trešā bišu suga un tauriņu suga ir sarūkoša suga un katra desmitā no šādām sugām atrodas uz izmiršanas robežas. Apputeksnētāji, apputeksnēdami savvaļas augus un kultūraugus, ir būtiski sauszemes ekosistēmu funkcionēšanai, cilvēku labbūtībai un nodrošinātībai ar pārtiku. Gan Eiropas Parlaments savā 9. jūnija rezolūcijā, gan Padome savos 2020. gada 17. decembra secinājumos par Eiropas Revīzijas palātas Īpašo ziņojumu Nr. 15/2020 ir aicinājuši rīkoties izlēmīgāk, lai apturētu apputeksnētāju iznīkšanu, izveidot Savienības mēroga apputeksnētāju monitoringa satvaru un noteikt skaidrus mērķus un indikatorus, kas saistīti ar apņemšanos novērst apputeksnētāju iznīkšanas tendenci. Eiropas Revīzijas palāta savā 2020. gadā sniegtajā īpašajā

ziņojumā ieteica Komisijai izveidot atbilstošus to darbību pārvaldības un monitoringa mehānismus, kuru mērķis ir novērst apdraudējumus apputeksnētājiem. Komisija savā 2023. gada 24. janvāra paziņojumā nāca klajā ar pārskatītu ES Apputeksnētāju iniciatīvu “ES apputeksnētāju iniciatīvas pārskatīšana – Jaunais kurss attiecībā uz apputeksnētājiem”, kurā ir izklāstītas darbības, kas Savienībai un tās dalībvalstīm jāveic, lai līdz 2030. gadam novērstu apputeksnētāju iznīkšanas tendenci.

Pašlaik, Eiropas Savienības līmeņa apputeksnētāju monitoringa programma nav ieviesta, bet monitoringa pasākumi notiek atsevišķu iniciatīvu un projektu ietvaros. Viena no būtiskākajām apputeksnētāju monitoringa iniciatīvām Eiropas Savienības valstīs, arī Latvijā tika veikta “SPRING” projekta ietvaros. Eiropas Komisija uzsāka projektu SPRING (Strengthening pollinator recovery through indicators and monitoring), kura mērķis ir stiprināt taksonomiskās spējas attiecībā uz apputeksnētājiem kukaiņiem, atbalstīt gatavošanos ES apputeksnētāju monitoringa shēmas īstenošanai un izmēģināt šo shēmu visās 27 ES valstīs. Projekta budžets ir EUR 5 miljoni. Projekts sniedz būtisku ieguldījumu zinātniski pamatotas un ilgtspējīgas ES apputeksnētāju monitoringa shēmas izveidē, kas nodrošinās virkni rādītāju, ar kuriem varēs konstatēt jebkādas būtiskas izmaiņas apputeksnētāju daudzumā visā ES. “SPRING” projektā izstrādātā monitoringa shēma balstās uz Apvienotās Karalistes apputeksnētāju monitoringa shēmas pieredzi (Carvell et al 2016, O’Connor et al. 2019).

“SPRING” projekta ietvaros izstrādātā un aprobētā metodika iekļauj sevī apputeksnētāju ķeršanu slazdos un transektu apsekojumus, kas apvienota ar vienkāršu biotopu un ziedaugu novērtēšanu. Ideālā gadījumā monitorings veicams katru gadu, bet apsekojumu skaits un grafiks dažādās vietās būs atšķirīgs. Kopējais monitoringa mērķis ir savākt datus, kas vajadzīgi, lai noteiktu ilgtermiņa izmaiņas apputeksnētāju kukaiņu populācijā visā ES. Metodika ir izstrādāta tā, lai apsekojumus varētu veikt gan profesionāli lauka biologi gan brīvprātīgie, kas nav eksperti, un tāpēc nav nepieciešamas specifiskas zināšanas apputeksnētāju noteikšanā vai apsekošanas metodēs (SPRING consortium 2022).

Saskaņā ar “SPRING” projekta monitoringa metodiku, apputeksnētāju monitorings tiek veikts 1 km² poligonos (13.att.). Poligonus monitoringam izvēlas reģionālās monitoringa īstenotāju programmas. Līdz ar to, apsekojumu teritorijas var tikt pielāgotas ĢM augu ietekmes izvērtēšanai.



13.attēls. Apputeksnētāju monitoringa lauka dizains (SPRING consortium 2022).

Katrā 1 km² poligonā pēc noteiktas shēmas tiek ierīkotas 10 apputeksnētāju lamatu stacijas, kā arī 500 metru gara apsekojuma transekta, kas ir sadalīta 10 posmos (13.att.). Katrā poligona uzskate notiek 3 reizes sezonā un katra poligona apsekojums ilgst vienu dienu. Sākumā, saskaņā ar noteikto algoritmu tiek izvietotas apputeksnētāju lamatas (13.att.), tad tiek apsekota transekta, turklāt apsekojot transektu vienā virzienā tiek uzskaitīti dienas tauriņi un pretējā virzienā divspārņi un plēvspārņi. Papildus tiek iegūta informācija par ziedošo augu kvantitatīviem un kvalitatīviem rādītājiem, kā arī par biotopiem, kuru ietvaros tiek veikts transektu apsekojums.

Šī metodika ir piemērota ĢM organismu ietekmes novērtēšanai uz apputeksnētāju daudzveidību un populāciju lielumu, gadījumā, ja parauglaukumu skaits un izvietojums tiek pielāgots šī mērķa sasniegšanai.

2.4.6. Latvijas institūciju ĢMO pētījumu kapacitāte

Latvijas institūciju apskats, kuru kompetence un pieredze atbilst *Natura 2000* un vides monitoringa, kukaiņu pētīšanas specifikai, ĢM organismu ietekmes izvērtēšanai uz kukaiņu bioloģisko daudzveidību.

Nevalstiskās organizācijas

Latvijas dabas fonds



Latvijas Dabas fonds (LDF) ir viena no pieredzes bagātākajām un lielākajām nevalstiskajām dabas aizsardzības organizācijām Latvijā, kas jau vairāk nekā 30 gadus strādā Latvijas dabai. LDF galvenā prioritāte ir praktiskā dabas aizsardzība, kā arī aktīva iesaiste vides politikas veidošanā, aizstāvēt dabas intereses. LDF misija ir dabas daudzveidības saglabāšana un atjaunošana Latvijā ar atbildību par planētu un cilvēkiem. LDF īsteno praktiskus darbus dabas labā, balstoties zinātnē un sadarbībā, lai saglabātu sugas, atjaunotu dzīvotnes un ekosistēmas. LDF savas pastāvēšanas laikā ir īstenojis vairāk nekā 150 dažādus dabas un vides aizsardzībai veltītus projektus, tai skaitā piesaistot Latvijas dabas aizsardzībai vairāk nekā 20 miljonus EUR dažādu Eiropas Savienības (ES) finanšu instrumentu līdzekļu. LDF komandā ir pieredzējuši dabas aizsardzības profesionāļi, biologi, ģeogrāfi, vides zinātnes un politikas zinātnes izglītību guvušie (<https://ldf.lv/>).

LDF realizē vairākus LIFE programmas projektus:

- WoodMeadowLIFE: Parkveida pļavu atjaunošana un atbalsts to ilgtspējīgai apsaimniekošanai Igaunijā un Latvijā;
- GrassLIFE2: Eiropas Savienības (ES) nozīmes prioritāro zālāju biotopu atjaunošana un to dažādas izmantošanas veicināšana;
- LIFE IP LatViaNature: Natura 2000 aizsargājamo teritoriju pārvaldības un apsaimniekošanas optimizācija;

- LIFE GOODWATER IP: Latvijas upju baseinu apsaimniekošanas plānu ieviešana laba virszemes ūdens stāvokļa sasniegšanai.

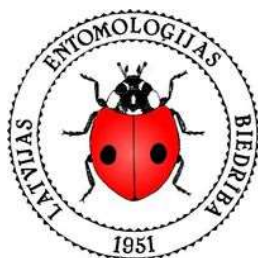
Projektu īstenošanā tiek vērtēta arī kukaiņu, tajā skaitā apputeksnētāju fauna un tiek iesaistīti dažādi speciālisti, tajā skaitā entomologi.

Kontakti:

Adrese: Blaumaņa iela 32-8, Rīga, Latvija, LV-1011, Tālr.: 67830999

E-pasts: ldf@ldf.lv

Latvijas Entomoloģijas biedrība



Latvijas Entomoloģijas biedrība (LEB) dibināta 1951. gadā, ar mērķi veicināt kukaiņu, kā arī citu bezmugurkaulnieku izpēti un aizsardzību Latvijā. Biedrība ir brīvprātīga, zinātniska organizācija, kas apvieno Latvijas un ārvalstu profesionālus zoologus un amatierus, kuri pēta un aizsargā kukaiņus un citus bezmugurkaulniekus, vai interesējas par tiem. Biedrībā ir 50 biedri no Latvijas un ārvalstīm. Lai sasniegtu LEB mērķus, tiek organizētas zinātniskas sanāksmes, semināri, apmācības, ekskursijas, zinātniskās ekspedīcijas, kā arī organizēti dažādi pasākumi plašākai sabiedrībai, kur LEB biedri informē, konsultē un izglīto sabiedrību par entomoloģijas un bezmugurkaulnieku zooloģijas jautājumiem, tajā skaitā par reto un apdraudēto sugu un to biotopu aizsardzību. Tāpat LEB biedri ir iesaistīti zinātniskajā darbībā - tiek organizēti un veikti zinātniski pētījumi un starptautiski pētījumu projekti. LEB sadarbojas ar līdzīga profila organizācijām Latvijā (piemēram, ar Dabas aizsardzības pārvaldi īpaši aizsargājamo kukaiņu sugu monitoringa ietvaros) un ārzemēs.

Kontakti: Adrese: O. Vācieša iela 4, Rīga, LV-1004

E-pasts: leb@entomologi.lv

Dabas izpētes un vides izglītības centrs



Dabas izpētes un vides izglītības centrs (DIVIC) kopš 2006. gada darbojas vides aizsardzības jomā, realizējot dažādus projektus, kas pamatā ir vērsti uz kukaiņu sugu aizsardzības principiem. DIVIC prioritāri realizē projektus, kas saistīti ar entomoloģiju. DIVIC ir realizējis virkni LVAF projektu, veica dabas aizsardzības projektu izstrādi un piedalījās LIFE programmas projektu realizēšanā.

Nozīmīgākie projekti pēdējo 3. gadu laikā:

- LVAF finansēts projekts „Rokasgrāmatas invazīvo sugu atpazīšanai izstrāde” (projekta reģistrācijas Nr.1-08/54/2022)” Īstenošanas laiks 2022 – 2023. gads.
- LVAF finansēts projekts “Inovatīvu metožu aprobācija lapkoku praulgrauža un dobumu māņskorpiona monitoringam” Īstenošanas laiks 2022 – 2023. gads.
- LVAF finansēts projekts “Sarkanā plakaņa Cucujus cinnaberinus populācijas aprēķina algoritma izstrāde un monitorings” Īstenošanas laiks 2022 – 2023. gads.

Kontakti:

Adrese - Kauņas iela 9 - 26, Daugavpils, LV-5404, mob. 26442488.

Zinātniskās institūcijas

Latvijas Universitātes Bioloģijas institūts



Latvijas Universitātes (LU) Bioloģijas institūts (BI) dibināts 1951. gadā kā Latvijas Zinātņu akadēmijas pētniecības institūts. Pēc Latvijas neatkarības atjaunošanas 1991. gadā Latvijas Zinātņu akadēmija transformējās par Eiropas tipa akadēmiju un Bioloģijas institūts kļuva par juridiski patstāvīgu LU struktūrvienību, 2016. gadā iekļaujoties LU kā pamatstruktūrvienība. Institūts ir Latvijā vadošais pētnieciskais centrs bioloģijā. Šobrīd institūts ietver 13 laboratorijas. Līdz ar jaunās LU Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultātes izveidošanu no 2024. gada jūlija institūts darbojas kā fakultātes struktūrvienība. Institūta pētnieciskās aktivitātes ir iedalāmas divos galvenajos pētniecības virzienos:

- Latvijas dabas resursu izpēte, to racionāla izmantošana, vides un ekoloģijas problēmas, dabas aizsardzība;
- Augu un dzīvnieku dzīvības norišu un bioloģiskās produktivitātes izpēte.

Institūtā atrodas arī Latvijas Gredzenošanas centrs, Latvijas Herbārijs, Sēklu kolekcija un liela Entomoloģiskā kolekcija. Institūtam ir vairākas pētniecības bāzes: Engures Ornitoloģisko pētījumu centrs, Papes Ornitoloģiskā stacija un Nacionālā ilgtermiņa ekoloģisko pētījumu tīkla Mazsalacas stacija, kas organizētas un intensīvi izmantojamas institūta zinātniekiem un studentiem.

Viena no LU BI struktūrvienībām ir eksperimentālās entomoloģijas un mikrobioloģijas laboratorija, kuras galvenās pētniecības tēmas ir:

- Bioloģiskā kontrole (fundamentālie un praktiskie aspekti)

1) Funkcionālās bioloģiskās daudzveidības (entomofāgi, parazitoīdi, akarofāgi, entomopatogēnās sēnes, baktērijas, bakulovīrusi) izplatības izpēte agrocenozēs; 2) Bioloģiskās augu aizsardzības paņēmienu optimizēšana un jaunu bioloģisko augu aizsardzības

preparātu izstrādāšana nozīmīgāko lauksaimniecības un mežsaimniecības kaitēkļu savairošanās limitēšanai; 3) Jaunu, virulentu entomopatogēno mikroorganismu izolātu izdalīšana, to īpašību noteikšana; 4) Videi draudzīgu fitopreparātu izstrāde (pētītas dažādu augu, tai skaitā skujkoku, ekstraktvielu insekticīdās un fungicīdās īpašības, kā arī augu augšanas stimulējošā ietekme).

- Nozīmīgāko augu kaitēkļu un to dabisko ienaidnieku izplatības un sastopamības pētījumi. Ar zemenēm asociēto fitofāgo kaitēkļu un to dabisko ienaidnieku izpēti. Zirgkastaņu raibkodes izplatības, bioloģijas un dabisko ienaidnieku pētījumi. Reto un invazīvo bezmugurkaulnieku izpēti.
- Augu – kaitēkļu – parazitoīdu / plēsēju vai mikroorganismu mijiedarbība

Dažādu sugu kaitēkļu dabisko ienaidnieku (parazītisko un plēsīgo posmkāju, entomopatogēno mikroorganismu un vīrusu) izpēti. Veikti pētījumi dažādu mikroorganismu un kaitēkļu mijiedarbības noskaidrošanai šūnas, indivīda un populāciju līmenī. Uz teorētisko pētījumu rezultātu pamata ir izstrādāta entomopatogēno mikroorganismu (bakulovīrusi, baktērijas, sēnes) identificēšanas metodika.

- Vides mikrobioloģija un biotehnoloģija

Izstrādātas un aprobētas metodes entomopatogēno vīrusu un sēņu klātbūtnes noteikšanai vidē. Aprobēta metodika augsnes veselības un kvalitātes novērtēšanai pilsētvidē nosakot mikroorganismu biomasu, mikroorganismu kopskaitu un dominējošās mikroorganismu sugas. Apgūtas un optimizētas metodes nanodaļiņu un biotekstila antimikrobiālo īpašību testēšanai.

Pieredze, kompetence un pakalpojumi:

- bioloģisko aģentu (baktērijas, sēnes, kukaiņu vīrusi, akarofāgi un entomofāgi organismi) atlase un savairošana;
- videi draudzīgu augu aizsardzības līdzekļu efektivitātes un piemērotības izmantošanai augu aizsardzībā novērtējums;

- augu producēto savienojumu, augu ekstraktu, fitopreparātu un citu augu aizsardzībā izmantojamo produktu bioloģisko īpašību (fungicīdā, insecticīdā un bactericīdā aktivitāte) novērtēšana;
- dažādu substrātu (augsnē, kūdra, sapropelis, humuss, komposts, kokapstrādes blakusprodukti, tekstils) un produktu (pārtika, kosmētika, tekstils u.c.) bioloģiskās un mikrobioloģiskās kvalitātes novērtējums.
- Biotekstila biodegradācijas un rezistences noteikšana.

Metodes un iekārtas pakalpojumiem:

Laboratorija ir aprīkota ar nepieciešamo aprīkojumu ilgtermiņa veģetācijas izmēģinājumiem, kukaiņu kultūru uzturēšanai un biotestu veikšanai. Tradicionālās mikrobioloģiskās metodes (mikroorganismu izdalīšana un pavairošana), izmantojot standarta, modificētas un selektīvas barotnes, bioķīmiskā mikroorganismu identifikācija, augsnē bioķīmiskā testēšana (elpošana, mikroorganismu biomasa, fermentatīvā aktivitāte u.c.), augsnē (ūdens) toksicitātes novērtēšana izmantojot dīgtspējas testu, FaxJaz citometrs.

Pašreizējie projekti:

- LU pētniecības projekts: "Bioloģiskā daudzveidība – ietekme, funkcijas un aizsardzība". Apakšprojekts: "Dzīvo organismu bioloģiskie pētījumi pilsētas, lauku un ūdens ekosistēmās", 2016-2020.g. Mērķis -izvērtēt augu kaitēkļu populācijas un to dabiskos ienaidniekus pilsētu zaļajās teritorijās.
- "Mikroorganismu asociāciju loma Lepidoptera kārtas meža kaitēkļu patogēnu attīstībā un bioloģiskajā kontrolē" - promocijas darbs " - Zane Metla (2012-2020). Mērķis - meža kaitēkļu viduszarnas mikrofloras mikroorganismu asociāciju savstarpējās mijiedarbības pētījumi un balstoties no iegūtajiem rezultātiem, un jaunas, uz mikroorganismu sinerģistiskajām attiecībām balstītas, bioloģiskās kontroles metodes izstrādāšana.

Kontakti:

Adrese: O. Vācieša iela 4, Rīga, LV-1004. tel. 67944988, e pasts: lubiadministracija@lu.lv

Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte (LBTU)



LBTU Augu aizsardzības zinātniskais institūts "Agrihorts"

Latvijas Biozinātņu un tehnoloģiju universitāte (LBTU) Augu aizsardzības zinātniskais institūts "Agrihorts" sāka darbību 2019. gada 1. janvārī, pārņemot zinātniskās funkcijas no SIA "Latvijas Augu aizsardzības pētniecības centra". Agrihorts turpina veikt zinātniskos un praktiskos pētījumus augu aizsardzības nozarē, balstoties uz ilggadīgu pieredzi. Institūta darbinieki ir pieredzējuši augu aizsardzības speciālisti, kas realizē pētījumus valsts finansētu projektu ietvaros, iesaistās starptautiskos pētnieciskos projektos, kā arī aktīvi sadarbojas ar lauksaimniekiem, meklējot risinājumus kaitīgo organismu ierobežošanai dažādos kultūraugos. Institūta darbības virzieni paplašinās, pievēršoties arī lauksaimniecībā derīgo organismu izpētei, jaunu augu aizsardzības tehnoloģiju izstrādei, kā arī augu aizsardzības līdzekļu rezistences un atliekvielu pētījumiem.

Specializācijas jomas:

- Augu aizsardzības līdzekļu un metožu pielāgošana Latvijas apstākļiem;
- Jaunu augu aizsardzības tehnoloģiju izstrāde;
- Pamata un zinātniskie pētījumi lauksaimniecībā.

"Agrihorts" pētījuma virzieni:

- Kaitīgo organismu izpēte un kontrole integrētajā un bioloģiskajā lauksaimniecībā;
- Lauksaimniecībā izmantojamo organismu izpēte;
- Jaunu tehnoloģisko risinājumu izstrāde augu aizsardzībā;
- Augu aizsardzības līdzekļu ilgtspējīga lietošana.

Nozīmīgākie projekti entomoloģijas jomā:

- Kāpostu cekulkodes *Plutella xylostella* un citu krustziežu dārzeņu kaitēkļu fenoloģijas pētījumiērglis;
- Pākšaugu aktuālo kaitēkļu efektīvāko ierobežošanas paņēmienu izvērtēšana un noteikšana un lauksaimniecībai nozīmīgāko apputeksnētāju dzīvotspēju ietekmējošo faktoru identificēšana;
- Bioloģiskās lauksaimniecības principiem atbilstoša insekticīdu pielietošanas plāna izstrāde smiltsērķšķu raibspārnmušas *Rhagoletis batava* ierobežošanai smiltsērķšķu stādījumos, lai paaugstinātu bioloģiski audzēto smiltsērķšķu ražas kvalitāti.

Kontakti:

Paula Lejiņa iela 2, Jelgava, LV-3001, Latvija

Tālr.: 29740492

E-pasts: agrihorts@lbtu.lv

E-pasts elektroniski parakstītiem dokumentiem: *edokuments@llu.lv* vai *agrihorts@llu.lv*

Daugavpils Universitāte, Dzīvības zinātņu un tehnoloģiju institūts, (DU DZTI)



DU DZTI entomoloģijas pētījumi tiek veikti Biodaudzveidības departamentā. Tajā iekļaujas DU Studiju un pētniecības centrs „Ilgas” ar tur izvietotajām Koleopteroloģisko pētījumu centra laboratorijām, kā arī Meža bioloģiskās daudzveidības pētījumu centrs ar tajā ietilpstošajām Botānikas laboratoriju, Zooloģijas laboratoriju, kā arī Meža biodaudzveidības laboratoriju. Koleopteroloģisko pētījumu centrs veic vaboļu (Coleoptera) sistemātikas, taksonomijas, morfoloģijas, faunas un biogeogrāfijas pētījumus. Centrs regulāri organizē ekspedīcijas Latvijā un ārvalstīs. Koleopteroloģisko pētījumu centrā tiek izdots starptautiskās datu bāzēs indeksēts zinātniskais žurnāls “Baltic Journal of Coleopterology”

(www.bjc.sggw.waw.pl), tiek veidota Pasaules vaboļu kolekcija un uzturēta Pasaules skrejvaboļu (www.carabidae.pro) un koksngraužu (www.cerambycidae.org) datu bāzes.

Koleopteroloģisko pētījumu centra galvenās pētījumu tēmas:

- Baltijas reģiona vaboļu (Coleoptera) faunas izplatība, taksonomija, ekoloģija un bioloģiskās daudzveidības aizsardzība;
- Paleokoleopteroloģija;
- Skrejvaboļu (Carabidae), līķvaboļu (Silphidae), īsspārņu (Staphylinidae), lapgraužu (Chrysomelidae), smecernieku (Curculionidae) dzimtu pasaules fauna, biogeogrāfija, taksonomija un sistemātika;
- Vaboļu (Coleoptera) morfoloģijas pētījumi, pielietojot konfokālo lāzerskenējošās mikroskopijas un elektronmikroskopijas metodes;
- Vaboļu (Coleoptera) bioirizācijas pētījumi;
- Vaboļu (Coleoptera) un nanodaļiņu mijiedarbības pētījumi.

Koleopteroloģisko pētījumu centra pakalpojumi:

- Bezmugurkaulnieku sugu ekspertīze ar dabas aizsardzību saistītajos jautājumos
- Meža un lauksaimniecības kaitēkļu noteikšana
- Vaboļu kolekciju materiālu noteikšana
- Zinātnes komunikēšanas pasākumi (ekspedīcijas, nometnes dabā, ekskursijas un nodarbības dabā, lauku prakses, lekcijas skolās u.c.)
- Skolēnu sagatavošana olimpiādēm, konkursiem u.c.
- Konsultācijas

Kontakti:

Parādes iela 1A, Daugavpils, Latvija, LV-5401

Tālrs: +371 26113065

E-pasts: Inese.Gavarane@du.lv

2.4.7. Secinājumi

- Natura 2000 teritorijās ir būtiski veikt ilgtermiņa vides fona un speciālo monitoringu, lai novērtētu ĢMO ietekmi uz vietējām sugām un ekosistēmām. Ņemot vērā šo teritoriju saikni ar piegulošajām zemēm un Baltijas jūru, potenciālo ĢMO monitorēšana ir vitāli svarīga gan lokālā, gan reģionālā līmenī. Šajā kontekstā svarīgi izstrādāt specifiskas monitoringa metodikas (ņemot par pamatu jau aprobētās metodikas), kas pielāgotas vietējām dabas īpatnībām (sugām, ekosistēmām) un ņem vērā klimata izmaiņu radītas sugu migrācijas tendences.
- Latvijas nevalstisko un zinātnisko institūciju pieredze un kapacitāte ļauj veikt lielu daļu no nepieciešamajām vides fona un speciālajām monitoringa programmām. Esošo institūciju ietvaros tiek izstrādāti un realizēti monitoringi un projekti, kuri veicina starpinstitucionālo sadarbību ĢMO problēmjautājumu risināšanā.
- Bezmugurkaulnieku monitorings ir nozīmīgs Latvijas teritorijā, jo bezmugurkaulnieki veido pamatu ekosistēmu veselīgai funkcionēšanai un iegūtie rezultāti var tikt tieši un netieši mērā izmantojami ĢMO konstatēšanā un izpētē (piemēram, pēkšņu populāciju samazinājumu gadījumi var norādīt uz iespējamu ĢMO klātbūtni).

Izmantotā literatūra

1. Abbas, M.S.T. (2018). Genetically engineered (modified) crops (Bacillus thuringiensis crops) and the world controversy on their safety. Egypt. J. Biol. Pest Control, 28, 52
2. Abdul Aziz, M., Brini, F., Rouached, H., & Masmoudi, K. (2022). Genetically engineered crops for sustainably enhanced food production systems. Frontiers in Plant Science., 13.
3. Anonīms, (2019). <https://www.cbs.nl/en-gb/society/nature-and-environment/indices-and-trends--trim--/msi-tool> (Apskatīts 02.2019.)
4. Arpaia, S. (2010). Genetically modified plants and “non-target” organisms: analyzing the functioning of the agro-ecosystem. Collection of Biosafety Reviews. 5:12-80.
5. Arpaia, S., Smagghe, G., Sweet, J.B. (2021). Biosafety of bee pollinators in genetically modified agro-ecosystems: Current approach and further development in the EU. Pest Manag Sci. Jun;77(6):2659-2666. doi: 10.1002/ps.6287. Epub 2021 Feb 2. Erratum in:

Pest Manag Sci. 2021 Sep;77(9):4200. doi: 10.1002/ps.6487. PMID: 33470515; PMCID: PMC8247894.

6. Balalaikins, M. 2019. Atskaite. Skrejvaboļu sabiedrības konvencionāli un LAP 2014-2020 pasākuma bioloģiskā lauksaimniecība apsaimniekotās agrocenozēs.
7. Balalaikins, M. red. 2020. Bezmugurkaulnieku monitoringa metodika natura 2000 teritorijās. <https://www.daba.gov.lv/lv/natura-2000-vietu-monitoringa-metodikas>
8. Belousova, M.E., Malovichko, Y.V., Shikov, A.E., Nizhnikov, A.A., Antonets, K.S., 2021. Dissecting the environmental consequences of *Bacillus thuringiensis* application for natural ecosystems. *Toxins*, 13, 3.
9. Brookes G. (2004). Co-existence of GM and non GM crops: current experience and key principles. PG Economics Ltd. Dorchester, UK.
10. Brookes, G. Genetically Modified (GM) Crop Use 1996–2020: Environmental Impacts Associated with Pesticide Use Change. (2022). *GM Crops Food*, 13, 262–289.
11. Brower, L.P., Taylor, O.R., Williams, E.H., Slayback, D.A., Zubieta, R.R., Ramirez, M.I. (2012). Decline of monarch butterflies overwintering in Mexico: is the migratory phenomenon at risk? *Insect Conserv Divers* 5(2):95–100
12. Brühl, C.A.; Zaller, J.G. (2019). Biodiversity Decline as a Consequence of an Inappropriate Environmental Risk Assessment of Pesticides. *Front. Environ. Sci.*, 7, 464007
13. Cameron, H.K., Leather, R.S. (2012). How good are carabid beetles (Coleoptera, Carabidae) as indicators of invertebrate abundance and order richness? *Biodiversity and Conservation*, Volume 21, Issue 3, pp 763–779.
14. Carstens, K., Anderson, J., Bachmann, P., De Schrijver, A., Dively, G., Federici, B., Hamer, M., Gielkens, M., Jensen, P., Lamp, W., Rauschen, S., Ridley, G., Romeis, J., Waggoner, A. (2012). Genetically modified crops and aquatic ecosystems: considerations for environmental risk assessment and non-targeted organism testing. *Transgenic Research*, 21, 813-842.
15. Carvell, C., Isaac, N. J. B., Jitlal, M., Peyton, J., Powney, G. D., Roy, D. B., Vanbergen, A. J., O'Connor, R. S., Jones, C. M., Kunin, W. E., Breeze, T. D., Garratt, M. P. D., Potts, S. G., Harvey, M., Ansine, J., Comont, R. F., Lee, P., Edwards, M., Roberts, S. P. M., Morris, R. K. A., Musgrove, A. J., Brereton, T., Hawes, C., and Roy, H. E. (2016). Design and Testing of a National Pollinator and Pollination Monitoring Framework. Final summary

- report to the Department for Environment, Food and Rural Affairs (Defra), Scottish Government and Welsh Government: Project WC1101.
16. Ceccarelli, S. 2012. GM Crops, Organic Agriculture and Breeding for Sustainability. *Sustainability* 2014, 6, 4273–4286. [CrossRef]
 16. Ellstrand, N.C. Over a decade of crop transgenes out-of-place. In *Regulation of Agricultural Biotechnology: The United States and Canada*; Springer Science & Business Media: Berlin/Heidelberg, Germany; pp. 123–135.
 17. Cheke, R.A. 2018. New pests for old as GMOs bring on substitute pests. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 115, 8239–8240
 18. Cole, L.J., Mc Cracken, D.I., Downie, I.S., Dennis, P., Foster, G.N., Waterhouse, T., Murphy, K.J., Griffin, A.L., Kennedy, M.P. (2005). Comparing the effects of farming practices on ground beetle (Coleoptera: Carabidae) and spider (Aranaea) assemblages of Scottish farmland. *Biodiversity and Conservation*, 14: 441-460.
 19. Czako, M., Feng, X., He, Y., Liang, D., Marton, L. (2005). Genetic modification of wetland grasses for phytoremediation. *Zeitschrift fur Naturforschung C*, 60, 285-291.
 20. Elberg, K. (1999). Entomofaunistic research in Estonia: the past, the present, and the future. *Proceedings of the XXIV Nordic Congress of Entomology*, 63 – 66. Tartu.
 21. European Commission. 1996. https://commission.europa.eu/publications/1996-commission-report-monitoring-application-eu-law_en
 22. Gailis, J., Turka, J. 2013. Discussion on ground beetles and rove beetles as indicators of sustainable agriculture in Latvia: REVIEW, *Research for Rural Development*, volume 1, 56-62.
 23. Gatehouse, A., Ferry, N., Edwards, M. & Bell, H. (2011). Insect-resistant biotech crops and their impacts on beneficial arthropods. *Philos.Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 366, 1438–1452
 24. Gregory, R.D., van Strien, A.J., Vorisek, P., Gmelig Meyling, A.W., Noble, D.G., Foppen, R.P.B., Gibbons, D.W. (2005). Developing indicators for European birds. - *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* 360: 269-288.
 25. Hilbeck A, Meier M, Benzler A (2008) Identifying indicator species for post-release monitoring of genetically modified, herbicide resistant crops. *Euphytica* 164(3):903–912
 26. <https://likumi.lv/ta/id/272171>

27. <https://natura2000.eea.europa.eu>

28. Kamthan, A., Chaudhuri, A., Kamthan, M., & Datta, A. (2016). Genetically modified (GM) crops: milestones and new advances in crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 129, 1639–1655.
29. Kniss AR. (2018). Genetically Engineered Herbicide-Resistant Crops and Herbicide-Resistant Weed Evolution in the United States. *Weed Science*.;66(2):260-273. doi:10.1017/wsc.2017.70
30. Ladics, G.S., Bartholomaeus, A., Bregitzer, P., Doerr, N.G., Gray, A., Holzhauser, T., Jordan M., Keese, P., Kok, E., Macdonald, P., Parrott, W., Privalle, L., Raybould, A., Rhee, S.Y., Rice, E., Romeis, J., Vaughn, J., Wal, J.M., Glenn, K. (2015). Genetic basis and detection of unintended effects in genetically modified crop plants. *Transgenic Res.*: 24(4):587-603. doi: 10.1007/s11248-015-9867-7. Epub 2015 Feb 26. PMID: 25716164; PMCID: PMC4504983.
31. Lövei, G. L., Bøhn, T., Hilbeck, A. (2010). Biodiversity, Ecosystem Services and Genetically Modified Organisms. TWN Biotechnology & Biosafety series 10. Norsk institutt for genøkologi (GenØk), Tromsø, and Tapir Academic Press, Trondheim, 2.
32. Lundgren, J. G., Gassmann, A. J., Bernal, J., Duan, J. J. & Ruberson, J. (2009). Ecological compatibility of GM crops and biological control. *Crop Prot.* 28, 1017–1030
33. Montanez, M. N., Amarillo-Suárez, A. 2014. Impact of organic crops on the diversity of insects: A review of recent research. – *Revista Colombiana de Entomología* 40(2): 131-142.
34. Mu, H., Wang, K., Yang, X., Xu. W., Liu, X., Ritsema, C.J., Geissen, V. (2022). Pesticide usage practices and the exposure risk to pollinators: a case study in the north China plain. *Ecotoxicol Environ Saf.*: 241:113713.
35. Nayab, N. (2023). Environmental effects associated with genetically modified crop cultivation - A review. *Journal of Qassim University for Science* 2(2), 25-52.
36. Nowicki, P., Pepkowska, A., Kudlek, J., Skórka, P., Witek, M., Settele, J., Woyciechowski, M. (2007). From metapopulation theory to conservation recommendations: lessons from spatial occurrence and abundance patterns of *Maculinea* butterflies. *Biol Conserv* 140:119–129. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2007.08.001>

37. O'Callaghan, M., Glare, T.R., Burgess, E.P., Malone, L.A. (2005). Effects of plants genetically modified for insect resistance on nontarget organisms. *Annu Rev Entomol.*; 50:271-92. doi: 10.1146/annurev.ento.50.071803.130352. PMID: 15355241.
38. O'Connor, R., Kunin, W.E., Garratt, M.P., Potts, S.G., Roy, H.E., Andrews, C. ... Carvell, C. (2019). Monitoring insect pollinators and flower visitation: the effectiveness and feasibility of different survey methods. *Methods in Ecology and Evolution* 10, 2129-2140 <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13292>
39. Pannekoek, J., van Strien, A. (2007). TRIM 3.54 software. Statistics Netherlands.
40. Pannekoek, J., van Strien, A.J. (2001). TRIM 3 manual: TRends and Indices for Monitoring data. Research paper No.: 0102. Statistics Netherlands, Voorburg. 58 p.
41. Pleasants, J.M., Oberhauser, K.S. (2013). Milkweed loss in agricultural fields because of herbicide use: effect on the monarch butterfly population. *Insect Conserv Divers* 6(2):135–144
42. Pleasants, J.M., Williams, E.H., Brower, L.P., Oberhauser, K.S., Taylor, O.R. (2016). Letter to the editor: conclusion of no decline in summer monarch population not supported. *Ann Entomol Soc Am* 109(2):169–171
43. Pott, A., Otto, M., Schulz, R. (2018). Impact of genetically modified organisms on aquatic environments: Review of available data for the risk assessment. *Science of the Total Environment*, 653, 687-698.
44. Prakash D, Verma S, Bhatia R, Tiwary BN. (2011). Risks and precautions of genetically modified organisms. *ISRN Ecology*
45. Reynolds, C., Miranda, N.A.F., Cumming, G.S. (2015). The role of waterbirds in the dispersal of aquatic alien and invasive species. *Diversity and Distributions*, 21, 744-754.
46. Romeis, J., Meissle, M., Bigler, F. (2006). Transgenic crops expressing *Bacillus thuringiensis* toxins and biological control. *Nat Biotechnol.* 24(1):63–71. doi:10.1038/nbt1180.
47. Romeis, J., Meissle, M., Raybould, A., Hellmich, R.L. (2009). Impact of insect-resistant transgenic crops on above-ground non-target arthropods. In *Environmental impact of genetically modified crops* (eds Ferry N., Gatehouse A. M. R.). Wallingford, UK: CAB International

48. Roursgaard, M., Rothmann, M.H., Schulte, J., Karadimou, I., Marinelli, E., Moller, P. (2022). Genotoxicity of particles from grinded plastic items in Caco-2 and HepG2 cells. *Frontiers in Public Health*, 10, doi.org/10.3389/fpubh.2022.906430
49. Sanchez-Bayo, F., (2021). Indirect effect of pesticides on insects and other arthropods. *Toxics*. <https://doi.org/10.3390/toxics9080177>
50. Schütte, G., Eckerstorfer, M., Rastelli, V., Reichenbecher, W., Restrepo-Vassalli S., Ruohonen-Lehto M., et al. (2017). Herbicide resistance and biodiversity: Agronomic and environmental aspects of genetically modified herbicideresistant plants. *Environmental Sciences Europe*: 29(1):5–5. DOI:10.1186/S12302-016-0100-Y
51. Sebesta, J., Xiong, W., Guarnieri, M.T., Yu, J. (2022). Biocontainment of genetically engineered algae. *Frontiers in Plant Science*, 13, doi.org/10.3389/fpls.2022.839446
52. Sharma, P., Singh, S.P., Iqbal H.M.N., Parra-Saldivar, R., Varjani, S., Tong, Y.W. 2022. Genetic modifications associated with sustainability aspects for sustainable developments. *Bioengineered*.13(4):9509–21. doi:10. 1080/21655979.2022.2061146.
53. Soldaat, L.L., Pannekoek, J., Verweij, R.J.T., van Turnhout, C.A.M., van Strien, A.J., (2017). A Monte Carlo method to account for sampling error in multi-species indicators. *Ecological Indicators*.
54. SPRING consortium (2022). SPRING Minimum Viable Scheme Pilot: Site Survey Guidance (vers. April 2022)
55. Valainis U, Cibulskis R, Savenkovs N. 2009. Bezmugurkaulnieku fona monitoringa metodika. Daugavpils Universitātes Sistemātiskās bioloģijas institūts, Daugavpils, 22 lpp.
56. Van Strien, A., Pannekoek, J., Hagemeyer, W., Verstrael, T. (2004). A loglinear Poisson regression method to analyse bird monitoring data. *Bird Census News* 13: 33–39.
57. van Swaay, C. A. M., Nowicki, P., Settele, J., & van Strien, A. J. (2008). Butterfly monitoring in Europe: methods, applications and perspectives. *Biodiversity and Conservation*, 17, 3455–3469. <https://doi.org/10.1007/s10531-008-9491-4>
58. Van Swaay, C.A.M. (2007). Workshop Development of the methodology for a European Butterfly Indicator. Report. VS2007.006, De Vlinderstichting, Wageningen.
59. Vrbničanin, S., Božić, D., and Pavlović, D. (2017). Gene Flow from Herbicide-Resistant Crops to Wild Relatives. *Herbicide Resistance in Weeds and Crops*. InTech. Available at: <http://dx.doi.org/10.5772/67645>.

60. Yu, H.L., Li, Y.H., Wu, K.M.,. (2011). Risk assessment and ecological effects of transgenic *Bacillus thuringiensis* crops on non-target organisms. *J Integr Plant Biol*; 53(7):520-38. doi: 10.1111/j.1744-7909.2011.01047.x. PMID: 21564541.

1.Pielikums: Monitoringa aktivitāšu apkopojums *Natura 2000* teritorijās (saskaņā ar *Natura 2000* monitoringa programmu un Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmu).

Monitoringa metodikas pieejamas DAP tīmekļa vietnes sadaļā “Bioloģiskā daudzveidība”->”Bioloģiskās daudzveidības monitorings” -> “Metodikas”

Nr. p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri	Biežums	Metodika / Rokasgrāmata
1.	Zīdītāji:			
1.1.	Sikspārņu monitorings	Populācijas lielums	Uzskaites kolonijās katru gadu no 20. maija līdz 30. jūnijam, pārejās teritorijās reizi divos gados no 1. jūnija līdz 31. jūlijam	Dīķu naktssikspārņa monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Pētersons, Vintulis, 2013, ņemot vērā “Dīķu naktssikspārņa <i>Myotis dasycneme</i> Boie, 1825 sugas aizsardzības plāns” (2020.-2030.g.) 4.pielikumā ierosinātās izmaiņas sikspārņu monitoringa metodikā
1.2.	Ūdru - monitorings	Populācijas lielums	1 reizi 6 gados, veic reizē ar ūdru valsts (fona) monitoringu	Ūdra monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Ozoliņš, 2013
1.3.	Lāču monitorings	Populācijas lielums	Katru gadu	Brūnā lāča fona monitoringa metodika, Ozoliņš, 2013. Metodika papildināma ar brūnā lāča molekulārās ģenētikas monitoringa metodēm (2019.gads)
2.	Putnu monitorings	Populācijas lielums	Tiks noteikts pēc metodikas aktualizēšanas	Jāaktualizē metodika

<i>Nr. p.k.</i>	<i>Monitoringa veids</i>	Novērojamie parametri	<i>Biežums</i>	Metodika / Rokasgrāmata
3.	Rāpuļi un abinieki:			
3.1.	Vokalizējošu abinieku monitorings smilšu krupim un ugunskrupim	Populācijas lielums	Katru gadu	Abinieku un rāpuļu monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Čeirāns, 2013 , kas aktualizēta attiecīgi iepriekšējā monitoringa perioda pieredzei (2020. gadā)
3.2.	Lielā tritona monitorings trijās sugai nozīmīgākajās teritorijās	Populācijas relatīvais lielums	Katru gadu	Abinieku un rāpuļu monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Čeirāns, 2013 , kas aktualizēta attiecīgi iepriekšējā monitoringa perioda pieredzei (2020. gadā)
3.3.	Purva bruņurupuča monitorings DP Silene	Populācijas lielums	Katru gadu	Abinieku un rāpuļu monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Čeirāns, 2013 , kas aktualizēta attiecīgi iepriekšējā monitoringa perioda pieredzei (2020. gadā).
3.4.	Gludenās čūskas monitorings	Populācijas relatīvais lielums	1 reizi 3 gados	Abinieku un rāpuļu monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Čeirāns, 2013 , kas aktualizēta attiecīgi iepriekšējā monitoringa perioda pieredzei (2020. gadā)
4.	Zivju monitorings	Populācijas lielums	1 reizi 6 gados	Zivju monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Birzaks, Aleksejevs, 2013.

Nr. p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri	Biežums	Metodika / Rokasgrāmata
				2021.g. tiks pabeigta metodikas izstrāde vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu monitoringā un veikta tās aprobācija. Pēc abu metodiku izmaksu un efektivitātes salīdzinājuma monitorings tiek turpināts pēc efektīvākās metodes.
5.	Bezmugurkaulnieku monitorings	Atradņu skaits, populācijas lielums	1 reizi 6 gados	Bezmugurkaulnieku monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās, Vilks (red.), 2013, kas aktualizēta attiecīgi iepriekšējā monitoringa perioda pieredzei (2020. gadā)
6.	Augu monitorings	Atradņu skaits, populācijas lielums	1 reizi 6 gados, izņemot dzelteno dzegužkurpīti <i>Cypripedium calceolus</i> , kas mēdz nelabvēlīgos laika apstākļos atsevišķos gados neparādīties virs zemes, tāpēc, lai iegūtu objektīvus rezultātus, monitorējama 3 reizes 6 gadu periodā	Augu monitoringa metodika <i>Natura 2000</i> teritorijās un ārpus tām, Baroniņa, 2014, papildināta DAP, 2017
7.	Biotopi:			
7.1.	Biotopu platības monitorings	Platība	Katru gadu	Īpaši aizsargājamo biotopu platību izmaiņu uzraudzība, izmantojot attālās izpētes datus un valsts reģistrus, Auniņš, Lārmanis, 2013

<i>Nr. p.k.</i>	<i>Monitoringa veids</i>	Novērojamie parametri	<i>Biežums</i>	Metodika / Rokasgrāmata
7.2.	Biotopu kvalitātes monitorings	Biotopu specifiski kvalitātes parametri atbilstoši metodikai	1 reizi 6 gados	Latvijas <i>Natura 2000</i> vietu monitoringa metodika, 2007. Metodika jāpapildina ar lietussargsugu (Typical species) monitoringu, <u>jāizstrādā</u> <u>apsekojamo biotopu saraksts katrai <i>Natura 2000</i></u> <u>vietai</u>

2.Pielikums: dienas tauriņu sugu asociācijas ar kukurūzas sējumu nezālēm, kas var tikt izmantotas dienas tauriņu indikatorsugu noteikšanā, ĢM organismu ietekmes noteikšanai.

Table 4 Weed-Lepidoptera associations proposed for region-wide monitoring programs of GM HR maize (combining high and medium risk weeds with feeding preference of associated fauna (here: Lepidoptera))

Risk category	Feeding preference				
weeds	Monophagous		Oligophagous		Polyphagous
High	High risk (3 species on 3 weeds)		High risk (14 species on 9 weeds)		Medium risk
	Lepidoptera	Weed sp.	Lepidoptera	Weed sp.	A total of 3 species on 3 weeds (see Meier and Hilbeck (2005) for details)
	<i>Issoria lathonia</i>	<i>Viola arvensis</i>	<i>Argynnis adippe</i>	<i>Viola arvensis</i>	
	<i>Lycaena hippothoe</i>	<i>Rumex crispus</i>	<i>Cucullia chamomillae</i>	<i>Anthemis arvensis</i>	
				<i>Tripleurospermum perforatum</i>	
	<i>Lythria purpuraria</i>	<i>Polygonum aviculare</i>	<i>Cucullia lucifuga</i>	<i>Sonchus arvensis</i> ssp. <i>arvensis</i>	
			<i>Cucullia umbratica</i>	<i>Sonchus arvensis</i> ssp. <i>arvensis</i>	
			<i>Dypterygia scabriuscula</i>	<i>Polygonum convolvulus</i>	
				<i>Polygonum aviculare</i>	
				<i>Rumex crispus</i>	
			<i>Eupithecia virgaureata</i>	<i>Senecio vulgaris</i>	
			<i>Hecatera bicolorata</i>	<i>Sonchus arvensis</i> ssp. <i>arvensis</i>	
			<i>Lycaena dispar</i>	<i>Rumex crispus</i>	
			<i>Lycaena phlaeas</i>	<i>Rumex crispus</i>	
			<i>Pyropteron chrysidiformis</i>	<i>Rumex crispus</i>	
			<i>Tyria jacobaeae</i>	<i>Senecio vulgaris</i>	
			<i>Leptidea sinapis</i>	<i>Lathyrus tuberosus</i>	
			<i>Lygephila viciae</i>	<i>Lathyrus tuberosus</i>	
			<i>Zygaena lonicerae</i>	<i>Lathyrus tuberosus</i>	
Medium	High risk (4 species on 2 weeds)		Medium		Low risk
	Lepidoptera	Weed	A total of 45 species on 8 weeds (see Meier and Hilbeck (2005) for details)		A total of 3 species on 13 weeds (see Meier and Hilbeck (2005) for details)
	<i>Aedia funesta</i>	<i>Convolvulus arvensis</i>			
	<i>Emmelia trabealis</i>	<i>Convolvulus arvensis</i>			
	<i>Tyta luctuosa</i>	<i>Convolvulus arvensis</i>			
	<i>Lycaena hippotoe</i>	<i>Rumex acetosa</i>			

2.5. Kolembole monitorings

Sagatavoja M.Sc. biol. Edīte Juceviča

Kolembolas (Hexapoda: Collembola) ir vienas no visbiežāk sastopamajiem un daudzveidīgākajiem augsnes sīkposmkājiem, tās sastāda apmēram 32% no pasaules sauszemes posmkāju daudzuma (Rosenberg et al, 2023) un apmēram 27.5 Mt C no globālās biomasas (Potapov et al, 2023). Kolembolas ir viena no centrālajām augsnes ekosistēmas sastāvdaļām, kas ietekmē organisko vielu noārdīšanos, regulē mikroorganismu aktivitāti, blīvumu un izplatību, kā arī augu attīstību, tās ir būtiska daudzu bezmugurkaulnieku (piem., skrejvaboļu, īsspārņu, simtkāju, zirnekļu, ērcu) un mugurkaulnieku barības bāze (Hopkin, 1997; Rusek, 1998; Potapov et al, 2020). Kolembolas ir piemērots modeļtaksons makroekoloģiskos pētījumos un bioindikācijā, un tās ir būtiska augsnes bioloģiskās daudzveidības komponente.

Kolembolas, būdamas augsnes biocenozes svarīga sastāvdaļa, ir ļoti piemērotas ekoloģiskā monitoringa programmās, ekotoksikoloģiskas pārbaudes daudzviet tiek integrētas augu aizsardzības līdzekļu (pesticīdu, fungicīdu, herbicīdu, insekticīdu) un biocīdu ekoloģiskā riska novērtējumā. Kolembole piemērotība bioindikācijā balstās uz to plašo izplatību, augstu populāciju blīvumu, nozīmīgu ekoloģisku lomu augsnē notiekošajos procesos, augstu jutību pret vides stresa faktoriem, tās ir viegli audzējamas laboratorijas apstākļos (īss dzīves cikls). Turklāt to kompleksā saistība ar ekoloģisko nišu augsnē, ierobežotu mobilitāti un nespēju atstāt augsnes vidi padara kolembolas īpaši jutīgas nelabvēlīgai ietekmei (Parisi et al., 2005). Pētījumi ir pierādījuši, ka kolembolas ir viena no visjutīgākajām augsnes faunas grupām pret dažādiem pesticīdiem un jutīgākas pret insekticīdiem salīdzinājumā ar sliekām (Joimel et al., 2022). Kolembole kā bioloģisko modeļu izmantošana ekotoksicitātes pārbaudēs kļūst arvien izplatītāka, testēšanas procedūras standarta vadlīniju veidā ir izveidojusi Starptautiskā standartizācijas organizācija (ISO), un viens no jaunākajiem augsnes bioloģiskajiem testiem (28-dienu kalembole reproduktīvās toksicitātes tests augsnē ar kalembolām *Folsomia candida* un *Folsomia fimetaria*) ir aprakstīts Ekonomiskās sadarbības un attīstības organizācijas (OECD) vadlīnijā 232 (OECD, 2016; ISO11267:2023, 2023). Kolembolas apdzīvo dažādas ekoloģiskās

nišas dažādos augsnes slāņos, šo atšķirīgo sugu specifiskās morfoloģiskās adaptācijas var ietekmēt ķīmisko vielu iedarbību un toksisko ietekmi. Tādēļ ekotoksikoloģiskie testi, kur tiek izmantotas kolembolu sugas ar dažādiem morfoloģiskajiem pielāgojumiem, ļauj iegūt šai grupai plašu jutīguma spektru. Līdz šim visplašāk ekotoksikoloģijā tiek izmantota kolembola *F.candida* Willem, 1902 (Collembola, Isotomidae). Tā ir izplatīta organiskām vielām bagātās augsnēs visa pasaulē, ar savu partenogēnētisko vairošanās veidu un īso dzīves ciklu (apmēram viens mēnesis) ir piemērotas audzēšanai laboratorijas apstākļos un vairāku paaudžu testēšanai (Hopkin, 1997; Fountain & Hopkin, 2005).

Viena no būtiskākajām lauksaimnieciskās darbības ietekmēm uz augsnes faunu ir augu aizsardzības līdzekļu (AAL) izmantošana, kuru nogulsnešanās augsnē kaitē augsnes kvalitātei un ietekmē augsnē dzīvojošās populācijas. Pašlaik Eiropas Pārtikas nekaitīguma iestāde (EFSA) ir noteikusi kā nepieciešamus kolembolas *F.candida* hroniskas toksicitātes testus uz pesticīdiem, kas varētu piesārņot augsni (Ockleford et al., 2017). Lielākā daļa pētījumu gan laboratorijas, gan lauka apstākļos ir parādījuši negatīvu pesticīdu ietekmi uz kolembolu populācijām. Visvairāk ir pētīta insekticīdu un herbicīdu ietekme, kas vairumā gadījumu negatīvi ietekmēja tādus rādītājus kā izvairīšanās un kustību uzvedību, reprodukciju, mirstību, vielmaiņu, radīja DNS bojājumus u.c. (Gunstone et al., 2021). Arī pasaulē visvairāk izmantotā glifosātu saturošu AAL, kas tiek uzskatīts par zema toksiskuma uz nemērķa organismiem herbicīdu, toksicitātes testi ir parādījuši, ka to atkārtota un ilglaicīga lietošana izmaina kolembolu populācijas vecuma struktūru, selektīvi zaudējot jaunus indivīdus, kas izmaina nākotnes kolembolu populācijas. Šobrīd glifosātu saturošu AAL kā herbicīda lietošanas atļauja Eiropas Savienībā ir pagarināta līdz 2033.gadam (http://data.europa.eu/eli/reg_impl/2023/2660/oj).

Augsnes bioloģiskā daudzveidība veido lielāko daļu dzīvības uz Zemes, un tā ir būtiska jebkuras sauszemes dzīvotnes sastāvdaļa, kas ietekmē barības vielu apriti dabā, nodrošina stabilu augsnes struktūru, regulē augu, dzīvnieku un cilvēku patogēnus un parazītus, nodrošina augsnes funkcijas un auglību, kā arī ietekmē pārtikas, ūdens un gaisa kvantitāti un kvalitāti (Wall & Six, 2015).

Neskatoties uz to, tikai šī gadsimta sākumā 2002.gadā Konvencija par bioloģisko daudzveidību (CBD) lēma izveidot starptautisku iniciatīvu augsnes bioloģiskās daudzveidības saglabāšanai un ilgtspējīgai izmantošanai. Tikai 2012. gadā ANO Pārtikas un Lauksaimniecības organizācija

(FAO) izveidoja Globālo augsnes partnerību (FAO, 2020). 2015.gadā secināts, ka augsnes bioloģiskā daudzveidības samazināšanās ir viens no galvenajiem augšņu globālajiem draudiem un ka 33% pasaules augšņu ir degradētas.

2023. gada Eiropas Parlamenta un Padomes direktīvas par augsnes monitoringu un noturību (Augsnes monitoringa akts. Brisele, 5.7.2023.) priekšlikumos uzsvērts, ka veselīga augsne nodrošina labvēlīgu vidi bioloģiskai daudzveidībai un ekosistēmas stabilitātei. Eiropas Komisijai jānodrošina augsnes veselības monitorēšana un arī turpmāk jāatbalsta regulāra *in situ* augsnes paraugošana un ar to saistītie augsnes mērījumi Zemes izmantošanas un zemes pārklājuma statistiskā apsekojuma (Land Use and Coverage Area frame Survey, *LUCAS*) programmas ietvaros, kurā ir iekļauta arī augsnes bioloģiskās daudzveidības analīze.

Augsne ir nepieciešams substrāts lielai daļai pasaules bioloģiskās daudzveidības, augsnes biotā ietilpst ne tikai strikti augsnē dzīvojoši mikro- un makroorganismi, bet arī vismaz 40% uz sauszemes dzīvojošo organismu dzīvo augsnē vismaz vienā dzīves cikla posmā (Decaëns et al., 2006). Latvijas Republikas Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmā (Vides politikas pamatnostādnes 2021.-2027.) no virszemes bezmugurkaulniekiem iekļautas tikai skrejvaboles.

Pagaidām arī Latvijas Augsnes monitoringa programma ir vērsta tikai uz augsnes agroķīmiskiem rādītājiem, lai gan būtu ieteicams iekļaut bioloģiskos parametrus, tostarp augsnes organismus.

Plāna projekts "Latvijas pielāgošanās klimata pārmaiņām plāns laika posmam līdz 2030. gadam" (<http://tap.mk.gov.lv/mk/tap/?pid=40467308>) neparedz klimata pārmaiņu ietekmes uz augšņu bioloģisko daudzveidību monitorēšanu.

Latvijā vienīgā monitoringa programma, kurā kā pētījumu objekts tika iekļauta augsnes mezofauna, tai skaitā kolembolas, bija Latvijas Zinātnes padomes atbalstīta ilgtermiņa (1992.-2012.) ekoloģisko pētījumu programma, kuras ietvaros tika pētītas sugu daudzveidības izmaiņas uz klimatisko svārstību un antropogēno faktoru fona meža ekosistēmās. 2004. gadā monitoringa parauglaukumu vieta Ziemeļvidzemes biosfēras rezervātā pie Mazsalacas ar ASV Nacionālā zinātnes fonda (NSF) atbalstu tika iekļauta Nacionālā Ilgtermiņa ekoloģisko pētījumu tīklā (National Long-term Ecological Research LTER). Tika pētīta arī klimata izmaiņu ietekme uz kolembolu sadalījuma heterogenitātes izmaiņām augsnē. Pētījuma laikā jau

pirmajos desmit gados tika konstatēts skaitliski būtisks pozitīvo ($>4^{\circ}\text{C}$) gaisa temperatūru summas pieaugums, kas būtiski ietekmēja augsnes O horizonta apakšējo slāņu apdzīvojošās kolembolu sugas (Jucevica & Melecis, 2006).

Pēdējos gados augsnes kvalitātes un bioloģiskās daudzveidības novērtējumos lauksaimniecības zemēs, zālājos, pilsētas augsnēs un mežos tiek izmantoti augsnes bioloģiskās kvalitātes indeksi (QBS) (Parisi et al., 2005). Ir pierādījies, ka QBS indekss ir jutīgs pret zemes izmantošanas un augsnes apsaimniekošanas prakses izmaiņām (Menta et al., 2018; Grina et al., 2023). Šī metode sniedz vispārīgu priekšstatu par augsnes degradācijas pakāpi, kur morfoloģiski pielāgotu augsnes sīkposmkāju grupu skaits ir lielāks augstas kvalitātes augsnēs nekā zemas kvalitātes augsnēs. QBS indekss aplūko sīkposmkājus kā cenozi nevis koncentrējas uz vienu taksonu. Tāpēc šī metode ir piemērota liela mēroga monitoringiem.

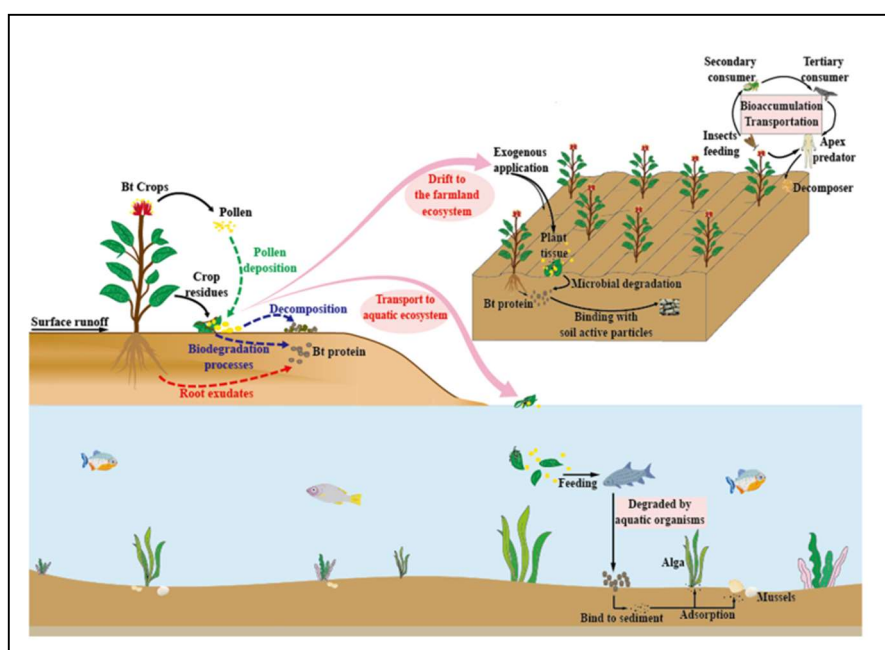
Kolembolu nozīme ģenētiski modificētu organismu monitoringā

Kopš pirmo ģenētiski modificēto (ĢM) kultūraugu apzinātas izplatīšanas 1994. gadā ĢM kultūru platība palielinājusies 112 reizes no 1,7 miljoniem ha 1996. gadā līdz 190,4 miljoniem ha 2019. gadā (<https://www.isaaa.org>).

Transģenētiskie *Bacillus thuringensis* (Bt) augi izstrādā pret kukaiņiem rezistentu Cry toksīnu, kas var nonākt augsnē caur augu saknēm un atmirstošām augu virszemes daļām. Viens no būtiskiem to ietekmes uz vidi aspektiem ir ietekme uz nemērķa (non-target) organismiem. Nemērķa organismi ietver virkni posmkāju sugu, kas nodrošina svarīgas ekoloģiskas funkcijas, tai skaitā arī augsnes bezmugurkaulnieki.

Augsnes faunai potenciāli bīstamākas varētu būt Bt kultūraugu šķirnes, kas radītas pret augu kaitēkļiem, kas bojā augu sakņu sistēmu. Šādu augu sakņu izdalījumi (eksudāti) ietekmē mikroorganismu, ar ko barojas kolembolas, kvalitatīvo un kvantitatīvo sastāvu. Piemēram, pie šādiem kaitēkļiem pieskaitāms *Diabrotica virgifera virgifera* (Coleoptera: Chrysomelidae), kukurūzas sakņu "tārps" (*Western Corn Rootworm*), ļoti bīstams kukurūzas kaitēklis, kas Eiropā no ASV tika introducēts vairāk kā 30 gadus atpakaļ. Pirmo reizi konstatēts 1992. gadā Serbijā un strauji izplatījās Eiropā, pirms desmit gadiem atrasts arī Latvijas kaimiņvalstīs Baltkrievijā un Krievijā (EPPO, 2024). Īpaši bīstama ir vaboles kāpura stadija, kas bojā auga saknes un auga stublāju pamatni.

Bt proteīni, ko izdala *Bt* augi, ir salīdzinoši stabilas molekulas, tās, nonākot augsnē, var iesaistīties augsnes organismu barības ķēdēs un pēc tam var nonākt arī ūdens ekosistēmās (1.attēls). Lai gan tie bioķīmisku procesu rezultātā pakāpeniski sadalās, to sadalīšanās ātrums ir atkarīgs no augsnes tipa, pH līmeņa, temperatūras un mitruma. *Bt* toksīni, saistoties ar augsnes daļiņām augsnē, var saglabāties 234 dienas (Saxena et al., 1999) līdz pat 2 gadiem. Pētījumi rāda, ka Cry toksīni ir konstatēti vēl 200 dienas pēc *Bt* augu novākšanas un iestrādāšanas augsnē (Liu et al., 2021).



1.attēls. *Bt* toksīnu transports vidē (Liu et al., 2021.)

Ļai pārbaudītu ĢMO tiešu ietekmi uz kolembolām, ir veikta virkne eksperimentu laboratorijas apstākļos, izmantojot standartizētus laboratorijas testus. Veicot barošanas testus, lielākajā daļā eksperimentu ĢMO kā pārtikas substrāta ietekme uz atsevišķām kolembolu sugām netika konstatēta (piem., Heckman et al., 2006). Atsevišķu sugu līmenī vērojamas gan pozitīvas, gan negatīvas, bet ne nozīmīgas, sugu attīstības tendences. Kopumā jāatzīst, ka laboratorijas pētījumi joprojām turpina apstiprināt, ka ĢM augu ietekme uz kolembolām ir nenozīmīga, vai tās nav (Yang et al. 2015, 2018; Yuan et al. 2011).

Tomēr vides riska novērtējumos laboratorijas pētījumi bieži tiek apstrīdēti, jo lauka apstākļos nav iespējams pārnest laboratorijas apstākļos. Ir pētījumi, kas norāda, ka *Bt* toksīna ietekme var atšķirties starp kolembolu sugām (Bakonyi et al., 2006).

Ir pētījumi, kas uzskata, ka *Bt* augu ietekme uz augsnes kolembolām ir mazāk svarīga kā citas izmantotās lauksaimniecības prakses kā aršana, augu seka, pesticīdu izmantošana, kas var izmainīt kolembolu cenozi, vairumā gadījumu samazinot kolembolu blīvumu augsnē (Cortet et al. 2007).

Krogh et al (2020) veicot sistemātisku lauka pētījumu pārskatu par *Bt* kultūru ietekmi uz augsnes bezmugurkaulniekiem, tai skaitā kolembolām, neatrada būtisku transgēno augu ietekmi uz nemērķa augsnes bezmugurkaulniekiem. Tomēr tika novērots modelēto pētījumu neviendabīgums, atšķirīgs eksperimentu ilgums, atšķirīgi paraugu ievākšanas laika posmi starp ĢMO augu sēšanu un paraugu ievākšanu u.c. Ir būtiski ņemt vērā lauka eksperimentu ilgumu. Chang et al. (2020) transgēnās kukurūzas kultivēšanas divu gadu lauka pētījuma laikā konstatēja, ka ir atsevišķas kolembolu sugas, kas netika atrastas ar *Bt* kukurūzu apsētos laukos un otrādi. Iespējams, ka retās kolembolu sugas ir jutīgākas pret *Bt* proteīna ekspresiju. Šo divu gadu laikā netika konstatētas izmaiņas kolembolu morfoloģiskās iezīmēs.

ĢM augu ietekme uz augsnes faunu, ieskaitot kolembolas, ir sarežģīta un atkarīga no dažādiem faktoriem, piemēram, ģenētiskās modifikācijas veida, audzēšanas prakses un vietējiem vides apstākļiem. Lielākā daļa pētījumu norāda, ka *Bt* augu tieša ietekme uz kolembolām un citiem augsnes organismiem ir ierobežota, taču pastāv bažas par ilgtermiņa un netiešiem efektiem, piemēram, mikrobioloģiskās biotas izmaiņām un augu atlieku sadalīšanās izmaiņām.

Pētot ĢMO ietekmi uz augsnes kolembolām tieši ilgtermiņa pētījumi ir būtiski, jo daudzas no iespējamajām sekām var parādīties tikai pēc ilgāka laika perioda. ĢM kultūraugu ilgstoša audzēšana var izraisīt pakāpeniskas izmaiņas kolembolu populācijās, reto sugu izzušanu vai dažu sugu populāciju palielināšanos, kas noved pie bioloģiskās daudzveidības samazināšanās augsnē. Īpaši svarīgi ir izstrādāt vienotu metodiku kolembolu un citu augsnes sīkposmkāju ilglaicīgai izpētei ar ĢM kultivētās lauksaimniecības zemēs, kas ļautu novērtēt ietekmi uz augsnes bioloģisko daudzveidību un ekosistēmas funkcionēšanu.

Zinātniski tehniskā kapacitāte

LU Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultātes Bioloģijas institūta zinātniski tehniskais potenciāls ļauj nodrošināt un īstenot ĢMO ietekmes uz augsnes bezmugurkaulniekiem, tai skaitā kolembolu, monitoringa programmas. Bioindikācijas laboratorijas rīcībā ir aprīkojums, kas

nepieciešams augsnes paraugu ievākšanai, augsnes sīkposmkāju ekstragēšanai no tiem, apstrādei un identifikēšanai – automātiskā augsnes mezofaunas ekstrakcijas iekārta, gaismas mikroskops Olympus, stereo mikroskops ar kameru. Laboratorijā ir eksperti ar vairāk nekā 15 gadu pieredzi augsnes dzīvnieku bioloģijas, ekoloģijas un sistemātikas pētījumos un monitoringa datu interpretācijā. Dr.biol. I.Salmane ir Gamasina grupas augsnes plēsīgo ērcu eksperte, Dr.biol. U.Kagainis ir Oribatida ērcu eksperts, Mg.biol. E.Juceviča ir kolembolu (Collembola) eksperte. LU Bioloģijas institūtā ir pieejama arī bezmugurkaulnieku etalonu kolekcija.

Izmantotā literatūra

1. Bakonyi G., Szira F., Kiss I., Villányi I., Seres A., Székacs A. (2006) Preference tests with collembolas on isogenic and Bt-maize. . European Journal of Soil Biology, 42: 132-135.
2. Chang L., Song X.Y., Wang B.F., Wu D.H., Reddy G.V. P. (2020) Effect of Bt Corn (Bt 38) Cultivation on Community Structure of Collembola. Annals of the Entomological Society of America, 2020, Vol. 113, No. 1
3. Cortet J., Griffiths B.S., Bohanec M., Demsar D., Andersen M.N., Birch A.N.E., Pernin C., Tabone E., de Vaufleury A., Ke X., Krogh P.H. (2007) Evaluation of effects of transgenic Bt maize on microarthropods in a European multi-site experiment. Pedobiologia 51: 207–218.
4. Decaëns T., Jiménez J.J., Gioia C., Measey G.J., Lavelle P. (2006) The values of soil animals for conservation biology. European Journal of Soil Biology, 42: 23-38. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2006.07.001>
5. EPPO (2024) *Diabrotica virgifera virgifera*. EPPO datasheets on pests recommended for regulation. Available online. <https://gd.eppo.int>
6. Fountain M.T., Hopkin S.P. (2005) *Folsomia candida* (Collembola): a “standard” soil arthropod. Annu. Rev. Entomol. 50, 201–222. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.50.071803.130331>
7. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Global Soil Biodiversity Initiative, Secretariat of the Convention of Biological, European Commission & Intergovernmental Technical Panel on Soils. (2020) State of knowledge of soil

- biodiversity - Status, challenges and potentialities: Report 2020. (Food & Agriculture Org., 2020).
8. Grina V., Kagainis U., Jucevica E., Salmane I., Melecis V. (2023) Soil microarthropod distribution on the urban–rural gradient of Riga city: a study with robust sampling method application. *Journal of Urban Ecology*, 9(1), juad012.
 9. Heckman L.H., Griffiths B.S., Caul S., Thompson M.P.C., Moar W.J., Andersen M.N., Krogh P.H. (2006) Consequences for *Protaphorura armata* (Collembola: Onychiuridae) following exposure to genetically modified *Bacillus thuringiensis* (Bt) maize and non-Bt maize. *Environmental Pollution* 142: 212-216.
 10. Hopkin S. P. (1997) *Biology of springtails: (Insecta: Collembola)*. – Oxford Science Publications, Oxford.
 11. International Organization for Standardization. (2023) Soil quality - Inhibition of reproduction of Collembola (*Folsomia candida*) by soil contaminants. ISO 11267:2023 (E).
 12. Joimel S., Chassain J., Artru M., Faburé J. (2022) Collembola, the most pesticide-sensitive groups. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 41: 2333–2341. <https://doi.org/10.1002/etc.5428>
 13. Jucevica E., Melecis V. (2006) Global warming affect Collembola community: A long-term study. *Pedobiologia* 50 (2): 177-184.
 14. Krogh P.H., Kostov K., Damgaard C.F. (2020) The effect of Bt crops on soil invertebrates: a systematic review and quantitative meta-analysis. *Transgenic Res* 29: 487-498. <https://doi.org/10.1007/s11248-020-00213-y>
 15. Liu J., Liang Y.S., Hu T., Zeng H., Gao R., Wang L., Xiao Y.H. (2021) Environmental fate of Bt proteins in soil: Transport, adsorption/desorption and degradation. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 226.112805. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112805>
 16. Menta C., Conti F.D., Pinto S., Bodini A. (2018) Soil Biological Quality index (QBS-ar): 15 years of application at global scale. *Ecological Indicators* 85. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.11.030>
 17. Ockleford C., Adriaanse P., Berny P., Brock T., Duquesne S., Grilli S., et al. (2017) Scientific Opinion addressing the state of the science on risk assessment of plant protection products for in-soil organisms. *EFSA J.* 15: e04690. <https://doi:10.2903/j.efsa.2017.4690>

18. OECD (2016) Test no. 232: Collembolan Reproduction Test in Soil. OECD Guidelines for Testing of Chemicals, Section 2. OECD Publishing, Paris.
<https://doi.org/10.1787/9789264264601-en>
19. Parisi V., Menta C., Gardi C., Jacomini C., Mozzanica E. (2005) Microarthropod community as a tool to assess soil quality and biodiversity: a new approach in Italy. *Agr. Ecos. Env.* 105: 323-333.
20. Potapov A. *et al.* (2020) Towards a global synthesis of Collembola knowledge – challenges and potential solutions. *Soil Organisms* 92 (3): 161-188.
<https://doi.org/10.25674/SO92ISS3PP161>
21. Potapov A.M., Guerra C.A., van den Hoogen J., Babenko A., Bellini B.C, Berg M.P. ... Jucevica E... *et al.* (2023) Globally invariant metabolism but density-diversity mismatch in springtails. *Nat Commun* 14, 674. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-36216-6>
22. Rosenberg Y. *et al.* (2023) The global biomass and number of terrestrial arthropods. *Sci Adv* 9, eabq4049.
23. Rusek J. (1998) Biodiversity of Collembola and their functional role in the ecosystem. *Biodivers. Conserv.* 7: 1207–1219.
24. Saxena D., Flores S., Stotzky G. (1999) Insecticidal toxin in root exudates from Bt corn. *Nature* 402: 480.
25. Wall D. H., Six J. (2015) Give soils their due. *Science* 347, 695.
26. Yang Y., Chen X., Cheng L., Cao F., Romeis J., Li Y., Peng Y. (2015) Toxicological and biochemical analyses demonstrate no toxic effect of Cry1C and Cry2A to *Folsomia candida*. *Sci Rep* 5:15619. <https://doi.org/10.1038/srep15619>
27. Yang Y., Zhang B., Zhou X., Romeis J., Peng Y., Li Y. (2018) Toxicological and biochemical analyses demonstrate the absence of lethal or sublethal effects of cry1C- or cry2A-expressing *Bt* rice on the Collembolan *Folsomia candida*. *Front Plant Sci.*
<https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00131>
28. Yuan Y., Ke X., Chen F., Krogh P.H., Ge F (2011) Decrease in catalase activity of *Folsomia candida* fed a *Bt* rice diet. *Environ Pollut* 159: 3714–3720.

2.6. Ģenētiski modificētu augu kultūru ietekme uz sliekām un monitoringa iespējas

Sagatavoja Dr.biol. Jānis Ventiņš

Ievads

Augsnes ir viena no daudzveidīgākajām sauszemes ekosistēmu dzīvotnēm. To apdzīvo organismi, kas pārstāv gandrīz visus augstākos taksonus un trofiskās grupas. Augsnes organismi sastāda apmēram 25% no visām līdz šim aprakstītajām dzīvības formām uz Zemes, tomēr tikai neliela daļa no to taksonomiskās daudzveidības ir dokumentēta (Decaëns et al., 2006).

Augsnes kvalitāte tiek definēta kā spēja nodrošināt ekosistēmu funkcijas/pakalpojumus ilgtspējīgā veidā. Visbiežāk augsnes kvalitāti raksturo ar tās ķīmiskajiem un fizikālajiem parametriem. Tomēr arī augsnes organismus ir iespējams izmantot kā augsnes izmaiņu agrīnā brīdinājuma indikatorus. Kaut arī augsnes bioloģiskā daudzveidība jau Konvencijā par bioloģisko daudzveidību (1992) tika atzīta kā būtiska ekosistēmu funkcionēšanai, tomēr monitoringu tīklos tā ir izmantota salīdzinoši retāk. Vienlaikus joprojām ir nepieciešams pilnveidot un izstrādāt atbilstošas metodes gan zinātniskiem monitoringiem, gan atbildīgo dienestu un valsts iestāžu informēšanai par izmaiņām augsnes īpašībās un funkcijās (Pérès et al., 2011).

Pieaugoša transgēno augu izmantošana lauksaimniecībā, lai pasargātu augus no potenciālajiem kaitēkļiem, var pakļaut riskam arī nemērķa organismus, kas nonāk kontaktā ar toksīniem uz lauka. Transgēno kultūru, galvenokārt, kukurūzas, rīsu un kokvilnas producētie insekticīdie proteīni, kas iegūti no *Bacillus thuringiensis* (*Bt-toxins*) delta endotoksīniem, tiek plaši izmantoti lauksaimniecībā ASV, Ķīnā un citās valstīs. Biežāk sastopamais ir kristāliskais proteīns Cry1Ab, kas ir ļoti efektīvs pret Lepidoptera jeb tauriņu kārtas kaitēkļiem. Nonākot augsnē ar ĢM augu atliekām vai augu sakņu izdalījumiem pastāv risks, ka Bt-toksīni var negatīvi ietekmēt gan nemērķa organismus, gan augsnes bioloģisko daudzveidību kopumā, kā arī ar to saistītos augsnes procesus (Schrader et al., 2008). Agroekosistēmu augsnēs ir liela organismu daudzveidība un Bt-toksīnu ietekmi uz katru no tiem nav iespējams noteikt, tādēļ ir jāizvēlas reprezentatīvas sugas katrai specifiskajai videi.

Sliekas - monitoringa mērķa sugas

Sekojošajās rekomendācijās EFSA vides riska novērtējuma vadlīniju dokumentā "*Guidance on the environmental risk assessment of genetically modified Plants*" (2010), pētījuma vietās izdala noteiktas monitoringa mērķa sugas (*focal species*). Ieteiktie praktiskie soļi mērķa sugu izvēlei:

1. Identificē nozīmīgākās augsnes sistēmas funkcionālās grupas.
2. Identificē galvenās sugas, kas saistītas ar noteiktām funkcijām.
3. Novērtē sugas pēc vairākiem kritērijiem: sugas un tās attīstības stadiju ekspozīcija pret ĢM kultūrām; saistība ar ĢM kultūras produkciju; sugas indivīdu blīvums; sugas atbilstība konkrētai dzīvotnei.

4. Mērķsugas galīgajā izvēlē tiek ņemti vērā arī dažādi praktiskas dabas kritēriji.

Saskaņā ar *The Environmental Assessment of Soil for Monitoring* (ENVASSO, 2007) izvēlētajiem indikatoriem, augsnes stresa noteikšanai ir jāatbilst sekojošiem pamatnosacījumiem – standartizētas ievākšanas un mērīšanas metodes, indikatori ir nozīmīgi augsnes funkcijās un papildina viens otru, rezultātus ir viegli interpretēt gan zinātniskā, gan politiskā līmenī. Priekšroka dodama indikatoriem, kuru paraugu ievākšana un identifikācija ir vienkāršāka un lētāka.

Pamatojoties uz minētajiem kritērijiem aramzemēs no makrofaunas pārstāvjiem nozīmīgākais indikatororganisms ir sliekas. Sliekas ir lielākie augsnes bezmugurkaulnieki, kas atvieglo to ievākšanu un identifikāciju, kas ir iespējama arī bez speciālām zināšanām. Tās ir gan augsnes inženierorganismi, gan atslēgorganismi barības ķēdēs, piedalās daudzās ekosistēmu funkcijās – augsnes formēšanā, ūdens apgādē, barības vielu ciklos. Izmaiņas to sabiedrību struktūrā un blīvumā tieši ietekmē vairākas nozīmīgas augsnes īpašības. Pilotpētījumi pēc ISO standartiem ar sliekām tika veikti Francijā, Īrijā, Portugālē, Ungārijā, secinot, ka lauksaimniecības zemēs kopējais slieku sugu skaits ir samērā stabils, kamēr to blīvums un biomasa variē (ENVASSO, 2007; Rombke et al., 2009). To blīvuma izmaiņas ir tiešs indikators nevēlamām procesiem augsnē. Sliekas ir detritovori organismi, tādēļ tās ir tiešā kontaktā gan ar ĢM kultūrām, gan ar šo kultūru producētajiem toksīniem. To ievākšanas metodes ir standartizētas (tiek rekomendēts izmantot ievākšanas metodes saskaņā ar ISO standartu ISO 23611-1), kā arī ir liela datu bāze par slieku ekoloģiju lauksaimniecības zemēs.

Jāatzīmē, ka slieku blīvuma samazināšanās lauksaimniekiem tradicionāli kalpo kā viens no indikatoriem iespējamām augsnes auglības izmaiņām (EVASSO, 2007; Capelle et al., 2016).

Laboratorijas apstākļos pārbaudot savienojumu toksiskumu ir jāņem vērā gan to akūtais toksiskums, gan arī subletālā iedarbība, ko parasti nosaka izvērtējot sugas indivīdu pieauguma ātrumu, attīstības un reprodukcijas parametrus u.c. Sliekām šos rādītājus var noteikt praktiski tikai laboratorijas eksperimentos. Lauka apstākļos nozīmīgākie rādītāji ir slieku sugu sastāvs monitoringa vietās, ekoloģisko grupu klātbūtne, blīvums un sugu dominances struktūra, iespējamā ietekme uz ekoloģiskajām funkcijām. ĢM augi var ietekmēt monitoringa mērķsugas arī netiešā veidā, izmainot barības resursu kvalitāti vai ietekmējot attiecības ar simpatrikajām sugām.

Pēc monitoringa mērķsugu izvēles ir jāizvēlas un jāapraksta piemērotākās pētniecības metodes. Laboratorijas pētījumus ir iespējams veikt kontrolētās faktoru vērtībās, kas ļautu vienkāršāk iegūt un skaidrot pētījumu rezultātus. Lauka pētījumos dažādos vides faktorus praktiski nav iespējams kontrolēt, kas var ievērojami sarežģīt rezultātu interpretāciju, toties ir iespējams novērtēt pētāmās pazīmes un vides mijiedarbību un iespējamo turpmāko agroekosistēmas attīstību. Lauka pētījumu rezultāti ietver arī barības ķēžu izmaiņu novērtējumu, netiešās ietekmes, paaudžu dinamikas un sugu mijiedarbības novērojumus. Monitoringa rezultātiem būtu jāietver secinājumi par paredzamo vai iespējamo ĢM kultūru ietekmes risku uz nemērķa sugām, jānovērtē noteikta identificēta riska potenciālās sekas, jāsniedz rekomendācijas riska pārvaldības jomā (EVASSO, 2007).

Slieku ekoloģija un funkcijas augsnē

Sliekas ir tipiskas augsnes apdzīvotājas. Sliekas ir uzskatāmas par vienu no visnozīmīgākajiem augsnes biotiskajiem komponentiem. Tās piedalās organisku vielu noārdīšanā un mineralizācijā, augsnes struktūras un humusa veidošanā, tādējādi nodrošinot augsnes auglības uzturēšanu. Slieku zarnu traktā veidojas labi strukturēta augsnes un organisko atlieku masa, tā saucamie koprolīti. Salīdzinot ar apkārtējo augsni, tiem ir mazāks skābums, palielināts mitruma saturs, un tie ir bagātāki ar augiem un mikroorganismiem pieejamām barības vielām. Koprolītu klātbūtnē ievērojami uzlabojas augsnes fizikālās un ķīmiskās īpašības. Slieku darbība būtiski pozitīvi ietekmē lauksaimniecības kultūru augšanu un ražu (Атлавините, 1990).

Slieku biomasa mērenajos reģionos pārspēj citu dzīvnieku grupu biomasu. Sliekas uzskata par „ekosistēmu inženieriem”. Tām ir arī liela nozīme barības ķēdēs. Sliekas jūtīgi reaģē uz dažādiem agrotehniskajiem pasākumiem un piesārņojumu, bet ir mazāk jūtīgas uz dažādu dabisko ārējo faktoru iedarbību. Tās ir piemērots augsnes kvalitātes izmaiņu bioindikators (Paoletti, 1999).

Slieku taksonomiskais iedalījums

Sliekas pieder posmtārpu Annelida tipam, kurā tradicionāli tiek izdalītas trīs klases – polihēti, oligohēti un dēles. Tomēr līdz šim aptveroša un skaidra slieku filoģenēze nav izstrādāta, un to klasifikācijā nav vienprātības. Saskaņā ar šobrīd aktuālo sugu sarakstu (Blakemore, 2008), sliekas tiek iedalītas jostaiņu Clitellata virsklasē, kurā ietilpst arī dēles un citas posmtārpu grupas, kurām uz ķermeņa veidojas īpašs paresninājums – jostiņa, mazzartārpu Oligochaeta klasē, Haplotaxida kārtā. Lielākā daļa Eiropas slieku un visas Latvijā atrodamās sugas pieder holarktiskajai Lumbricidae dzimtai. Lumbricidae dzimta tiek uzskatīta par monofilētisku un apvieno 44 ģintis ar apmēram 670 sugām.

Slieku iedalījums ekoloģiskajās grupās

Paralēli slieku taksonomiskajam iedalījumam zinātniskajā literatūrā plaši izmanto arī franču pētnieka Marsela Boše ieteikto iedalījumu morfoekoloģiskās grupās (Bouche, 1977).

Epigeiskās sugas. Apdzīvo augsnes virsējo slāņu O un A horizontus. Visbiežāk atrodamas meža augšņu zemsedzē. Epigeiskās sliekas ir īpaši pakļautas tādu vides faktoru izmaiņām kā temperatūra un mitrums. Sliekām ir īss dzīves cikls, kas reti pārsniedz vienu gadu. Ziemā parasti izdzīvo tikai kokoni. No Latvijā sastopamajām sugām tādas ir *Dendrobaena octaedra*, *Lumbricus castaneus* u.c.

Anetiskās sugas. Veido dziļas ejas augsnes minerālajos slāņos, bet barojas augsnes virspusē ar kritušajām lapām, kuras parasti ievilk savās ejās. Anetiskajām sliekām ir liela nozīme augu atlieku sadalīšanās procesos, augsnes drenāžā, aerācijā un augsnes auglības uzturēšanā dziļākajos slāņos. Latvijas augsnēs tipiski anētiskas ir lielākās sugas *Lumbricus terrestris* un *Aporrectodea longa*.

Endogeiskās sugas. Apdzīvo augsnes minerālos horizontus. Sliekas barojas ar stipri sadalītām augsnes organiskajām vielām, ko iegūst lielos daudzumos ierijot minerālaugsnī. Sliekas aktīvi izalo augsni un sajauc to, tāpēc tām ir liela nozīme augsnes veidošanās procesos. No Latvijā sastopamajām sugām tipiski endogeiskas ir, piemēram, *Aporrectodea caliginosa*, *A.rosea*, bet *Lumbricus rubellus* ieņem starpstāvokli starp epigeiskām un endogeiskām sugām.

Latvijas slieku fauna

Latvijā pētījumi par sliekām ir fragmentāri. No latviešu zinātnieku dotā ieguldījuma jāatzīmē Viktora Eglīša veikums slieku populāciju pētījumos lauksaimniecības zemēs pagājušā gadsimta vidū (Эглитис, 1954). Savukārt šī raksta autors ir veicis pētījumus par Latvijas slieku ekoloģiju kopš pagājušā gadsimta deviņdesmitajiem gadiem LU Bioloģijas institūtā (Ventins, 2010; 2011; Vucāns u.c., 2000).

Latvijā slieku fauna ir salīdzinoši nabadzīga - konstatētas 13 sugas un viena pasuga. Sliekas, tāpat kā citi augsnes dzīvnieki, Latvijas teritorijā ienāca no siltākiem reģioniem pēc pēdējā ledus laikmeta beigām. Sliekas nepieder pie primārajiem augsnes veidotājiem, tādēļ to populācijas varēja veidoties un nostabilizēties vienīgi tad, kad uz ledāju atkailinātajiem nogulumiežiem jau bija izveidojusies augsnes kārtiņa. Aktīvākā augsnes humusa formēšanās notika klimatam pasiltinoties Atlantiskajā periodā, kad mūsu teritorijā ienāca platlapju koku sugas. Slieku izplatībā liela nozīme bija cilvēka saimnieciskajai darbībai, īpaši zemkopībai, kas Latvijas teritorijā aizsākās pirms 4 – 5 tūkstošiem gadu. Apstrādātās augsnes kļuva auglīgākas un vienlaicīgi arī piemērotākas sugām, kas sastopamas galvenokārt tīrumu un pļavu augsnēs. Slieku fauna, līdzīgi kā visa augsnes biota, ir dinamisks komplekss, kas jūtīgi reaģē uz klimata maiņām. Tādēļ nevar uzskatīt, ka mūsu teritorijā slieku faunas veidošanās ir pabeigta – visdrīzākais klimatam mainoties notiks izmaiņas arī sugu sastāvā un to relatīvajā sadalījumā.

Slieku sugas lauksaimniecības zemēs Latvijā

Latvijā lauksaimniecībā izmantojamās zemēs ir konstatētas 10 slieku sugas. Aramzemēs ar sliekām visbagātākās ir smilšmāla velēnu karbonātaugsnes. Sliekas tīrumos parasti apdzīvo augšējos 10 cm. Rudenī tās sastopamas dziļāk. Dabiskā vertikālā izplatības robeža dziļi dzīvojošām sugām parasti ir gruntsūdeņu līmenis. Visparastākā ir tīrumslieka *Aporrectodea*

caliginosa. Tā ir viena no nozīmīgākajām sugām augsnes veidošanas procesos. To blīvums velēnu karbonātaugsnēs var pārsniegt 300 ind. m⁻². Bieži sastopamas ir arī *Aporrectodea rosea* un dižslieka *Lumbricus terrestris*. *L. terrestris* nav raksturīgas smilšu un kūdras augsnēm. Lauksaimniecības zemēm tipiskas ir arī *Allolobophora chlorotica* un *Lumbricus rubellus*.

Lauksaimniecībā izmantojamo zemju pārraudzības sistēmas parauglaukumos 6 gadu periodā (1992.-1998.g.) vietās ar atšķirīgām augsnes īpašībām tika veikti slieku faunas pētījumi (Ventins, 2010; 2011; Vucāns u.c., 2000). Priekuļu selekcijas stacijas lauki (mālsmilts, pH ap 5,5), ar regulāru augsnes apstrādi un pesticīdu, ieskaitot fungicīdus, pielietošanu, raksturojas ar salīdzinoši zemu slieku blīvumu un vairākās sezonās ar 100% *A.caliginosa* dominanci. Jūtīgākās sugas kā *A. rosea* un *A. chlorotica* parauglaukumos netika atrastas nevienā sezonā.

Intensīvi apstrādātajos Dobeles parauglaukumos (smilšmāls, pH ap 7) tika atrastas 5 slieku sugas ar *A. caliginosa* kā dominējošo - visā novērojumu periodā tuvu 100%. Blīvums augsts - virs 300 ind. m⁻². Salīdzinoši 2003. gadā, autoram Zemgales smilšmāla augsnēs (pH ap 7) ievācot slieku materiālu zem vismaz pāris gadus kultivēta zālāja, tika konstatētas 5 sugas ar *A. caliginosa* un *A. chlorotica* kā dominējošām. Lielais *A.chlorotica* īpatsvars zālājā atšķirībā no Dobeles parauglaukumiem liecina, ka intensīvās zemes apstrādes metodes ir nelabvēlīgas lielākai daļai sugu.

Baldones parauglaukumu mālsmilts-smilšu augsnēs (pH ap 6) tika atrastas 4 slieku sugas ar *A. caliginosa* kā dominējošo. Lielākā skaitā atrastas arī *L. rubellus* un *L.terrestris*. Turpat nosusinātā kūdras augsnē (pH ap 5) konstatētas 4 slieku sugas nelielā blīvumā, ieskaitot *A.caliginosa*.

Parastā tīrumslieka *Aporrectodea caliginosa* (Savigny, 1826) ir visizplatītākā suga mūsu aramzemēs. Tai raksturīga augsta tolerance pret izmantotajiem agrotehniskajiem pasākumiem. Sliekas ir geofāgas un barojas augsnes humusa horizontā, pārstrādājot lielu daudzumu augsnes. Tās ir aktīvas rudens un pavasara mēnešos. Vasarā un ziemā sliekām, neatkarīgi no klimatiskajiem apstākļiem, iestājas diapauze - miera periods. Tās ir vienas no nozīmīgākajām humusa veidotājām sugām.

Bieži tīrumos ir sastopama mūsu lielākā slieku suga *Lumbricus terrestris* Linnaeus, 1758 jeb dižslieka. Sliekas ir anētiskas, tās apdzīvo dziļākos augsnes slāņus vairāku desmitu centimetru dziļumā, pēc barības, pārsvarā vecajām lapām, izlienot augsnes virspusē. *L. terrestris* ir ļoti nozīmīgas augsnes humusa un struktūras veidotājas. Tā ir parasta suga lapu

koku mežos, pļavās, arī kultūraugsnēs. Dižsliekas ir samērā tolerantas attiecībā pret agrotehniskajiem pašakumiem. Nelabvēlīgos apstākļos un draudot briesmām *L. terrestris* migrē augsnes dziļākajos slāņos.

Pēc autora domām, ko apstiprina arī zinātniskajā literatūrā iegūtie dati un EFSA rekomendācijas, abas šīs slieku sugas ir piemērotākās ekotoksikoloģiskajos pētījumos lauka apstākļos, tajā skaitā arī saistībā ar ĢM kultūru izmantošanu.

Sliekas kā ekosistēmu inženieri – drilosfēra

Sarežģītā un strukturētā augsnes vide lielā mērā ir veidojusies un arī atrodas slieku pārziņā. Slieku kā ekosistēmu inženieru darbība pārsvarā izpaužas rokot ejas un veidojot koprolītus. *L. terrestris* alām diametrs var būt līdz 12 mm, un tās var stiepties pat vairāku metru dziļumā. Zem aramkārtas ejas var pastāvēt pat vairākus gadu desmitus. Ejās atvieglo augu apsākšanos, īpaši ja augsne ir blīva, mālaina. Tas ļauj augiem ātrāk veidot dziļas sakņu sistēmas, kam ir būtiska nozīme sausuma periodos. Augu saknes piesaista arī palielinātais barības elementu daudzums eju sienīnās. M. Boše (1977) slieku veidotās struktūras ierosināja nosaukt par drilosfēru, domājot ar to slieku ejas ar 2mm biezu augsnes kārtiņu ap tām līdz 20 – 40 cm dziļumam. Savukārt, vēlāk drilosfēras jēdziens tika paplašināts ieslēdzot tajā gan augsnes tilpumu, gan pašas sliekas, gan mikroorganismus, gan citus augsnes organismus, ko ietekmē slieku darbība. Drilosfēras konceptā šobrīd tiek izdalīti šādi galvenie komponenti – slieku ejas, to gremošanas trakts un koprolīti, ar augsni kontaktējošā slieku ķermeņa epitēlija virskārta, slieku atliekas un citi atkritumprodukti. Katram no šiem komponentiem ir atšķirīga ietekme uz mikroorganismu aktivitāti un ar to saistītiem procesiem augsnē.

Drilosfēra ir dinamiska, mainīga vide. To var uzskatīt par augsnes “karsto punktu” ar labvēlīgu stimulējošu ietekmi uz tādām ekosistēmu funkcijām kā barības vielu aprite un augu augšana. Tās temporālā dinamika ir atkarīga no slieku aktivitātes periodiem, bet telpiskā no horizontālās un vertikālās slieku izplatības un faktoriem, kas to nosaka. Drilosfēra ir labi aerēta zona ar koncentrētiem barības resursiem un zemāku C:N attiecību. Gandrīz visā tās dziļumā novēro paaugstinātu slāpekli fiksējošo baktēriju *Azotobacter sp.*, kā arī denitrificējošo un amonificējošo baktēriju darbību. Slieku darbība ievērojami stimulē mikroorganismu aktivitāti un nodrošināta to arī augsnes dziļākajos slāņos. Eju sienīnās, ko apdzīvo sliekas, satur vairāk barības vielu, tur ir paaugstināta enzimatiskā aktivitāte, palielināts fosfolipīdu saturs un lielāka

mikrobiālā biomasa kā slieku pamestās ejās. Tomēr arī ejās, ko sliekas nav apmeklējušas vismaz pāris gadus, joprojām saglabājas augstāks barības vielu saturs, mikrobiālā biomasa un enzimatiskā aktivitāte (Lee, 1985).

Ne tikai slieku ejas, bet arī koprolīti ir mikroorganismiem ļoti piemērota vide. Mikroorganismi no slieku zarnu trakta nonākot koprolītos un, atkarībā no pieejamajam oglekļa un citu barības vielu daudzuma, spēj tur savairoties un kādu laiku saglabāt aktivitāti. Baktērijas, sēņu hifas un raugi maksimālo blīvumu sasniedz 15 – 20 dienā pēc to izvadīšanas, kad to ir 3 – 5 reizes vairāk kā svaigos koprolītos. Koprolītos baktēriju var būt pat 100 reizes vairāk kā apkārtējā augsnē. Vecākos koprolītos mikroorganismu skaits samazinās. To limitē pieejamais barības vielu daudzums. Koprolītos ir vairāk celulozi un hemicelulozi noārdošās, amilolītiskās un nitrificējošās baktērijas, bet mazāk denitrificējošās baktērijas. Koprolītos aktīvi darbojas slāpekli fiksējošās baktērijas (Lee, 1985).

Sliekas un mikroorganismi

Salīdzinot ar mikroorganismiem, sliekas augsnē sastāda nelielu daļu no kopējās biomasas, tomēr tām ir liela nozīme mikrobioloģisko procesu regulēšanā. Šīs attiecības visuzskatāmāk izpaužas organisko vielu noārdīšanās procesā. Slieku pozitīvā ietekme aktivizē mikroorganismus, kā rezultātā, palielinās B grupas vitamīnu daudzums augsnē. Zināms, ka B12 vitamīnu daudzums pieaug tieši proporcionāli slieku skaitam, veicinot ražas lielumu un kvalitāti. Slieku un mikroorganismu savstarpēji labvēlīgās attiecības var gan paātrināt organisko vielu mineralizāciju, gan arī deponēt tās stabilos augsnes agregātos, kur tās kādu laiku tiek pasargātas no noārdīšanas (Brown et al., 2000).

Pētījumi liecina, ka slieku metabolisma produkti var samazināt patogēno baktēriju augšanu un tādejādi sekmēt pieaugumu nepatogēnajām lauksaimniecībā noderīgajām baktērijām, piemēram slāpekli fiksējošām *Bradyrhizobium*, *Rhizobium* un *Azotobacter*. Sliekas var sekmēt *Fusarium* ģints patogēno sēnīšu un to sintezēto toksīnu izžušanu no augu atliekām, tādā veidā pasargājot graudaugu kultūras no inficēšanās un augsni no piesārņošanas ar mikotoksīniem (Thakuria et al., 2010).

Slieku gremošanas trakts un “dusošās skaistules” princips

Ekosistēmu līmenī notiekošajiem procesiem slieku darbības ietekme lielā mērā saistās ar ievērojamu mikroorganismu aktivitātes palielināšanos. Tas aizsākas jau slieku gremošanas trakta priekšējā daļā. Mikroorganismu aktivitāte tiek stimulēta palielinoties uzņemtās barības mitrumam pat par 60-150% no substrāta svara, samazinoties skābumam un sajaucoties barībai ar gremošanas trakta epitēlija dziedzeru izdalītajām gļotām. Tās satur aminoskābes, polisaharīdus un glikoproteīnus, kas veido ļoti piemērotu ar slāpekli bagātu vidi baktērijām. Rezultātā jau viduszarņā novēro palielinātu mikrobiālo un gremošanas enzīmu aktivitāti.

Kaut arī slieku gremošanas traktā atrod tos pašus mikroorganismus, kas sastopami apkārtējā augsnē, tomēr daudzos pētījumos ir noskaidrots, ka barības vadu apdzīvo arī īpaši mikroorganismi, kas nav atrodami vai arī nav dominējošās grupas augsnē. Baktēriju daudzveidība gremošanas traktos ir liela. Endogeisko un anetisko slieku zarnu traktā parasti mikroorganismu daudzveidība un skaits ir lielāks. Atšķirīgās mikroorganismu sabiedrības dažādās slieku ekoloģiskajās grupās raksturo barības substrātu atšķirības. Barības vadā atrod gan sagremotas mikroorganismu atliekas, gan arī metaboliski aktīvas šūnas. To skaits variē un var samazināties pat par 90% vai palielināties pat vairāk kā par 500% atkarībā no tā, vai mikroorganismi tiek sagremoti, vai arī tie pagūst savairoties (Brown et al., 2000).

Tomēr slieku pamatbarība ir augsnes organiskās vielas, nevis mikroorganismi, kas sliekas nenodrošina ar metabolismam nepieciešamo enerģiju. Arī pašu slieku zarnu trakta fermentatīvā sistēma nespēj nodrošināt pilnvērtīgu uzņemto barības vielu sagremošanu, tādēļ sliekas veido mutuālistiskas attiecības ar mikroorganismiem. Mikroorganismi spēj sagremot praktiski jebkuru augsnes organisko vielu. Liela daļa mikrobioloģiskās aktivitātes augsnē noris specifiskās mikrovietās ar vides faktoru vērtībām, kas ir labvēlīgas mikroorganismu aktivitātei. Tomēr lielāko daļu laika mikroorganismi augsnē ir neaktīvā stāvoklī. Sliekām uzņemot barību, tā jau gremošanas sistēmas priekšējā daļā tiek sajaukta, samitrināta, no kalcija dziedzeriem tiek pievienots kalcija karbonāts, kas samazina barības substrāta skābumu, kā arī tiek pievienotas gļotas ar augstu slāpekļa un ūdenī šķīstošo oglekļa savienojumu saturu. Tā kā C/N attiecība gļotās ir 5,5-6, tad arī barības substrātā tā kļūst mazāka salīdzinot ar apkārtējo augsni.

Franču pētnieki (*P.Lavelle* u.c.) augsnes mikroorganismus salīdzina ar “dusošo skaistuli” (*sleeping beauty*) no pasakas par Apburto princesi, kas gaida savus “prinčus modinātājus”.

Slieku "pamodinošais skūpstis" ir mikroorganismiem labvēlīgie apstākļi, kas veidojas barības vadā, eju sienīnās un koprolītos. Slieku spēja pārtraukt mikroorganismu miera periodu pilnībā atjaunojot to metabolisko aktivitāti padara sliekas par vienu no galvenajiem to darbības regulatoriem. Laboratorijas eksperimentos konstatēts, ka mikroorganismu aktivitāte slieku gremošanas sistēmās ir līdz 10 reizēm augstāka kā kontroles variantos bez sliekām un apmēram 30 reizes augstāka kā lauka apstākļos. Šādas slieku – mikroorganismu attiecības ir viens no nozīmīgiem mehānismiem daudzu sauszemes ekosistēmu funkcionēšanā (Brown et al., 2000).

Faktori, kas būtiski ietekmē slieku populācijas

Klimatiskie faktori. Slieku sezonālais skaita maksimums parasti ir maijā un septembrī/oktobrī, ko nosaka galvenokārt pietiekamais augsnes mitrums. Pētījumos ir konstatēta tieša korelācija starp augsnes mitrumu dažādos mēnešos un slieku skaitu. Lauksaimniecības zemēs vasaras sausajos mēnešos slieku skaits var būt 3 - 6 reizes mazāks kā pavasarī vai rudenī (Атламините, 1975).

Adaptācija augsnes temperatūrai ir atšķirīga katrai sugai, vai pat var atšķirties populāciju starpā vienas sugas robežās. Mērenajās klimata joslās augsnes temperatūra parasti nesasniedz sliekām kritiskas vērtības, bet var būtiski ietekmēt ūdens iztvaikošanu no augsnes. Sezonālos sausuma un sala periodus daudzas sugas pavada relatīvā miera fāzē vai pārļaiž embrionālā stadijā kokonos (Lee, 1985).

Augsnes tips. Sliekām vispiemērotākās ir velēnu karbonātu augsnes. Visvairāk slieku ir smilšmālā (dominējošās sugas *Aporrectodea caliginosa*), mazāk mālsmilts (dominē *A. caliginosa*), bet vismazāk smilts augsnēs (dominē *A. caliginosa*) un kūdrājos. Lielākā daļa slieku dod priekšroku vāji skābām, neitrālām augsnēm, maksimālo blīvumu sasniedzot pie vērtībām pH 6 – 8 (Ventins, 2010).

Veģetācija. Sliekas stimulējoši ietekmē veģetācijas daudzveidība - palielinoties augu sugu skaitam un ekosistēmas funkcionālajai daudzveidībai, uzlabojas dzīves apstākļi arī sliekām (Milcu et al., 2004). Lauksaimniecības zemēs augu kultūru daudzveidība un augsekas maiņa var būtiski ietekmēt slieku populācijas. Ir zināms, ka daudzgadīgās kultūras sliekām ir labvēlīgākas kā viengadīgās. Āboliņš ir viena no labvēlīgākajām augu kultūrām. Tas sekmē slāpekļa uzkrāšanos, augsnes struktūras uzlabošanu un arī augsnes dzīvnieku skaita

pieaugumu. Slieku populācijas parasti aktīvi reaģē uz augu valsts izmaiņām. Samazinot augu sugu skaitu, samazinās arī slieku skaits, kas liecina, ka arī katrai augu sugai var būt noteikta loma slieku populācijas uzturēšanā. Augu sugu izzušana var ietekmēt primāro barības vielu produkciju vai vides mikroklimatu (Atlavinite, 1990; Zaller and Arnone, 1999).

Augsnes mehāniskā apstrāde. Konvencionālo augsnes apstrādes metožu kā aršana, diskošana, ecēšana ietekme ir negatīva. Aršana izmaina augsnes ūdens saturu, temperatūru, aerāciju. Tādas sugas kā *Aporrectodea rosea* un *Allolobophora chlorotica* var izzust vispār. Ja augsne tiek kultivēta regulāri, tad arī vertikālās ejas veidojošas sugas, kā, piemēram, *Lumbricus terrestris* var izzust. Lauksaimniecības zemēs dominē slieku sugas, kas ir adaptētas augsnes apstrādei, zemam organisko vielu saturam, samazinātam augsnes mitrumam un virspuses pakaišu iztrūkumam. Tāda suga Eiropas mērenajā reģionā ir parastā tīrumslieka *Aporroctodea caliginosa*. Mērena kultivācija tām var būt pat labvēlīga. Apartos laukos sliekām ir bīstams rudens kailsals. Vēlāk sezonā tās kļūst izturīgākas pret zemām temperatūrām. Slieku izdzīvošanu sala laikā sekmē augsnes virspusē esošs izolējošs augu atlieku slānis (Ivask et al., 2006; Milcu et al., 2004; Miura et al., 2008; Ventins, 2010).

Pesticīdu ietekme. Dažādu lauksaimniecībā izmantojamo ķīmikāliju ietekme uz sliekām var būt ļoti atšķirīga. Vistoksiskākie ir vermicīdi, piemēram, amonija sulfāts, kas tiek pielietoti ar mērķi pilnībā iznīcināt sliekas stadionos, golfa laukumos u.c. Arī dažādi akaricīdi, nematicīdi, fungicīdi un fumiganti ir ar plaša spektra toksisku iedarbību uz sliekām. Ļoti toksiski ir dažādi hlororganiskie insekticīdi. Tā kā hlororganiskie savienojumi ir stabili un ilgstoši saglabājas augsnē, tad sliekas tos var akumulēt, un tie nonāk barības ķēdēs (Lee, 1985). Lielākā daļa fosfororganisko savienojumu ir toksiski sliekām, tomēr augsnē tie sadalās ātrāk un barības ķēdēs parasti nenonāk (Topoliantz et al., 2000). Herbicīdi pielietoti pareizās dozās parasti sliekām nav toksiski. Reizēm, pēc herbicīdu pielietošanas, novēro pat slieku populācijas pieaugumu, jo palielinās to barības bāze – atmirušo nezāļu atliekas. Tomēr regulārai augsnes apstrādei ar herbicīdiem var būt negatīva ietekme. Vienīgā suga, kas ar pesticīdiem intensīvi apstrādātās augsnēs var izdzīvot ir tīrumslieka *Aporrectodea caliginosa*. Te gan jāpiezīmē, ka slieku klātbūtne var paātrināt augsnes attīrīšanu no pesticīdiem (Атлавините, 1990).

Augsnes mēslošanas ietekme. Mēslojuma iedarbība uz sliekām var būt dažāda. Ir zināms, ka organiskā mēslojuma pielietošana parasti atstāj pozitīvu ietekmi uz slieku populācijām. Organiskajā mēslojumā ir relatīvi augsts olbaltumvielu un cukuru saturs, kas ir piemērota barība sliekām (Lee, 1985). Augsnēs regulāri iestrādājot organisko mēslojumu, vai

arī pēc ražas novākšanas atstājot salmus augsnes virspusē, var saglabāties augsts slieku blīvums arī pie intensīviem agrotehniskajiem pasākumiem.

Attiecībā uz neorganiskajiem mēsliem, to ietekme nav viennozīmīga, un pētījumu rezultāti var būt pretrunīgi. Bieži efektu nosaka atšķirības starp augsnes un mēslojuma skābumu. Pielietojot superfosfātu augsnes skābums var samazināties, kas negatīvi ietekmē sliekas. Skābās augsnēs superfosfāta mēslojums var izraisīt pat slieku bojāeju. Neitrālās augsnēs reizēm efekts ir pretējs. Pēc mēslošanas parasti palielinās augu biomasa un, rezultātā, arī slieku barības bāze (Leroy et al., 2008).

Sliekas bioindikācijā

Pētot augsnes ekosistēmas funkcijas, ir ļoti svarīgi izdalīt sugas, kas ir nozīmīgas ekosistēmas līdzsvara uzturēšanā. Tām var būt nozīme pat ainavas līmenī. Lai vadītu un attīstītu ilgtspējīgu ekosistēmu, ir svarīgi saprast saistību starp šīm atslēgsugām, to funkcijām ekosistēmā un pašas ekosistēmas funkcijām (Paoletti, 1999). Sliekas ietekmē vienus no svarīgākajiem augsnes procesiem – organisko vielu noārdīšanos un barības vielu apriti. Slieku fauna un tās izmaiņas faktiski atspoguļo augsnes strukturālos, mikroklimatiskos, barības apstākļus, kā arī augsnes toksiskumu. Izmainās slieku skaits, biomasa, ekoloģiskās grupas, sugu sastāvs un sugu dominance. Visi šie rādītāji labi atspoguļo sekas gan īslaicīgai, gan ilglaicīgai antropogēno faktoru iedarbībai. Piemēram, augsnes vienreizējai apstrādei ir ļoti izteikts, bet īslaicīgs efekts uz slieku populācijām. Savukārt, ja lauksaimniecības zemēs tiek atrastas arī jūtīgākas slieku sugas, tad tas liecina par ilglaicīgākiem piemērotiem ekoloģiskajiem vai agrikulturālajiem apstākļiem (Bauchhenß, 2006; Ivask et al., 2006).

Sliekām kā bioindikatoriem ir vairākas priekšrocības (ENVASSO 2007; EFSA, 2010; Peres et al. 2011.):

- metodes slieku ievākšanai ir salīdzinoši vienkāršas un lētas,
- sliekas ir viegli identificēt,
- tās ir salīdzinoši mazkustīgas,
- raksturīgas ir sezonāli stabilas sabiedrības, kas atvieglo izmaiņu konstatēšanu,
- nepieciešamos paraugu atkārtojumus ir salīdzinoši vienkārši paņemt.

Slieku izmantošanas priekšrocības ekotoksikoloģijā monitoringos (Rombke et al., 2009):

- sliekas pārtikā izmanto gan augsnes minerālās daļas, gan mikroorganismus, gan augu un dzīvnieku izcelsmes organiskās atliekas,

- sliekas veido vienu no galvenajām biomasām kopā ar augiem un mikroorganismiem, kā arī nozīmīgāko dzīvnieku biomasu,

- tām ir liela nozīme barības ķēdēs,

- tās apdzīvo ilgstoši noteiktu vietu,

- ķermeņa ķīmiskā uzbūve ir mazmainīga,

- ir kontaktā gandrīz tikai ar augsnē nonākušajiem savienojumiem (ne atmosfērā!),

- sliekām ir pietiekami garš dzīves ilgums, lai daudzi ķīmiskie savienojumi pagūtu akumulēties to audos, vai arī varētu novērot ilglaicīgāku hronisku to iedarbību.

Augsnes ķīmiskās analīzes atsevišķi nesniedz informāciju par toksisko savienojumu uzņemšanu organismos un piesārņojuma risku, kāds var būt no šiem savienojumiem. Slieku petījumi ļauj novērtēt savienojumu uzņemšanu tieši dzīvajos organismos un barības ķēdēs.

Pētījumos ir izdalīti vairāki būtiski faktori, kas var ietekmēt slieku blīvumu novērojumu vietās (Ventņš, 2011):

- visbūtiskāk blīvumu ietekmē meteoroloģiskie apstākļi - nokrišņu daudzums un gaisa temperatūra,

- kailsalam un augsnes sasalšanas dziļumam ir negatīva ietekme,

- reljefa pacēlumu virspusē novēro augsnes virsējā slāņa eroziju, bet pazeminājumos augsnes daļiņas uzkrājas, kas pozitīvi ietekmē slieku blīvumu,

- platībās, kas tiek regulāri mehāniski apstrādātas, intensīvi mēslotas ar minerālmēsliem un pesticīdiem, slieku sugu skaits un blīvums samazinās,

- nelabvēlīgas sliekām ir arī viengadīgās augu kultūras.

GM kultūras un sliekas

Kā jau minēts, sliekas pēc vairākiem kritērijiem tiek uzskatītas par piemērotiem augsnes vides indikatoriem. Slieku blīvums un sugu daudzveidība tradicionāli ir vieni no nozīmīgākajiem rādītājiem zemes izmantošanas indikācijā. Saskaņā ar EFSA ERA *Guidance Document for NTOs* (EFSA, 2010) rekomendācijām, sliekas kā monitoringa mērķsugas (*focal species*) atbilst dokumentā minētajiem mērķsugu kritērijiem.

Pētījumiem tiek rekomendētas divas ekoloģiski atšķirīgas sugas. Viena ir anētiskā *Lumbricus terrestris*, kā primārā noārdītāja, kas barojas ar mazsadalījušām augu atliekām. Otra ir *Aporrectodea calliginosa*, kā sekundārais noārdītājs, kas barojas ar augsnes detrītu, vienlaicīgi ierijot lielu augsnes minerāldaļiņu daudzumu. Abas sugas ir lielā skaitā atrodamas tīrumos, ir daudz pētītas un bieži tiek izmantotas laboratorijas testos. Neskatoties uz to, ka sliekas ir viens no piemērotākajiem organismiem šādos pētījumos, zinātniskajā literatūrā ir salīdzinoši nedaudz informācijas par potenciālo Cry proteīnu ietekmi uz tām. Lielākā daļa ir veikti laboratorijas apstākļos izmantojot riska analīžu standartsugu *Eisenia fetida*, mazāk ir bijuši pētījumi ražošanas laukos. *Eisenia fetida* (Savigny, 1826) jeb mēslu sliekas ir epigeiskas un sastopamas Eiropas dienvidos augsnēs ar augstu organisko vielu saturu. *E. fetida* ekoloģija un bioloģija padara tās par vienu no piemērotākajiem augsnes organismiem laboratorijas pētījumos. Tā kā lauksaimniecības zemēs tās parasti nav sastopamas, tad lauksaimniecības zemju monitoringos tās netiek izmantotas. Savukārt to izmantošana riska analīzēs ir bez lielas ekoloģiskas nozīmes. Laboratorijas pētījumos nozīmīgāki ir rezultāti, kas iegūti ar attiecīgā reģiona lauksaimniecības zemēm raksturīgām sugām (Zwahlen et al., 2003; Capelle et al., 2016). Eksperimentālie novērojumu periodi gan laboratorijās, gan lauksaimniecības zemēs ir bijuši neilgi, no 1 nedēļas līdz 200 dienām. Līdz šim nav publicēti pētījumu rezultāti par ilglaicīgas ietekmes uz sliekām novērojumiem vairāku sezonu garumā (Vercesi et al., 2006; Li et al., 2019).

Sliekas tiek eksponētas jebkuram savienojumam, kas nonāk augsnē. Tās var sekmēt šādu savienojumu sadalīšanu, var akumulēt tos audos, vai veicināt to imobilizāciju, vienlaicīgi pasargājot tos no biodegradācijas. Cry1Ab proteīni no ĢM augiem nonāk kopā ar sakņu izdalījumiem, augu atliekām, piemēram, pēc ražas novākšanas iestrādājot stiebrus augsnē, un arī citos veidos. Sliekas šos toksīnus var uzņemt kopā ar augu atliekām, augsnes humusa lielmolekulārajiem savienojumiem, māla daļiņām un mikroorganismiem. Ir zināms, ka Bt-toksīni var ilgstoši saglabāties uz lauka augsnē vienlaicīgi ietekmējot nemērķa organismus. Iespējamā Cry proteīnu ietekme uz sliekām var būt tieša, vai radot izmaiņas augu materiālā, vai arī citos augsnes organismos (Zeilinger et al., 2010; Li et al., 2019).

Cry1Ab proteīni nonākot augsnē, sākotnēji ātri degradējas, bet pēc tam jau zemākā koncentrācijā nostabilizējas uz ilgāku laiku. Nesadalījušies proteīni saistās ar augsnes minerālajām daļiņām vai lielmolekulārajiem organiskajiem savienojumiem un tādejādi tiek pasargāti no degradācijas. Laboratorijas pētījumos ir konstatēts, ka jau 30 minūšu laikā pēc

nonākšanas augsnē Cry proteīni tiek adsorbēti uz māla daļiņu virsmas, vienlaicīgi saglabājot to insekticīdo aktivitāti un iespējamo ietekmi vismaz pusgadu vai pat ilgāk. Gan saistītā veidā, gan dažādās augu daļās tie var saglabāties pat līdz nākamajai sezonai (Saxena and Stotzky, 2001; Schrader et al., 2008; Li et al., 2019). Cry proteīnu noārdīšanās īpaši lēna ir pie neitrāla augsnes skābuma un augsta mālu satura. Palielinoties skābuma līdz pH 5 un vairāk, tos sāk aktīvi sadalīt mikroorganismi, izmantojot kā oglekļa un enerģijas avotus (Merwe et al., 2012). Vides skābums slieku gremošanas traktā ir pH neitrāls. Geofāgās sliekas, piemēram, *A. caliginosa*, ierijot lielu daudzumu augsnes ar augstu minerālo daļiņu saturu, veicina Cry1Ab proteīnu adsorbciju uz māla daļiņu virsmas. Nonākot no sliekām ārējā vidē, Cry proteīnu koncentrācija to koprolītos var būt augstāka kā apkārtējā augsnē. Koprolītiem novecojot un pamazām noārdoties (process, kas var ilgt vairākas nedēļas vai pat ilgāk), Cry proteīnu koncentrācija saglabājas samērā konstantā līmenī. Anētiskajai sugai *L. terrestris* ir atšķirīga barošanās ekoloģija, un to koprolīti ir ar zemāku toksisko savienojumu saturu (Schrader et al., 2008).

Kaut arī slieku aktivitāte var veicināt Cry1Ab proteīnu saglabāšanos, tomēr, kā liecina pētījumi, sliekas kopumā samazina to koncentrāciju augu atliekās. Intensīva slieku darbība aramzemēs veicina Cry1Ab proteīnu noārdīšanos. Tas ir skaidrojams ar slieku simbiotiskajām attiecībām ar mikroorganismiem, radot to darbībai labvēlīgu vidi. Bt-toksīnu daudzums, kas atrodams koprolītos un apkārtējā augsnē saistītā veidā ir nelielās koncentrācijās. Jāatzīmē, ka laboratorijas eksperimentos sliekas tiek eksponētas Bt-toksīnu koncentrācijām, kas pat par divām kārtām var pārsniegt koncentrācijas lauka apstākļos. Laboratorijas eksperimentā ar *L. terrestris* un *A. caliginosa* pēc 5 nedēļu ekspozīcijas transgēnās kukurūzas Bt-toksīniem, Cry proteīna koncentrācija augsnē variantos ar sliekām bija būtiski zemāka kā bez tām. Autori to skaidro ar slieku darbības veicinātu mikrobiālās aktivitātes palielināšanos (Schrader et al., 2008; Merwe et al., 2012; Capelle et al., 2016).

ĢM kukurūzas toksicitātes laboratorijas testi vairākkārt ir veikti jau no pagājušā gadsimta deviņdesmitajiem gadiem. 1995.g. pēc 14 dienām nekonstatēja nekādu ietekmi uz *E. fetida*. 2001.g. 45 dienu pētījumā netika konstatēta nekāda negatīva ietekme uz *L. terrestris* izdzīvošanu un ķermeņa svaru (Vercesi et al., 2006). 2003.g. pēc 160 dienu novērojumiem nekonstatē paaugstinātu mirstību un augšanas traucējumus *L. terrestris* juvenīlajām un adultajām formām. Vienīgi 200 dienā tiek konstatēts pieaugušo slieku svara būtisks samazinājums variantā ar ĢM kukurūzu salīdzinot ar kontroli. Laboratorijas pētījumos ar Bt-

kukurūzu Dānijā nekonstatē negatīvu ietekmi uz *A.caliginosa* augšanu un attīstību (Zwahlen et al., 2003). Juvenīlajām sliekām variantos ar transgēno kukurūzu ir tāds pats svara pieaugums kā kontrolē. Kokonu producēšana netiek ietekmēta, tomēr attiecībā uz jauno slieku šķīlšanās efektivitāti novēro nelielu statistiski būtisku negatīvu efektu (Vercesi et al., 2006). Pētījumos ASV ar Bt kukurūzas variantiem saturošiem Cry3Bb1 un Cry1Ab proteīniem sugām *L.terrestris*, *A.caliginosa* un *E.fetida* laboratorijas apstākļos, kā arī lauka pētījumos (mēsļu slieku vietā *L.rubellus*), vairākos nozīmīgos bioloģiskajos parametros netika konstatētas nekādas būtiskas atšķirības vai negatīva iedarbība. Pētnieki uzskata, ka Cry proteīni sliekām nav akūti toksiski, bet neizslēdz subletālu negatīvu ietekmi. Tomēr, lai to apstiprinātu, ir nepieciešami ilglaicīgi novērojumi (Zeilinger et al., 2010).

Citā laboratorijas pētījumā nav atrasta būtiska atšķirība *L.terrestris* un *A.caliginosa* biomasā vidē ar ĢM kukurūzu vai bez tās. Neatkarīgi no eksperimenta variantiem abām sugām bija vērojama biomasas samazināšanās, kas, jādomā, liecina par izmantotās barības (kukurūzas lapas) nepiemērotību sliekām. Vēl citā pētījumā 200 dienu laikā *L.terrestris* ar transgēno kukurūzu palielina svaru par 4,4%, bet kontroles variantā novēro svara samazināšanos par 18,3%. Pieaugušo slieku mirstība vairākos pētījumos ir bijusi līdzīga gan variantos ar transgēnām kultūrām, gan bez. Tomēr laboratorijas apstākļi dažādos eksperimentos var ievērojami atšķirties (Merwe et al., 2012; Schrader et al., 2008).

Laboratorijas pētījumos Ķīnā ar mēsļu slieku *E.fetida* un Bt rīsiem (T775 un to F1 hibrīdi) netika konstatēta būtiska negatīva ietekme uz vairākiem nozīmīgiem slieku bioloģiskajiem parametriem – izdzīvošanu, relatīvo augšanas ātrumu, reprodukciju. Nelielais nelabvēlīgais efekts uz adulto slieku augšanu un reprodukciju, pēc autoru domām, drīzāk ir saistāms ar citiem faktoriem, nevis Cry1Ab proteīnu toksisko iedarbību. Iestrādājot ĢM rīsu salmus augsnē izmaiņas slieku bioloģiskajos parametros bija maz izteiktas, drīzāk ar pozitīvu tendenci, kas var liecināt par salmu nozīmi barošanās procesā (Li et al., 2019). Citā Ķīnā veiktā pētījumā 90 dienu laikā netika konstatēta transgēnās kukurūzas (Cry1Ac proteīns) negatīva ietekme uz *E.fetida* augšanu, reprodukciju un enzimatisko aktivitāti (Wu et al., 2022).

Neskatoties uz to, ka Bt-toksīni ir spēcīgas indes, lielākajā daļā pētījumu nav konstatēta tos saturošu kultūru būtiska negatīva ietekme uz sliekām. Vienīgi atsevišķos pētījumos novēro iespējamu nelielu negatīvu ietekmi. Cry proteīnu toksisko iedarbību uz daļu no mērķorganismiem - insektiem skaidro ar īpašu toksīnu saistošu receptoru klātesamību to viduszarnas šūnu membrānās. Slieku zarnu šūnu membrānās šādu receptoru nav. Liela

nozīme ir arī skābuma līmenim minēto organismu gremošanas sistēmās. Bt-proteīna kristāli insektu gremošanas sistēmā tiek aktivēti pie pH 10, kamēr slieku zarnās skābums ir robežās no pH 6-7 (Vercesi et al., 2006).

Kaut arī lielākā daļa līdzšinējo, galvenokārt īstermiņa, pētījumu rezultāti neuzrāda ievērojamu Bt-toksīnu negatīvu ietekmi uz sliekām, tomēr atsevišķos pētījumos iegūtie rezultāti liek domāt par iespējamu toksīnu potenciālo nelabvēlīgo ietekmi uz augsnes organismiem. Jādomā, ka šo pētījumu rezultātus neietekmēja tieša Bt-toksīnu iedarbība jeb akūtais toksiskums, bet iemesli ir meklējami, piemēram, barības kvalitātes atšķirībās. Zināms, ka atsevišķām Cry1Ab Bt kukurūzas varietātēm var būt paaugstināts lignīna līmenis. Tas var ietekmēt gan mikroorganismu, gan augsnes faunas barības racionu. Transgēnie augi var atšķirties arī ar ogļhidrātu saturu, celulozes/lignīna un C:N attiecību. Barības kvalitātes izmaiņas var radīt izmaiņas augsnes mikroorganismu sabiedrībās, kā sekas var būt arī augsnes funkcionālās izmaiņas. Tomēr par šāda līmeņa izmaiņām zināšanas ir joprojām nepilnīgas, lai izdarītu secinājumus ar augstu ticamības līmeni. Jāņem vērā arī tas, ka transgēnās kultūras var būt arī augstvērtīgāks barības avots augsnes organismiem kā tradicionālās. Attiecībā uz lauka pētījumiem var izrādīties, ka agrotehnikajiem pasākumiem var būt daudz destruktīvāka ietekme uz augsnes procesiem kā transgēnajām kultūrām.

Slieku ievākšanas metodes GM kultūru ietekmes monitoringam lauka apstākļos

Saskaņā ar EFSA ERA *Guidance Document for NTOs* (EFSA, 2010) rekomendācijām, sliekas kā monitoringa mērķsugas (*focal species*) atbilst dokumentā minētajiem mērķsugu kritērijiem – tās, kā organismi, kuriem augsne ir dzīves un barošanās vide, ir eksponētas ĢM augiem un vienlaicīgi arī toksīniem, tās ir sastopamas lielā blīvumā, un tām ir būtiska funkcionāla nozīme augšņu un ražas iegūšanas procesos.

Veicot pētījumus laboratorijas apstākļos ir iespējams veikt dažādus testus kontrolētā vidē noskaidrojot gan īslaicīgu, gan ilglaicīgu Bt-toksīnu ietekmi uz izraudzītajiem monitoringa mērķorganismiem. Sliekām kamerālos apstākļos parasti tiek pētīti šādi parametri – mirstība, pieaugums, attīstības stadijas, nobriešanas ātrums, vairāki reproduktīvie rādītāji u.c.

Lauka apstākļos parasti nosaka sugu daudzveidību, blīvumu un biomasu, sezonālo dinamiku. Vienlaicīgi tiek noteikta sugu dominances struktūra un ekoloģiskās grupas, iespēju robežās arī citi rādītāji. Ņemot vērā lielo dažādu organismu sugu daudzveidību augsnē, sugu

simbiotiskās attiecības un GM kultūru ietekme uz tām ir papildus parametrs, kas būtu jāņem vērā. Tas dotu ieskatu, piemēram, organismu savstarpējās trofiskajās attiecībās. Pēc iegūtajiem rezultātiem var secināt arī par izmaiņu iespējamo ietekmi uz augsnes ekoloģiskajām funkcijām.

Slieku ievākšanas standartizētās metodes

Slieku materiāla ievākšanai monitoringu vietās ir izstrādāti un apstiprināti ISO standarti - INTERNATIONAL STANDARD. ISO 11268-3 (2014).

Slieku sugas, skaitu un biomasu no testa parauglaukumiem salīdzina ar kontroles parauglaukumiem. Tiek ierīkota testa vieta ar randomizētu bloku dizainu 4 atkārtojumos. Ievākšana jāveic slieku aktivitātes periodā.

Testa vietai ir jābūt pēc iespējas homogēnākai, līdzenai, ar viendabīgām kultūrām. Ir jāizvairās no vides apstākļu gradienta, no malas efekta (mežs, ceļš).

Pirms testa ieteicams novērtēt, vai slieku blīvums un sugu sastāvs atbilst konkrētajam augsnes tipam. Parauglaukumus parasti neiekārto smilšu, kūdras un māla augsnēs. Ir jāzin lauka vēsture.

Testa vietas aprakstā jābūt sekojošai informācijai:

- augsnes granulometriskais sastāvs (ISO 11277),
- organiskā oglekļa sturs (ISO 10694),
- augsnes pH (ISO 10390),
- augsnes ūdens noturētspēja A horizontā (water-holding capacity) (ISO 11274),
- veģetācijas apraksts.

Papildus ir nosakāmi vairāki meteoroloģiskie parametri - augsnes un gaisa temperatūra, ūdens saturs augsnē, nokrišņi, saules sapīdēšanas ilgums.

Katram testa variantam ir nepieciešami 4 atkārtojumi ar 4 paraugiem katrā atkārtojumā (16 parugi katrā testa vietā).

Atsevišķu paraugu ņemšanas vietām jābūt vismaz 2m attālumā vienai no otras.

Slieku ievākšanas process ISO 23611-1:2018

Slieku ievākšanu veic kombinējot 2 metodes – augsnes paraugu šķirošanu ar rokām un ekstrahēšanu ar stimulējošiem ķīmiskiem savienojumiem.

Ieteicamais parauga ņemšanas laukums – augsnes bedre 50x50 cm (atkarībā no nepieciešamības, laukums var būt lielāks vai mazāks). Augsni izņem līdz 20 cm dziļumam un izšķiro ar rokām. Izraktā augsne tiek šķirotā uz vietas ieberot to plastmasas traukos. Ja šķirot uz vietas nav iespējams, to var darīt laboratorijā vai citās telpās. Rokot augsni sliekas var tikt pārgrieztas uz pusēm. Ievāc abas puses, lai precīzāk noteiktu biomasu, bet blīvumam uzskaita tikai priekšējo daļu. Iegūtās sliekas fiksē 70% etanolā, traukiem pievienojot etiķeti ar nepieciešamo informāciju. Iespējama, bet netiek rekomendēta, arī slieku fiksācija 4 % formalīnā.

Pēc roku šķirošanas augsnes bedrītē veic dziļākos slāņos dzīvojošo slieku ekstrahēšanu ar formalīnu vai kādu citu kairinošo ķīmikāliju. Ekstrakcija ar formalīnu ir aprakstīta tekstā turpmāk saistībā ar augsnes monitoringa programmu Francijā.

Slieku ekstrakcijai var izmantot arī alilizotiocianāta (allyl isothiocyanate - AITS) šķīdumu. Katrā augsnes parauga ņemšanas vietā 2-3 reizes atkārtojot apmēram pusstundas laikā ir jālej attiecīgi sagatavots šķīdums - 1g AITS + 50mg isopropanols + 10l ūdens.

AITS ir dabisks produkts. Tas ir toksisks, vidē viegli noārdošs savienojums – kairinošs, var radīt epitēlija apdegumus, tomēr tā lietošana saskaņā ar Eiropas Ķīmikāliju aģentūras (ECHA) norādēm nerada draudus videi.

Francijas nacionālā bioindikatoru programma - slieku materiāla ievākšana augsnes monitoringā

Augsnes monitoringa tīkls tādās valstīs kā Vācijā un Francijā ir viens no veiksmīgākajiem Eiropas kontekstā. Atsakoties no Vācijas piemēra dēļ sarežģītākās paraugu ievākšanas struktūras, autors sniedz ieskatu Francijā veiktajam slieku monitoringam (Peresa et al., 2011), kā struktūra ir vienkāršāka un zināmā mērā sasaucas ar pagājušā gadsimta deviņdesmitajos gados Latvijā veikto lauksaimniecības zemju pārraudzību (1.attēls).

Monitoringa pētījumos iegūtie parametri: kopējais slieku blīvums un biomasas; sugu daudzveidība un dominances struktūra; slieku sabiedrību ekoloģiskā struktūra – sugu sadalījums trīs ekoloģiskajās grupās; individuālā biomasas katrai sugai un ekoloģiskajām grupām.

Sliekas ievāc 5 dažādās vietās, kopā ierīkoti 16 parauglaukumi, kas pārstāv 3 dažādas pamatkategorijas – lauksaimniecības zemes, mežus un piesārņotas augsnes. Parauglaukumi

aptver vairākus zemes izmantošanas veidus – mežus, meža zemes (*woodlands*), aramzemes, ganības un neizmantotas teritorijas (*wastelands*). Teritorijām ir zināma lietošanas vēsture. Slietas tiek ievāktas pavasarī. Vienlaicīgi tiek reģistrēti meteoroloģiskie parametri. Ievākšanu veic 4 personas, iespēju robežās vieni un tie paši cilvēki. Vākšana notiek kombinējot formālīna pielietošanu ar šķirošanu ar rokām. Vispirms norobežots laukums 1m² platībā 3 reizes tiek noliets ar formālīnu. Katrā reizē izmanto 10 litrus formālīna. Vispirms šķīdums koncentrācijā 0,25%, tad, pēc 15 minūšu intervāla vēlreiz izmanto 0,25%, vēl pēc 15 minūtēm izmanto šķīdumu 0,4% koncentrācijā. Pēc tam, kad visas virspusē izlīdušās slietas ir uzlasītas, laukuma centrālajā daļā platībā 25x25x25cm izšķiro augsni ar rokām. Slietas fiksē 4% formālīnā. Sugas tiek noteiktas laboratorijā. Pēc noteikšanas slietas tiek nosvērtas, vispirms noslaukot tās ar mitrumu absorbējošu papīru.

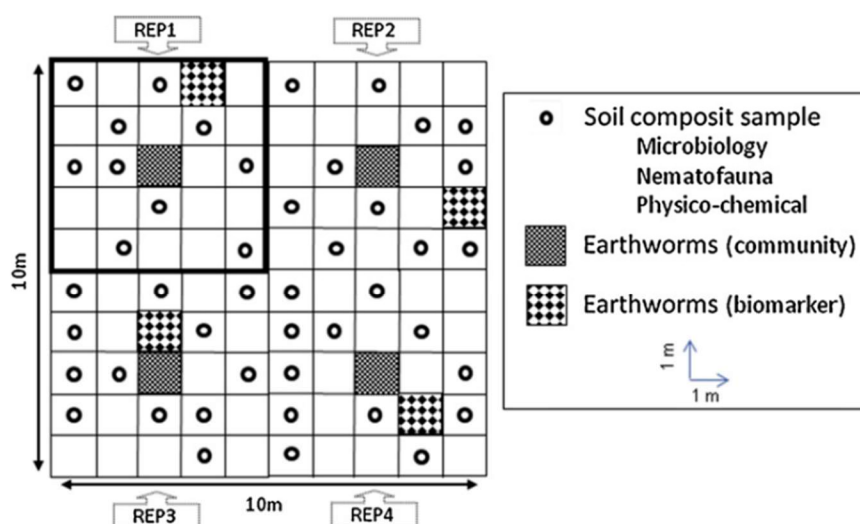


Fig. 1. Sampling design applied in each plot of the Bioindicator programme.

1.attēls. Augsnes monitoringa paraugu ievākšanas vietas shēma Francijas nacionālajā bioindikatoru programmā (Peresa et al., 2011)

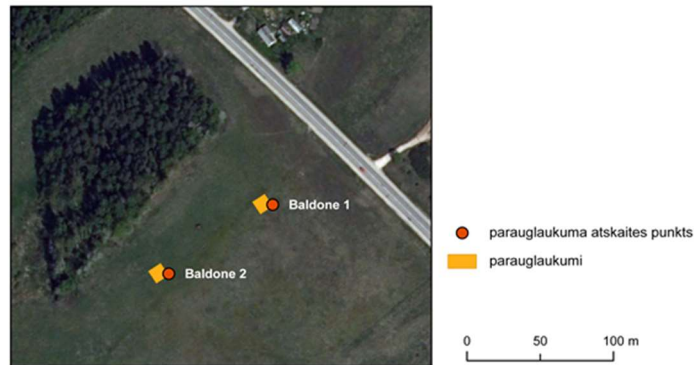
Augsnes pētnieki pauž uzskatu, ka formālīna pielietošana slietu ievākšanā, videi nekādu kaitējumu nenodara. Tas tiek izmantots nelielās koncentrācijās un dabiskā vidē ātri sadalās, bez tendences akumulēties augsnes struktūrās un organismos (mutisks ziņojums).

Latvijas Republikas lauksaimniecībā izmantojamās zemes pārraudzība

Lauksaimniecības zemes pārraudzība (monitorings) tika uzsākta 1992. gadā. Tā tika balstīta uz stacionāriem novērojumiem par antropogēnās slodzes ietekmi uz lauksaimniecības zemēm noteiktās novērojumu vietās. Pārraudzības mērķis bija sekmēt lauksaimniecības zemju aizsardzību un veicināt ekoloģiski pareizu un saimniecisku zemes izmantošanu. Laika periodā no 1992. - 1999. gadam tika veikti novērojumi par zemes īpašību, piesārņotības un produktivitātes izmaiņām antropogēnās slodzes ietekmē, kas kalpotu par pamatu ieteikumiem antropogēnās slodzes regulēšanai. Ar Latvijas Valsts zemes dienesta ģenerāldirektora pavēli 1994. gada 14. februārī tika apstiprināts "Nolikums par Latvijas Republikas lauksaimniecībā izmantojamās zemes pārraudzību." Kompleksie novērojumi tika veikti 12 vietās 20 augšņu paveidos. Lai iegūtie dati būtu pietiekami reprezentatīvi, novērojumu vietas tika izvēlētas tā, lai pēc iespējas labāk reprezentētu Latvijas lauksaimniecībā izmantojamo zemju augsnes. Novērojumi tika balstīti uz lauku vēsturi, kā arī papildus tika noteikti sekojoši parametri: augsnes ķīmiskās un fizikālās īpašības, augu barības vielu piesārņojums ar smagajiem metāliem, radionukleotīdiem un pesticīdu atliekām, kā arī raža un lauksaimniecības kultūru produktivitāte (Vucāns u.c., 2000).

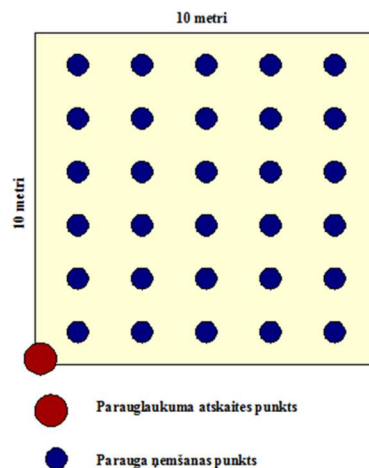
Sadarbībā ar Bioloģijas institūta speciālistiem trīs novērojumu vietās septiņos augsnes paveidos laika posmā no 1992. līdz 1998. gadam tika uzskaitītas arī sliekas. Augsnes faunas pētījumi tika veikti Latvijā izplatītos augšņu paveidos: smilts un mālsmilts velēnu podzolaugsnēs, smilts un mālsmilts velēnpodzolētās glejaugsnēs, smilšmāla velēnglejotās, smilšmāla velēnu karbonātaugsnēs un zemā purva kūdraugsnēs.

Sliekas tika ievāktas sekojošo komplekso pētījumu vietās iekārtotos parauglaukumos - Rīgas rajona Baldones pagastā (3 parauglaukumi), Dobeles rajona Dobeles pagastā (2 parauglaukumi) un Cēsu rajona Priekuļu pagastā (2 parauglaukumi) (2.attēls). Parauglaukumi atradās ražošanas laukos, kas tika izmantoti atbilstoši apsaimniekošanas plāniem. Katrā novērojumu vietā, lai aptvertu uz dažādiem reljefa elementiem izvietoto augšņu kombinācijas, pēc katēnas principa tika iekārtoti 2 stacionārie parauglaukumi 10 x 10 m platībā, viens ar augstāku reljefa novietojumu, otrs ar zemāku. Šajos laukos katru gadu tika noteikti arī augsnes aramkārtas agroķīmisko īpašību rādītāji.



4.4. attēls. Baldones 1, Baldones 2 un Baldones K novērojumu vietas parauglaukumi (ORTOFOTO 3. LĢIA Latvijas 3. etapa ortofoto karšu mozaika. LU ĢZZF WMS. Skatīts 01.01.2010. Pieejams <http://kartes.geo.lu.lv/wms.html>)

2.attēls. Parauglaukumu izvietojums novērojumu vietās Baldonē. Kvadrātu izmērs 10x10m, katrā kvadrātā tika ņemti 30 paraugi (Ventiņš, 2011)



4.5. attēls. Paraugu ievākšanas shēma Lauksaimniecībā izmantojamās zemes pārraudzības sistēmas parauglaukumos

3.attēls. Slieku paraugu ievākšanas shēma (Ventiņš, 2011)

Katrā parauglaukumā ar metāla augsnes urbi (4.attēls) ar diametru 9,6 cm (urbja atveres laukums: 72,35 cm²) randomizēti tika ievākti 30 augsnes paraugi (3.attēls). Paraugi tika ņemti līdz 25 cm dziļumam. Paraugi tika vākti reizi gadā – septembra beigās, oktobra sākumā, slieku rudens aktivitātes periodā. Paraugi tika šķiroti ar rokām uz vietas, ko parasti veica 4 darbinieki. Formalīns vai citas ķīmikālijas ievākšanas procesā netika izmantotas. Sliekas tika fiksētas 70%

etanolā. Dienas laikā bija iespējams apsektot vienu komplekso novērojumu vietu. Sugu identifikācija notika kamerālos apstākļos. Noteiktie bioloģiskie parametri – sugu sastāvs, blīvums, dominances struktūra, sadalījums ekoloģiskajās grupās.

Ieteikumi slieku monitoringa pētījumiem lauksaimniecības zemēs ar ĢM kultūrām

Šobrīd LV nav ilglaicīgas monitoringa sistēmas, kurā viens no novērotajiem aspektiem būtu izmaiņas slieku populācijās.

Saistībā ar ES politiku augsnes aizsardzībā un Eiropas Parlamenta un Padomes Direktīvu par augsnes monitoringu un noturību (Augsnes monitoringa akts), tiek strādāts pie nacionālās augsnes monitoringa sistēmas izveides. Vai monitoringā tiks iekļauti arī augsnes organismi un kādi, tas vēl nav zināms.

Pēc autora domām, lai novērtētu potenciālo ĢM kultūru ietekmi, novērojumu vietās būtu jāveido atsevišķa monitoringa sistēma, kurā tiktu iekļautas arī sliekas un citi ar augsnes procesiem saistīti organismi. Monitoringa shēma varētu balstīties uz p.g. deviņdesmitajos gados veiksmīgi realizēto LR lauksaimniecībā izmantojamās zemes pārraudzības sistēmas metodiku un ISO standartiem.

Eksperimentālos parauglaukumus ir jāizvēlas netālu no ceļa viegli piekļūstamās vietās. Jārēķinās ar ilgstošu lauka darbu gandrīz visas dienas garumā. Ja daļa augsnes šķirošanas darba tiek veikta kamerālos apstākļos, jāreķinās ar smagiem augsnes paraugiem, kas ir jānogādā līdz transportam.

Ieteicamais augsnes veids – izplatītākās mālsmilts augsnes, kas ir vieglāk izšķirojamas un ar proporcionāli lielu slieku skaitu. Visbagātīgākās Latvijas apstākļos ir smilšmāla augsnes, tomēr tās ir smagākas, grūtāk izstaigājamas un izšķirojamas, it īpaši pēc stiprām lietavām.

Augsnēm jābūt neakmeņainām, vāji skābām vai neitrālām (pH 5,5-7,0), ar maksimālo gruntsūdens līmeni ne augstāku par 0,5m. Skābajās augsnēs sliekas ir nelielā blīvumā, bet augsts gruntsūdens līmenis ierobežo anetisko, dziļās, vertikālās ejas veidojošo slieku izplatību, kā arī slieku migrāciju dziļākos augsnes slāņos sausuma vai sala laikā, kas ietekmē to izdzīvotību.

Reljefam jābūt līdzenam, bez manāmiem pacēlumiem vai nolaidumiem. Tīrumos pat pie neliela reljefa pacēluma var novērot augsnes erozijas pazīmes, kas tiešā veidā ietekmē slieku

izplatību. Ja nepieciešams, vienā tīrumā var tikt iekārtoti vairāki parauglaukumi, kas reprezentētu nelīdzenumu atšķirības.

Paraugus visbiežāk ievāc reizi gadā, septembra beigās, oktobra sākumā, kas atbilst maksimālajam slieku aktivitātes periodam. Ja nepieciešami dati par slieku sezonālo dinamiku, tad paraugi tiek ievākti tajā pašā vietā divas reizes sezonā - pavasarī un rudenī. Paraugu izšķirošana ņemot tos no augsnes bedrītēm notiek turpat uz lauka vai laboratorijas apstākļos. Tas ir laikietilpīgs un nogurdinošs darbs, tāpēc šķirošanā ir nepieciešams iesaistīt vairākus darbiniekus. Šķirošana ar rokām ir galvenais veids kā tiek ievāktas sliekas. Tā tiek uzskatīta arī par visprecīzāko metodi, kaut arī sliekas, kuru izmēri ir mazāki par 2cm, šādā veidā ir grūtāk uzskaitīt. Atkarībā no augsnes struktūras, augu segas, kā arī paša pētnieka pieredzes un vērīguma, parasti izdodas atrast 50–90% paraugā esošo slieku. Augsnes paraugi ir jāšķiro labā apgaismojumā, vislabāk laboratorijas apstākļos. Šķirošana ar rokām uz lauka ir nogurdinoša un mazāk efektīva. Jārēķinās arī ar rudens īsajām dienām un sliktāku apgaismojumu. Ja augsne tiek ņemta no 50x50 cm bedrītēm, tad to iznest no lauka dēļ lielā daudzuma un svara ir problemātiski. Tomēr jāņem vērā, ka lielāka paraugu platība un tilpums labāk reprezentēs slieku sabiedrības. Augsnes paraugus ņemot ar tērauda cilindra palīdzību, kopējais paraugu tilpums ir mazāks, bet tos ir vieglāk nogādāt līdz transportam, un, šķirošanu veicot kamerālos apstākļos, tiks uzskaitīts vairāk slieku.

Patērētais darba laiks strādājot gan ar bedrīšu rakšanas metodi, gan paraugus ņemot ar augsnes cilindru, ir līdzīgs. Kopā tas aizņem apmēram 4 stundas katrai paraugu ņemšanas vietai.

Kamerālos darbus – 2 vietu paraugu izskatīšanu laboratorijas apstākļos, sugu identifikāciju, biomasas noteikšanu, strādājot diviem speciālistiem, var veikt 1-2 dienu laikā.

Autors šaubās par lietderību paraugu ievākšanā izmantot papildus vēl formalīnu vai kādu citu ķīmikāliju. Pirmkārt, to sadalīšanās augsnē Eiropas dienvidu (Francija) vai centrālajos (Vācija) reģionos norit ātrāk; otrkārt, Latvijai ir raksturīgs blīvs dažādu ūdensteču un ūdenstilpju tīklojums; treškārt, augsts gruntsūdeņu līmenis, kā dēļ savienojumi ātri tiks novadīti ūdeņos; un visbeidzot, šādu metožu izmantošana būtu jāsaskaņo ar Dabas aizsardzības pārvaldi un ar zemes īpašniekiem.

Novērojumos uzskaitāmie parametri:

- kopējais sugu sastāvs,

- kopējais slieku blīvums,
- sugu dominances struktūra,
- sadalījums pa ekoloģiskajām grupām,
- indikatorsugas *Aporrectodea caliginosa* blīvums un biomasa,
- indikatorsugas *Lumbricus terrestris* blīvums un biomasa.

- Paraugus var ievākt pēc lauksaimniecībā zemes pārraudzība sistēmā aprakstītās shēmas, iekārtojot katrā vietā 10x10m parauglaukumu un ievācot paraugus ar metāliskas caurules – augsnes urbja palīdzību (4.attēls). Ieteicamais caurules diametrs 10-15 cm. Paraugu atkārtojumu ņemšanas skaits 20-30 paraugi vienā vietā. Atbilstoši ISO 11268-3 standartiem, katram testa variantam ir nepieciešami 4 atkārtojumi ar 4 paraugu ņemšanas vietām katrā atkārtojumā.



4.attēls. Metāla caurule augsnes paraugu ņemšanai

Alternatīva metode aprakstītajai ir augsnes bedrīšu rakšana. Ieteicamais bedrītes izmērs 50x50cm (0,25m²), rakšanas dziļums līdz 25 - 30cm vai dziļāk. Šajā gadījumā katram testa variantam būtu nepieciešams izrakt 16 bedrītes, kas atbilst ISO 11268-3 standartiem. Augsne ir jāizšķiro ar rokām uz vietas. 2 cilvēki augsni no vienas bedrītes var izšķirot 1-2 stundu laikā.

Būtiska piebilde - izmantojot formalīnu vai citus savienojumus ir iespējams precīzāk uzskaitīt arī anetisko slieku sugu *L.terrestris*. Ja augsne tiek tikai rakta, tad atkarībā no augsnes tipa un gruntsūdeņu līmeņa, būtu nepieciešams rakt daudz dziļāk par rekomendētajiem 25-30cm, lai iegūtu pieaugušos šīs sugas pārstāvjus, kaut arī dižsliekas juvenīlās stadijās parasti ir atrodamas augsnes virsējos slāņos. Tādēļ, pēc autora domām, lauksaimniecības zemēs Latvijā

galvenā indikatorsuga ir daudz vieglāk uzskaitāmās tīrumslietas *A.caliginosa*. Nozīmīgi ir arī tas, ka pat intensīvi apstrādātās augsnēs, tās ir atrodamas salīdzinoši lielā daudzumā.

Literatūras saraksts

1. Bauchhenß, J. 2006. Regenwürmer als Bioindikatoren Bodenzologische Untersuchungen auf BDF. Bodenbiologische Bewertung von Bodendauerbeobachtungsflächen (BDF) anhand von Lumbriciden. Workshop in Weimar, 22-32
2. Blakemore, R.J. 2007. An updated list of valid, invalid and synonymous names of Criodrilodea and lumbricoidea (Annelida: Oligochaeta: criodrilidae, Sparganophilidae, Ailoscolecidae, Hormogastridae, Lumbricidae). In: Ito MT, Kaneko N (eds) A series of searchable texts ob earthworm biodiversity, ecology and systematics from various regions of the world (CD edition). Yokohama University, 1-68
3. Bouché, M.B., 1977. Stratégies lombriciennes. In: Lohm, U., Persson, T., (Eds.) Soil organisms as components of ecosystems. Stockholm, Ecology Bulletin 25, 122–132
4. Brown G.G., Barois I., Lavelle P. Regulation of soil organic matter dynamics and microbial activity in the drilosphere and the role of interactions with other edaphic functional domains. Eur. J. Soil Biol. 36 (2000) 177-198; DOI: 10.1016/S1164-5563(00)01062-1
5. Christine, C., Schrader, S., Arpaia, S. 2016. Selection of focal earthworm species as non-target soil organisms for environmental risk assessment of genetically modified plants Science of the Total Environment 548–549, 360–369
6. Decaëns, T., Jiménez, J.J., Gioia, C., Measey, G.J., Lavelle, P. 2006. The values of soil animals for conservation biology. European Journal of Soil Biology 42, 23-38; DOI: 10.1016/j.ejsobi.2006.07.001
7. Ivask, M., Kuu, A. 2006. Earthworm communities in Estonian arable soils. Poster. The 8th International Symposium on Earthworm Ecology, Krakow, Poland, 4th-9th September, 37
8. Lee, K. E. 1985. Earthworms. Their Ecology and Relationships with Soil and Land Use. Sydney, Orland, London, Academic Press, 411

9. Leroy, B.L.M., Schmidt O., Van den Bossche, A., Reheul, D., Moens, M.: 2008. Earthworm population dynamics as influenced by the quality of exogenous organic matter. *Pedobiologia*. 52, 2, 1139-150; DOI: 10.1016/j.pedobi.2008.07.001
10. Li, J., Shu, Y., Wang, F., Wang, J. 2019. Effects of Cry1Ab-expressing Bt rice straw return on juvenile and adult *Eisenia fetida*. *Ecotox. Environ. Saf.* 169, 881-893; DOI: 10.1016/j.ecoenv.2018.11.079
11. Merwe, F., Bezuidenhout, C., Berg, J., Maboeta, M. 2012. Effects of Cry1Ab Transgenic Maize on Lifecycle and Biomarker Responses of the Earthworm, *Eisenia andrei*. *Sensors*, 12, 17155-17167; doi:10.3390/s121217155
12. Milcu, A., Partsch, S., Scheu, S. 2004. Effects of grassland plant species diversity on soil animal food web components. Poster, 14. International Conference of Soil Zoology and Ecology (ICSZ), Rouen, France.
13. Miura, F., Nakamoto, T., Kaneda, S., Okano, S., Nakajima, M., Murakami, T. 2008. Dynamic of soil biota at different depths under two contrasting tillage practices. *Soil Biology and Biochemistry*, 40 (2), 406-414; DOI: 10.1016/j.soilbio.2007.09.004
14. Paoletti, M. 1999. The role of earthworms for assessment of sustainability and as bioindicators. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 74, 137-155; DOI: 10.1016/S0167-8809(99)00034-1
15. Pérès, G., Vandenbulcke, F., Guernion, M., Hedde, M., Beguiristain, T., Douay, F., Houot, S., Piron, D., Richard, A., Bispo, A., Grand, C., Galsomies, L., Cluzeau, D. 2011. Earthworm indicators as tools for soil monitoring, characterization and risk assessment. An example from national Bioindicator programme (France). *Pedobiologia* 54, 77-87; DOI: 10.1016/j.pedobi.2011.09.015
16. Rombke, J., Jansch, S., Meier, M., Hilbeck, A., Teichmann, H., Tappeser, B. 2009. General Recommendations for Soil Ecotoxicological Tests Suitable for The Environmental Risk Assessment of Genetically Modified Plants. *Integrated Environmental Assessment and Management* — Volume 6, Number 2, 287–300; DOI: 10.1897/IEAM_2009-043.1
17. Saxena D., Stotzky G. *Bacillus thuringiensis* (Bt) toxin released from root exudates and biomass of Bt corn has no apparent effect on earthworms, nematodes, protozoa, bacteria, and fungi in soil. *Soil Biology and Biochemistry* 33 (2001) 1225-1230; DOI: 10.1016/S0038-0717 (01) 00027-X

18. Schrader, S., Münchenberg, T., Baumgarte, S., Tebbe, C. 2008. Earthworms of different functional groups affect the fate of the Bt-toxin Cry1Ab from transgenic maize in soil. *Eur.J.Soil Biol.* 44, 283-289; DOI: 10.1016/j.ejsobi.2008.04.003
19. Thakuria, D., Schmidt, O., Finan, D., Egan, D., Doohan, F.M. 2010. Gut wall bacteria of earthworms: a natural selection process. *The ISME Journal* (2010) 4, 357–366; DOI: 10.1038/ismej.2009.124
20. Topoliantz, S., Ponge, J.F., Viaux, P. 2000. Earthworm and enchytraeid activity under different arable farming systems, as exemplified by biogenic structures. *Plant and Soil*, 225, 39–51; DOI: 10.1023/A:1026537632468
21. Ventins, J. 2010. The main factors affecting earthworm (Lumbricidae) community in most common types of agricultural soils in Latvia. *Proceedings of the Latvian Academy of Sciences, Section B, Natural Exact and Applied Sciences*, 65 (1-2), 48-56; DOI: 10.2478/v10046-011-0018-0
22. Ventiņš 2011. *Slieku (Oligochaeta, Lumbricidae) cenožu izmaiņas uz antropogēno un dabisko faktoru fona. Promocijas darbs. LU*
23. Vercesi, M.L., Krogh, P.H., Holmstrup. 2006. Can *Bacillus thuringiensis* (Bt) corn residues and Bt-corn plants affect life-history traits in the earthworm *Aporrectodea caliginosa*. *Applied Soil Ecology* 32, 180–187; DOI: 10.1016/j.apsoil.2005.07.002
24. Ventiņš, J., Vucāns, A., Gemste, I., Līvmanis, J., Ivbulis, P. 2000. *Slieku izplatība lauksaimniecībā izmantojamo platību augsnēs. LLU Raksti*, 6, 22-29
25. Wu, F., Jiang, Z., Wang, B., Yin, J., Wang, D., Song, X. Biochemical analyses demonstrate that Bt maize has no adverse effects on *Eisenia fetida*. *PLoS ONE* 17 (6) 1-9; DOI: 10.1371/journal.pone.0269303
26. Zaller, J.G., Arnone, J.A. 1999. Earthworm responses to plant species loss and elevated CO₂ in calcareous grassland. *Plant and Soil*, 208, 1–8; DOI: 10.1023/A:1004424720523
27. Zeilinger, A.R., Andow, D.A., Zwahlen, C., Stotzky, G. 2010. Earthworm populations in a northern U.S. Cornbelt soil are not affected by long-term cultivation of Bt maize expressing Cry1Ab and Cry3Bb1 proteins. *Soil Biology and Biochemistry* 42, 1284-1292; DOI: 10.1016/j.soilbio.2010.04.004

28. Zwahlen, C., Hilbeck, A., Howald, R., Nentwig, W. 2003. Effects of transgenic Bt corn litter on the earthworm *Lumbricus terrestris*. *Molecular Ecology*. 12, 1077–108; DOI: 10.1046/j.1365-294x.2003.01799.x
29. Атлавините, О. 1990. Влияние дождевых червей на агроценозы. Вильнюс, Мокслас, 179 с.
30. Эглитис, В. 1954. Фауна почв Латвийской ССР. АН ЛССР. 261 с.
31. Environmental Assessment of Soil for Monitoring (ENVASO). Vol. Iva. 2007
32. Guidance on the environmental risk assessment of genetically modified Plants. EFSA Panel on Genetically Modified Organisms (GMO). *EFSA Journal* 2010; 8 (11): 1879
33. International Standard ISO 11268-3: 2014; ISO 23611-1: 2018
34. Soil monitoring in Europe – indicators and thresholds for soil health assessments. European Environment Agency. 2023. EEA Report No 08/2022

2.7. Ģenētiski modificēto organismu uzraudzības monitoringa iespēju izvērtējums izmantojot Latvijā īstenoto anemofilo augu putekšņu monitoringu

Sagatavoja Dr. geogr. Olga Sozinova

Putekšņu monitoringa programmas raksturojums Latvijā

Sākot ar 2003. gadu Latvijā (Rīgā) tiek īstenots ilgtermiņa aerobioloģiskais jeb putekšņu monitorings, ar mērķi uzraudzīt un pētīt anemofilo augu putekšņu un sēņu sporu koncentrāciju gaisā. Aktuālais monitoringa mērķis ir iegūto datu pēcapstrāde atmosfēras-biosfēras mijiedarbības modelēšanas vajadzībām. Latvijā dati tiek izmantoti aeroalergēnu koncentrācijas prognozēšanai², Eiropas līmenī, tajā skaitā kultūraugu ražas apjomu prognozēšanai un augu slimības izplatības pētījumos. Divdesmit gadu laikā netika pieprasīta izvērtēšana aerobioloģiskā monitoringa iespējamai izmantošanai Vides politikas pamatnostādņu mērķu sasniegšanai, tajā skaitā, ĢM uzraudzības jomā, kas saistīts ar aerobioloģiskā putekšņu/sporu monitoringa neesamību Eiropas vai Latvijas vides monitoringa programmu vadlīnijās. Tajā pat laikā aerobioloģiskā monitoringa iekļaušana nodrošinātu ievērojamu informācijas pieešanu, ņemot vērā tā ciešu saistību ar vairākām Vides politikas pamatnostādņu jomām 2021.-2027. gadam³:

Joma Nr.2 - Valsts vides monitorings. Putekšņu monitorings nodrošina pilnīgu informāciju par anemofilo augu putekšņu un sēņu sporu fona izkliedi, sniedz informāciju par putekšņu tālās pārneses epizodēm, kā arī alergisko cilvēku veselībai bīstamu putekšņu daudzumu gaisa plūsmās.

Joma Nr.3. Klimata pārmaiņas. Volumetrisko metožu izmantošana (Hirst, 1954) ļauj iegūt informāciju par putekšņu koncentrāciju laikrindām, kas, savukārt, ir izcils klimata pārmaiņu indikators, dēļ augu atbildes reakcijas uz temperatūras un mitruma režīma izmaiņām.

Joma Nr.5. Gaisa kvalitāte un vides troksnis. Aerobioloģiskais putekšņu monitorings nodrošina informāciju par elpceļu alergiju izraisošo bioaerosolu (putekšņu un sporu) koncentrāciju ar izšķirtspēju no dažām stundām līdz gadam. Ieviešot Latvijas aerobioloģiskā

²<https://Pasyfo.eu/>

³ <https://likumi.lv/ta/id/335137-par-vides-politikas-pamatnostadnem-2021-2027-gadam>

putekšņu monitoringa sistēmā jaunas tehnoloģijas, kas tiek attīstītas AUTOPOLLEN sadarbības programmā⁴, būs pieejami arī reālā laika dati,

Joma Nr.6. Bioloģiskā daudzveidība. Putekšņu monitorings ļauj pamanīt jaunu augu parādīšanos Latvijā balstoties uz putekšņu koncentrācijas apjomiem, un putekšņu klātbūtnes regularitāti. Tā, piemēram, tika konstatēts *Ambrosia artemisiifolia* pieaugums (Sozinova et al., 2022) Latvijā, kas vēlāk tika apstiprināts ar sabiedrības zinātnes (*citizen science approach*) metožu izmantošanu.

Aerobioloģiskais monitorings atbilst un varētu būt iekļauts Vides politikas pamatnostādņu 3. sadaļas Rīcības virzienu un uzdevumu īstenošanā, tā, 1. punkta “*Nodrošināt sistemātisku, regulāru un mērķtiecīgu vides stāvokļa, sugu un biotopu, kā arī piesārņojuma emisiju novērojumu, mērījumu un analīžu veikšanu*” – uzdevums tiek pildīts izmantojot citas vides monitoringa metodes, lai gan ievērojamu informāciju varētu iegūt veidojot aerobioloģiskā monitoringa novērojumu tīklu Latvijā; 4. punkts “*Mazināt Latvijas cilvēku, tautsaimniecības, infrastruktūras, apbūves un dabas ievainojamību pret klimata pārmaiņu ietekmēm*” – aerobioloģiskā monitoringa kontekstā var būt saistīts ar augu fenoloģisko fāžu izmaiņām, augu putekšņu produktivitātes izmaiņu novērtējumu, kas, savukārt, sekmē cilvēku alerģisko reakciju intensitātes un ilguma izmaiņas. Ka arī 14. un 18. punktu īstenošanā par bioloģiskā daudzveidības saglabāšanas pasākumiem un invazīvu augu sugu ietekmes mazināšanu.

Latvijā aerobioloģiskais monitorings tiek īstenots saskaņā ar CEN (CEN/TC 264/WG 39, 2019) un sadarbībā ar Starptautisku Aerobioloģijas Asociāciju (*International Association for Aerobiology*)⁵ un Eiropas Aerobioloģijas biedrību (*European Aerobiology Society*)⁶. Starptautiskās sadarbības rezultātā tika rādīti vairāki monitoringa tīkli, kas vainagojās ar starptautisko datu bāžu izveidi bioeroslu pētījumu rezultātu lietīšķai izmantošanai un aerobioloģijas pēctecībai.

⁴ <https://autopollen.net/>

⁵ <https://aerobiology.org/>

⁶ <https://eas-aerobiology.eu/>

Putekšņu novērojumu datu un prognožu datu pieejamība Eiropā un Latvijā

	Nosaukums	Raksturojums	Institūcija	Dati	Laika izšķirtspēja/tips	Saite/apraksts
1.	LU AAL	Latvijas datubāze	LU (Latvijas Universitāte EZTF Atmosfēras procesu un Aerobioloģijas laboratorija)	Putekšņi, Sporas	Diennakts/ divu stundu Novērojumu dati	Pēc pieprasījuma
2.	CAMS	Eiropas datubāze	ECMWF (European Centre for Medium-Range Weather Forecasts.)	Putekšņi meteoroloģijā	Prognožu dati, prognožu laika solis	https://atmosphere.copernicus.eu/data dati pēc pieprasījuma
3.	EBAS	Eiropas datubāze	NILU (Norwegian Institute for Air Research)	Putekšņi, aerosoli	dažādi	https://ebas.nilu.no/ dati pēc pieprasījuma
4.	EAN	Eiropas datubāze	PollenResearch	Putekšņu Sporu novērojumu dati	Diennakts (arhīvs)	https://ean.polleninfo.eu/Ean/ dati slēgti
5.	AUTO POLL EN	Eiropas programma	EUMETNET (European National Meteorological Services Network))	Putekšņu sporu reālā laika dati	Reālā laika	https://autopollen.net/ dati partneriem pēc pieprasījuma
6.	SYLVA	Eiropas projekts/ datubāze	FMI (Finnish Meteorological Institute)	Bioaerosoli – putekšņi, sporas, DNS	Reālā laika/ Arhīvu dati	https://sylva.bioaerosol.eu/ dati pēc pieprasījuma

Latvijas aerobioloģisko datubāzi pārvalda un uztur Latvijas Universitātes Atmosfēras procesu un Aerobioloģijas laboratorija. Datu bāzē ir iekļauti dati par gandrīz 40 dažādu taksonu (ģints līmenī) putekšņu/sporu diennakts koncentrāciju Rīgas gaisā sākot ar 2003. gadu. Ņemot vērā gaisa masu kustību specifiku, jebkurā pētījumā, kas skar atmosfēras zemākus vai augstākus slāņus, tiek vērtēta iespējamā pārrobežu pārnese, līdz ar to ir būtiski apzināt iespējamās datubāzes, kas varētu sniegt informāciju par putekšņu novērojumiem un prognozēm Eiropas līmenī (1.tabula).

Aerobioloģiskā monitoringa tehniskās prasības/ vadlīnijas (CEN/TC 264/WG 39, 2019; Galán et al., 2014), kuras tiek ņemtas vērā katrā no 400 monitoringa vietām Eiropā (Buters et al., 2018) ieskaitot Rīgu, tiek ievērotas, ierīkojot monitoringa vietas atklātā vietā vai virs ēku

jumtiem, lai nodrošinātu brīvu gaisa kustību fona putekšņu un sporu koncentrācijas novērošanai. Tas nozīmē, ka putekšņi, kuru aerodinamiskās spējas ir vājākas (izmērā, svara, formas dēļ), būs ļoti maz pārstāvēti novērojumos. Vidējais daļiņu izmērs, kas tiek monitoriēti ar Hirsta tipa volumetrisku ierīci (Hirst, 1954) Burkard 7-dienų putekšņu sporu uztvērēju⁷ vai Lanzoni uztvērēju⁸, ir ap 30 µm, savukārt ierastā izmēru amplitūda putekšņiem no 15 µm – nātru (*Urtica*) putekšņiem līdz 150 µm. Lielizmēra anemofilo augu putekšņi, kas varētu atrasties uztvērēju līmenī (ap 20m virs zemes) ir aprīkoti ar speciāliem *gaisa maisiem* daļiņu aerodinamisku īpašību uzlabošanai. Putekšņu izmēri ir izteikti svarīgi tālās pārnese kontekstā, jo, piemēram, bērza putekšņi ar izmēru ap 25 µm gaisa plūsmās var tikt pārnesti uz attālumu līdz 1000km (Sofiev et al., 2006) un anemofilo augu ziedēšanas laikā tālās putekšņu pārnese epizodes tiek novērotas regulāri, tajā skaitā Rīgā (Ritenberga et al., 2016).

ĢMO potenciālā izplatīšanās vidē un iespējamās uzraudzības metodes

Ģenētiski modificēti organismi (ĢMO) sniedz vairākas priekšrocības, tostarp spēju samazināt pesticīdu un herbicīdu izmantošanu, kas savukārt samazina ar tradicionālajām lauksaimniecības metodēm saistīto vides piesārņojumu (Kapoor, 2022). Tas var pozitīvi ietekmēt apkārtējās ekosistēmas. Tomēr, ģenētiski modificētu kultūru ieviešana ir radījusi bažas, ka ĢM augi var ietekmēt saderīgas ne-ĢM šķirnes, radot nevēlamus hibrīdus. Ģēnu pārnese no ĢM kultūrām uz savvaļas radnieciskiem augiem vai citām kultūrām, ir būtisks jautājums saistībā ar bioloģisko daudzveidību. ĢM Eiropā pārsvarā ir saistīti ar kultūraugiem, lai gan ASV sākot ar 2023. gadu mežā tiek stādītas tajā skaitā ĢM papeles, kuru augšanas ātrums par 50% pārsniedz ne-ĢM papeļu augšanas ātrumu⁹ (Klocko et al., 2018).

Latvijā, līdz 2024. gada rudenim, oficiāli nav reģistrēts neviens ĢM kultūraugu audzētājs¹⁰, un ĢM augu izplatībai potenciāli varētu būt gadījumu raksturs. Eiropas Parlamentā tiek virzīta iniciatīva par NGT augu apzinātu izplatīšanu un laišanu tirgū, izejot visas procedūras, kas saistītas ar atļauju izsniegšanu NGT2 audzēšanai un/vai veicot pārbaudi NGT1 augiem, lai noteiktu līdzvērtību tradicionālajiem produktiem. Attiecībā uz NGT2 “*ES valstīm ir jāpieņem līdzāspastāvēšanas pasākumi, lai izvairītos no šo NGT augu nejaušas klātbūtnes citos*

⁷ <https://burkard.co.uk/product/7-day-recording-volumetric-spore-trap/>

⁸ <https://Lanzoni.it/>

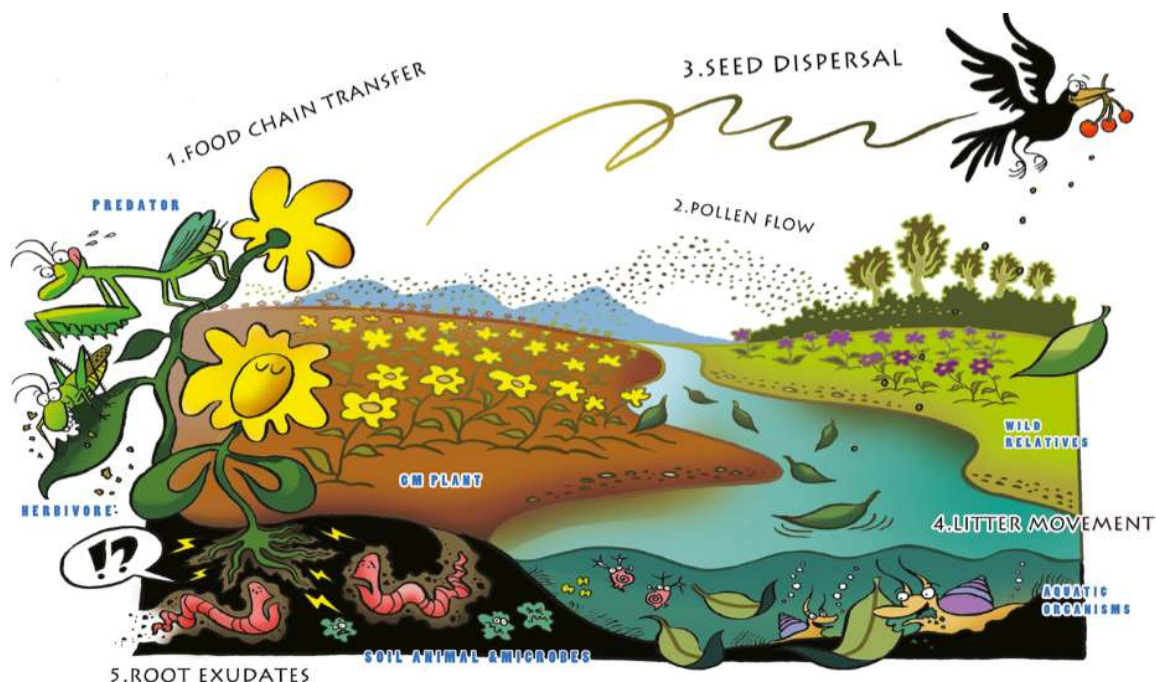
⁹ <https://www.nytimes.com/2023/02/16/science/genetically-modified-trees-living-carbon.html>

¹⁰ <https://registri.vaad.gov.lv/>

produktos” (European Parliament, 2024). NGT joprojām nebūs atļauti organiskajā lauksaimniecībā¹¹. No zinātnieku puses tiek izteiktas bažas NGT un ilgtspējīgās attīstības un bioloģiskās daudzveidības saglabāšanas sakarā (Reichenbecher et al., 2024).

Nemot vērā augstāk minēto, jāizvērtē nejaušās izplatīšanas veidi NGT augiem, kas pārskatāmā nākotnē varētu būt sastopami Latvijā.

ĢM izplatīšanas riska novērtējumā tiek minēti vismaz pieci iespējamie veidi (1.attēls) kā ĢM varētu nekontrolēti nonākt vidē, ietekmējot ne ĢM organismus – tie būtu: (i) pārtikas ķēde; (ii) putekšņu pārnese; (iii) sēkļu izplatīšanās; (iv) organiskās atliekas – augu fragmenti; (v) sakņu eksudāti (Liu and Stewart, 2019).



1.Attēls. Riska novērtēšanas sistēma pieciem ĢM izplatības ceļiem (pārtikas ķēde, putekšņu plūsma, sēkļu izplatīšanās, organisko atlieku pārnese un sakņu eksudātu ietekme) (Liu and Stewart, 2019)

ĢM putekšņu pārnese potenciāli var radīt ekoloģiskas sekas, piemēram, samazināt ģenētisko daudzveidību vai sekmēt invazīvo sugu parādīšanos. Piemēram, hibridizācija starp ĢM kultūrām un savvaļas radniekiem varētu ieviest jaunas īpašības dabiskajās populācijās, potenciāli radot augus ar palielinātu dzīvotspēju vai invazitāti (Tilkat and Onay, 2024).

¹¹ <https://www.europarl.europa.eu/news/en/press-room/20240122IPR17027/new-genomic-techniques-meps-want-to-ban-all-patents-for-ngt-plants>

Lai novērtētu lauka iespējamo piesārņojumu ar ĢM putekšņiem, ir nepieciešams izpētīt putekšņu izplatības horizontālo un vertikālo dinamiku un iespējamo ieguldījumu apputeksnēšanas procesā. Putekšņu pārnese un auga apputeksnēšana ir atkarīga no vairākiem faktoriem - laikapstākļiem, auga apputeksnēšanas veida, putekšņu izmēra, formas, daļiņu aerodinamikas, auga uzbūves. Te būtiski ir uzsvērt divus momentus: (i) putekšņu pārnese attālums; (ii) putekšņu dzīvotspēja.

Kad putekšņi sasniedz auga drīksnu, tiem jābūt dzīvotspējīgiem, lai notiktu apaugļošanās. Tā kā putekšņu dzīvotspēja ir atkarīga no atmosfēras apstākļiem, ir nepieciešamas zināšanas par šiem apstākļiem putekšņu izkliedes laikā, lai varētu precīzi prognozēt to dzīvotspēju nosēšanās brīdī. Putekšņu dzīvotspēja samazinās, ja samazinās mitruma līmenis puteksnī (Fonseca and Westgate, 2005). Kad putekšņi tiek emitēti gaisā no putekšņīcas, mitruma zuduma ātrumu nosaka atmosfēras tvaika spiediena deficīts. Silta un sausa gaisa gadījumā tvaika spiediena deficīts ir liels, tāpēc putekšņi ātri zaudē mitrumu un līdz ar to dzīvotspēju. Vēsāk un mitrāks gaiss veicina mitruma saglabāšanu un paildzina putekšņu dzīvotspēju (Aylor, 2003). Vairākos pētījumos dzīvotspēja tiek rēķināta vides apstākļos, kuri ir putekšņu avota (auga) tuvumā, pie zemes virsmas, savukārt, dzīvotspēja atmosfēras robežslāņa augstumā, līdz kuram putekšņi tiek uzcelti tālās pārnese laikā un kur temperatūra un mitruma režīms būtiski atšķiras no piezemes slāņa, parasti netiek ņemta vērā.

Putekšņu uzcelšana par dažiem kilometriem un pārnese zemās temperatūras un augstā mitruma apstākļos saglabā putekšņu dzīvotspēju ievērojami ilgāku laiku, kas tika pierādīts ar *lielo virpuļu simulāciju (Large-Eddy Simulation)* uz kukurūzas putekšņu piemēra (Viner and Arritt, 2010). Ņemot vērā lokālo temperatūras un mitruma režīmu emisijas vietas tuvumā, dzīvotspējas prognoze piemēram, kukurūzas putekšņiem (Viner and Arritt, 2010), kas tika pārnesti gaisa pūsmās mazāk nekā kilometru no emisijas avota, tika novērtēta par aptuveni 20% mazāka salīdzinājumā tiem putekšņiem, kas ceļoja vairākus kilometrus dažādu kilometru augstumā virs zemes virsmas. Šo atšķirību var izskaidrot ar to, ka ilgāka pārnese noris dzīvotspējas saglabāšanai atbilstošākā temperatūras un mitruma režīmā. No tā var secināt, ka pat tie kukurūzas putekšņi, kas ceļo vairākus kilometrus, visticamāk apputeksnēs ziedkopu un kuras nonāks (Viner and Arritt, 2010). Vairākos avotos (Cresswell et al., 2004; Damgaard and Kjellsson, 2005) ir sastopama informācija, ka ap ĢM (NGT) laukiem ir jāveido buferzonas vai ievēro izolācijas attālums, lai nepieļautu putekšņu nonākšanu un krustošanos ar radnieciskiem

augiem. Jāņem vērā, ka gadījumā, kad putekšņi nonāk atmosfēras piezemes robežslānī (līdz 2km augstumam), buferzonas ierīkošana nenodrošinās absolūto aizsardzību.

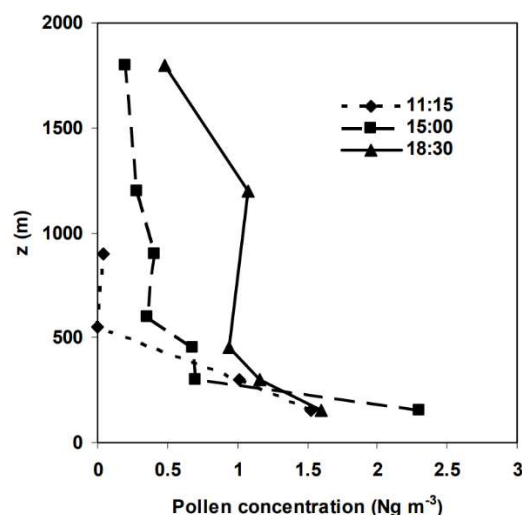
Procesi, kas saistīti ar putekšņiem atšķirīgos atmosfēras augstumos, notiek dažādos mērogos: (i) Mikro mērogs ir saistīts ar putekšņu emisiju un iekļauj procesus dažu metru attālumā no auga; (ii) Vietējais mērogs paredz putekšņu dispersiju līdz 1km ap augu; (iii) Reģionālais (mezo) mērogs aptver procesus līdz 100km attālumā; (iv) Tālo pārnese raksturo trīs mērogi (sinoptiskais- līdz 1000-2000km; kontinentālais līdz 5000 un globālais virs 5000km) (Seinfeld and Pandis, 2006; Sofiev and Bergmann, 2012). Putekšņu dzīves cikls atmosfērā sākas ar emisiju. Vidējā ātruma vējš vai turbulentā gaisa kustība ir pamata procesi, kas uztur putekšņus gaisā pēc to emisijas. Reģionālā mērogā, pamata pārnese mehānisms ir vidējā stipruma vējš, savukārt turbulencei ir ievērojama nozīme pie vertikālās putekšņu uzcelšanas. Pastāv divu veidu putekšņu izklūšana no gaisa plūsmām – *sausā* akumulēšanās gravitācijas spēka ietekmē vai mitrā nosēšanās (litus un liela gaisa mitruma ietekmē).

ĢM augu putekšņu pārvietošanās gaisa plūsmās pārsvarā ir saistīta ar vietējā mēroga putekšņu pārnesei. EEA ziņojumi 2002. gadā¹² lēš, ka ĢM augu putekšņu nogulsnešanās notiek pārsvarā līdz 800m attālumā no avota, laik gan rapša gadījumā distance palielinās līdz 1,5km (Timmons et al., 1995). Lai gan pārsvarā putekšņu nosēšanās tiek novērota emisijas vietas tuvumā, putekšņu izplatība var sniegties daudz tālāk, īpaši lielo ĢM lauku gadījumos (Aylor et al., 2006).

Vertikālā putekšņu izkliede ir nozīmīga reģionālās un tālas pārnese gadījumos. Dzīvotspējīgi kukurūzas putekšņi tika atrasti pat ievācot paraugus ar lidmašīnās atmosfēras piezemes slānī¹³ (2.attēls), kur maksimālā koncentrācija augstumā virs 1km bija sasniegta vakara stundās (Brunet et al., 2004).

¹² https://www.eea.europa.eu/publications/environmental_issue_report_2002_28

¹³ angl. "atmospheric boundary layer" – atmosfēras slānis līdz 2km augstumam



2.attēls. Kukurūzas putekšņu koncentrācijas izmaiņas atkarībā no mērījuma augstuma un diennakts laika. Uz vertikālās ass augstums, m, uz horizontālās ass – putekšņu koncentrācija Ng/m^3 (Brunet et al., 2004)

Kukurūzas *Zea mays* L. apputeksnēšana galvenokārt notiek ar vēju. Lielākā daļa (līdz 97%) kukurūzas tiek apputeksnēta ar svešapputi (no citiem augiem) un vien dažos procentos gadījumu tiek apputeksnēti no mājauga. Putekšņu dzīvotspēja visbiežāk tiek novērtēta/rēķināta vides apstākļos, kuri ir putekšņu avota (auga) tuvumā, pie zemes virsmas, savukārt, putekšņu dzīvotspēja atmosfēras robežslāņa augstumā, līdz kuram putekšņi tiek uzcelti reģionālās vai pat tālās pārnese laikā un kur temperatūra un mitruma režīms būtiski atšķiras no piezemes slāņa, parasti netiek ņemta vērā.

Novērtējot iespējamo putekšņu pārnesei no ĢM kukurūzas lauka, tika veikti mērījumi tieši virs kukurūzas galotnēm (0m) un 1m augstumā virs augiem. Tika konstatēts, ka kukurūzas putekšņu daudzums 1m virs kukurūzas lauka svārstījās no 4 līdz 40% salīdzinājumā ar 0m augstumu. Starpība putekšņu daudzumā ir saistīta pārsvarā ar meteoroloģiskajiem apstākļiem, kas atsevišķos gadījumos bija labvēlīgāki putekšņu emisijai un izkliedei. Pētījuma laikā netika novēroti spēcīgie vēji un kukurūzas horizontāla pārnese notika vien dažus metrus no emisijas avota. Jāuzsver, ka arī bezvēja apstākļos notiek putekšņu izkliede un pārnese, kas bieži saistīts ar termālo turbulenci (Vogler et al., 2009).

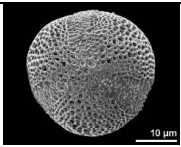
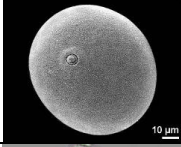
Analizējot rapša (*Brassica napus*) putekšņu izplatību un iespējamu ne ĢM augu piesārņošanu ar ĢM gēniem jāņem vērā vairāki aspekti. Zieds ir kā tipiski entomofilam augam – košs, tam ir izturīgā drīksna un kukaiņiem pievilcīgs nektārs. Tomēr apputeksnēšana ar vēju ir iespējama, un tās potenciālo apputeksnēšanas efektivitāti nevar prognozēt. Šādiem

aprēķiniem tiek izmantota skaitliskā plūsmas dinamika (CFD) (Cresswell et al., 2004) un vēja tuneļa eksperimenti, lai izpētītu aerodinamisko mijiedarbību starp ziedu un putekšņu mākonī. Tika secināts, ka ziedlapiņas kavē vējapputi, samazinot pret vēju vērstas drīksnas apputeksnēšanas iespējas. Turklāt, putekšņu uztveršana minimāla ziediem, kas aizgriezti no vēja. Novērtējumi par ĢM *B. napus* vēja apputeksnēšanas intensitāti (Cresswell et al., 2004) liecina, ka tā, visticamāk būs minimāla, savukārt CFD ir noderīgs rīks šādu gadījumu izvērtēšanai. Citi *B. napus* gēnu plūsmas pētījumi (Damgaard and Kjellsson, 2005) uzsver nepieciešamību ierīkot buferzonu un/vai nodrošināt izolācijas attālumu ĢM laukiem. Tiek uzsvērts, ka divu, ĢM un ne-ĢM lauku tuvuma gadījumā, apputeksnēšanas procents <0.1% ir iespējams ja izolācijas attālums pārsniedz 100m un ne-ĢM lauka platuma ir lielāks par 200m. Izmantojot 5m buferzonu ap ne-ĢM *B. napus* lauku, piesārņojums ar ĢM putekšņiem pazemināsies par 1/3.

Tiek ierosinātas stratēģijas, lai mazinātu ar gēnu plūsmu saistītos riskus, tostarp buferzonu izmantošana, izolācijas attāluma palielināšana starp ĢM un ne-ĢM kultūrām, kā arī sterilu vai nereproduktīvu ĢM kultūru veidošana. Šo pasākumu mērķis ir samazināt iespējamās nevēlamās ekoloģiskās efektus un saglabāt bioloģisko daudzveidību (Tilkat and Onay, 2024).

Viennozīmīgi, auga apputeksnēšanas veids tiešā veidā ietekmē izspējamo ĢM/NGT putekšņu izplatību. Dažu sugu apraksti ir piedāvāti 2. tabulā.

Latvijas agroekonomiskajiem apstākļiem atbilstošu ĢM un NGT augu putekšņi¹⁴ un to aerodinamiskās spējas

Nosaukums	Apraksts	Attēls
Rapsis <i>Brassica napus</i>	Vidējie putekšņi ar diametru 26-30 μm, tiek apputeksnēti ar kukaiņiem, ar vēja palīdzību tie var būt pārnesti uz attālumu līdz 50m (Cresswell et al., 2004)	
Kukurūza <i>Zea mays</i>	50-100 μm, putekšņi izplatās ar vēju, lai gan varētu būt novērota apputeksnēšana ar kukaiņu palīdzību un dažos gadījumos pašappute.	
Kartupeļi <i>Solanum tuberosum</i>	Vidējie putekšņi, ar izmēru 21-30 μm, ir raksturīga pašappute, atsevišķos gadījumos varētu būt sastopama apputeksnēšana ar kukaiņu palīdzību	
Kvieši <i>Triticum aestivum</i> L.	Lielie putekšņi ar diametru 51-100 μm. Pašapputes augs. Putekšņi ar vēju var minimālos daudzumos būt pārnesti līdz 1km attālumā no emisijas vietas, bet lielākoties atrodas 3-8m attālumā (Miroshnichenko et al., 2016)	
Tīruma naudulis <i>Thlaspi arvense</i>	Mazie putekšņi ar diametru 10-25 μm, pēc (Groeneveld and Klein, 2014) ir raksturīga vēja apputeksnēšana (61%), apputeksnēšana ar kukaiņiem 29% gadījumu un pašappute 9% (no kuriem svešappute iespējama līdz 20% gadījumos).	
Sējas idra <i>Camelina sativa</i>	Vidējie putekšņi ar diametru 21-25 μm. (Groeneveld and Klein, 2014). Pamatā tiek apputeksnēti ar pašapputi, bet ir iespējama arī kukaiņu līdzdalība, kas lielo bišu koloniju gadījumā palielina apputeksnēšanu par 7% kā arī spēj aiznest putekšņus uz blakus laukiem 15m attālumā no lauka malas (Zhang et al., 2021).	

ĢM /NGT augu rādītā riska uzraudzības metodika putekšņu monitoringa kontekstā

Vācijā tika izstrādātas vadlīnijas, kas nosaka *biouztvērēju* (bišu koloniju) un putekšņu filtrus (PMF) izmantošanu ĢMO izplatības novērtējumam (VDI, 2006). Atsaucoties uz tām pašām vadlīnijām (VDI, 2006) tika rādīs Vācijas-Austrijas-Šveices pārskats par vides monitoringu ĢM organismiem (Züghart et al., 2011), kur tika minēti standarti ĢM uzraudzībai izmantojot putekšņu filtrus (PMF), Sigma-2 uztvērējus un bišu kolonijas. Vēlāk, 2015. gadā

¹⁴ <https://www.paldat.org/>

paradījās Eiropas Standartizācijas komitejas (CEN) Tehniskā specifikācija (CEN/TS 16817-2:2015). Pierādot savu lietderību, CEN ar laiku varētu kļūt par pilnvērtīgu Eiropas Savienības standartu EN. Tehniskā specifikācija CEN/TC 264/WG 29 (CEN, 2015) apraksta procedūru, kā putekšņus – īpaši ĢM augu putekšņus – var ievākt izmantojot bišu kolonijas un putekšņu filtrus.

Bišu koloniju izmantošana ĢM putekšņu paraugu ievākšanai

Bišu kolonijas, it īpaši medus bites, aktīvi darbojas noteiktā teritorijā un tādējādi ir saistītas ar konkrētu apgabalu. Putekšņu paraugu ievākšana ir atkarīga no bišu aktivitātes un putekšņu avotu pieejamības noteiktā teritorijā. Bišu kolonija parasti vāc pārtiku (putekšņus) rādiusā līdz 5 km (mediāna 1,6 km, vidējais 2,2 km) no stropa, retāk daži bišu indivīdi var būt sastopami arī lielākos attālumos līdz 10 km. CEN min, kā bites uz aizmugurējām kājām fiksē putekšņu granulas, kuras nogādā bišu stropā (kā bišu maizi), tāpat, tās vāc nektāru un medus rasu. Nektārā nonāk putekšņi, kas nokrituši no ziediem, vai putekšņi, kurus izklienējis vējš. Nektārs un medus rasa tiek pārveidota par medu, kuru bites glabā bišu stropā. Medus, putekšņu krājumi un bišu maize var tikt izmantoti kā paraugi turpmākai putekšņu analīzei, jo ir pietiekams putekšņu daudzums mikroskopiskai un molekulāri-bioloģiskai diagnostikai.

Mikroskopiskā (vizuālā) analīze tiek izmantota, lai identificētu dažādu putekšņu veidus un novērtētu to daudzumu. ĢMO ekspozīcija tiek analizēta, izmantojot molekulārbioloģiskās metodes: putekšņu DNS analīzei tiek izmantotas kvantitatīvās PCR metodes. Tāpat ir iespējams analizēt ĢMO specifiskos proteīnus un toksīnus putekšņos, izmantojot ELISA metodi, taču līdz šim šī metode nav pietiekami izpētīta ĢMO uzraudzības kontekstā. Gan PCR gan ELISA ir plaši izmantotas analīzes arī aerobi loģiskajos pētījumos.

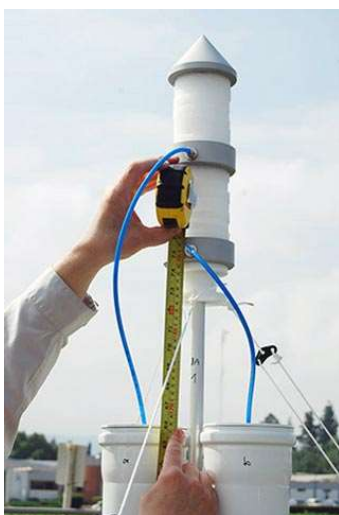
DNS analīžu specifikāciju iespējamo ĢM putekšņu pētījumiem medū kopš 2012.gada piedāvā tajā skaitā *European Union reference Laboratory for GM food and Feed (Institute for Health and Consumer Protection Molecular Biology and Genomics Unit)*. Ir apstiprināti standarti DNS izdalīšanai no rapša, kukurūzas un sojas putekšņiem un medus (CTAB). Dokuments iekļauj visu reaģentu aprakstu un secīgu analīžu veikšanas procedūru, kā arī tika publicēta šo metožu verifikācijas atskaite (Bulcke et al., 2012).

Medus bites, kalpo kā indikatori, jo tās savāc putekšņus no plašākām teritorijām un sniedz informāciju par putekšņu sastāvu un daudzumu, kas var ietekmēt ne-mērķa organismu

ekoloģiju. Bišu kolonijas izmantošanā ĢM monitorēšanai Latvijā būtu iespējams sadarboties ar Latvijas Biškopības biedrību¹⁵, kas varētu nodrošināt putekšņu ievākšanu vajadzīgo teritoriju tuvumā, ļaujot iegūt paraugus turpmākai apstrādei laboratorijās saskaņā ar CEN ("CENTC 264WG 29 - Ambient air - Monitoring of genetically modified organisms (GMO)," n.d.).

PMF izmantošana ĢM putekšņu paraugu ievākšanai

Viens no šo vadlīniju autoriem un Pollen Mass filter (PMF) (3.attēls) izstrādātājiem, F. Hofmann, (Hofmann et al., 2008), piedāvā GMO putekšņu monitoringam, īpaši attiecībā uz Bt-kukurūzu, izmantojot gan tehniskos, gan bioloģiskos putekšņu uztvērējus. Tehniskie uztvērēji, piemēram PMF, tiek izmantoti, lai precīzi noteiktu putekšņu plūsmu un nogulsnešanos noteiktās vietās, balstoties uz meteoroloģiskajiem apstākļiem un topogrāfiju.



3.attēls. Putekšņu filtrs (PMF) ASV lauka eksperimentos¹⁶

PMF pasīvi krāj putekšņus 4 nedēļas, tad putekšņi tiek filtrēti un vesti uz laboratoriju analīžu veikšanai. Detalizētā informācija par PMF uzbūvi, darbību un uzstādīšanu ir iekļauta VDI (VDI, 2006).

Pēc Hofmann, 2008, bišu koloniju un PMF kombinācija nodrošina daudzveidīgu pieeju, lai novērtētu GMO putekšņu izplatību un potenciālo ietekmi uz vidi, kā arī palīdz noteikt drošības attālumus starp GMO un aizsargājamām teritorijām. Hofmann grupas pētījumi attiecībā uz GM Bt- kukurūzas putekšņu izplatību un nepieciešamo buferzonu ap ĢMO laukiem, nonāca pretrunā ar ESFA 2016 (Kruse-Plass et al., 2017). Tā, izmantojot PMF ĢM

¹⁵ <http://strops.lv/>

¹⁶ <https://www.cimmyt.org/news/pollen-traps-monitor-for-transgenes-in-cimmyt-germplasm/>

kukurūzas putekšņu nogulsnešanās mērījumiem, tika secināts, ka EFSA (2016) novērtējis nekorekti iespējamo ĢMO iedarbību. Pētījumā tiek pamatota un uzsvērtā nepieciešamība noteikt drošības buferzonas kilometru distancē no aizsargājamām dabas teritorijām, nevis 20-30m distanci kā to piedāvā EFSA. EFSA nav piekritis aprēķiniem un lauka pētījumu rezultātiem, nemainot ieteikto buferzonas distanci (Kruse-Plass et al., 2017)

Ļoti vienkārša gravimetriskā putekšņu savākšanas metode tika izmantota tritikāles putekšņu ievākšanai Polijā. Uztvērējs sastāv no diviem standarta priekšmetstikliem, kas pārklāti ar lipīgu vielu – heksānā atšķaidītu vazelīnu, un novietoti uz koka pamatnes 10°slīpumā. Ar šādiem vienkāršiem uztvērējiem lauks var būt noklāts bez ierobežojumiem. Stikla slaidi tika mainīti ik pēc 24 stundām. Pēc novākšanas slaidi tika pārklāti ar 5-bromo-4-chloro-3-indolyl-β-D- glikuronīds, noklāti ar segstikliņiem 24x60mm un skenēti ar *Epson Perfection 4990* foto skeneri. Zilā krāsā iekrāsojušies putekšņi nāca no transgēniem augiem. Tas izskaidrojams ar to, ka uidA gēna β-glikuronidāzes produkts katalizē β-glikuronīda substrātu hidrolīzi, kas ir fluorometriski un histoloģiski pārbaudāms, un līdz ar to šī enzīma aktivitāte (zilā krāsa) ir viegli nosakāma augu orgānos, tostarp putekšņu graudos (Zimny et al., 2021).

Latvijas aerobioloģiskā monitoringa iespējamā izmantošana ĢM/NGT uzraudzībai

Hirsta tipa Burkard 7-dienu putekšņu sporu uztvērējs ir volumetriska ierīce, kas nodrošina gaisa iesūkšanas ātrums ir 10 l/min. Uztvērējā iemontēts rotējošs disks, kas aplikts ar caurspīdīgu, ar vazelīnu pārklātu lentu. Pulksteņmehānisms 7 dienas griež disku ar ātrumu 2mm stundā, šādā veidā nodrošinot labu temporālo izšķirtspēju datiem. Iesūktie putekšņi akumulējās uz minētās lentas un vienu reizi nedēļā lenta tiek sagriezta 48mm sekcijās, uzlikta uz priekšmetstikliņa iekrāsota ar fuksīna-glicerīna šķīdumu un pārklāta ar segstikliņu. Tālāk tiek veikta mikroskopiskā analīze 400x palielinājumā un tiek skaitīta katras stundas putekšņu un sporu summa, vēlāk to pārrēķinot koncentrācijā. Visas daļiņas tiek noteiktas vizuāli dzimtas, ģints un tikai atsevišķos gadījumos sugas līmenī. Augu noteikšana ģints līmenī saistīta ar vienas ģints putekšņu izteiktu līdzību. Sugas līmenī ir iespējama noteikšana tikai tad kad ir ievērojamas atšķirības sugu ziedēšanas laikos (piemēram, baltalkšņa un melnalkšņa ziedēšana par atšķirties par mēnesi) vai, ja Latvijā ir sastopama tikai viena noteikta auga suga. Dotais process ir laikietilpīgs un dati pienāk ar 8-9 dienu nobīdi.

Ņemot vērā pašreizējā aerobioloģiskā monitoringa specifiku un tehniskus ierobežojumus ĢM pētījumu kontekstā, būtu nepieciešamas izmaiņas metodikā – esošo metožu pielāgošana vai/un jaunu metožu ieviešana, lai pielāgotu to ĢMO uzraudzībai. Gadījumā ja visi transgēnie putekšņi līdzīgi kā tritikāle (Zimny et al., 2021) iekrāsotos zilā krāsā, ĢM monitoringu varētu ieviest bez ievērojamām izmaiņām, līdz ar aerobioloģisku monitoringu fona līmenī, vien nomainot šķidrumu un izmantojot skeneri ĢM putekšņu noteikšanai. Pašreizējā veidā putekšņu uztvērēju ir iespējams izmantot ĢM augu putekšņu monitoringu mēģinot noteikt tālās pārnese epizodes izmantojot nakts datus un modelējot gaisa pārnese atpakaļ-trajektorijas (*back-trajectories*).

Starptautisku zinātnisku programmu ietvaros¹⁷ notiek aerobioloģiskā monitoringa tehniskā attīstība un pāreja no vecā parauga ierīču izmantošanas (Hirst, 1954) uz reālā laika automātiskiem monitoriem, ar tuvākiem monitoriem Helsinkos un Šauļos (Sofiev et al., 2023). Monitori ļauj tiešsaistē saņemt informāciju par bioloģisko daļiņu klātbūtni gaisa plūsmās. Jaunu monitoru darbības princips balstās uz katras daļiņas lāzera skenēšanu un fluorescences signāla noteikšanu. Nepārtraukti, dažādu programmu sadarbības laikā, notiek putekšņu atpazīšanas algoritmu veidošana pilnvērtīgā monitoringa nodrošināšanai. Ja būtu iespējams iegūt ĢM putekšņu paraugus lai novērtētu fluorescences signāla atšķirības, iespējams, ka ĢM putekšņu graudi tiktu atpazīti un tad būtu iespējams izmantot minētos monitorus un iegūt ĢM putekšņu datus reālā laikā. Paralēli ar monitoru attīstību un ieviešanu notiek bioaerosolu, ieskaitot DNS novērojumi gaisā¹⁸.

Izmantotā literatūra

1. Aylor, D.E., 2003. Rate of dehydration of corn (*Zea mays* L.) pollen in the air. *J. Exp. Bot.* 54, 2307–2312. <https://doi.org/10.1093/jxb/erg242>
2. Aylor, D.E., Boehm, M.T., Shields, E.J., 2006. Quantifying aerial concentrations of maize pollen in the atmospheric surface layer using remote-piloted airplanes and Lagrangian stochastic modeling. *J. Appl. Meteorol. Climatol.* 45, 1003–1015. <https://doi.org/10.1175/JAM2381.1>
3. Brunet, Y., Foueillassar, X., Audran, A., Garrigou, D.D., Brunet, Y., Foueillassar, X., Audran, A., Garrigou, D.D., Dayau, S., 2004. Evidence for long-range transport of viable

¹⁷ <http://autopollen.net/>

¹⁸ <https://sylva.bioaerosol.eu/>

- maize pollen To, in: Conference on Biometeorology and Aerobiology, American Meteorological Society (AMS).
4. Bulcke, V. den, Matetovici, M., Mazzara, I., Eede, M. Van den, G. Kreysa, J., 2012. Verification Report on the extraction and analysis of GM pollen DNA in honey. Eur. Union. <https://doi.org/10.2788/50503>
 5. Buters, J.T.M., Antunes, C., Galveias, A., Bergmann, K.C., Thibaudon, M., Galán, C., Schmidt-Weber, C., Oteros, J., 2018. Pollen and spore monitoring in the world. Clin. Transl. Allergy 8, 1–5. <https://doi.org/10.1186/s13601-018-0197-8>
 6. CEN/TC 264/WG 39, 2019. Sampling and analysis of airborne pollen grains and fungal spores. CEN/TC 264 - Air Qual. 11, 1–14.
 7. CEN, 2015. CEN/TS 264?WG 29 Ambient air - Monitoring og genetically modified organisms (GMO), in: CEN/TC 264 - Air Quality. p. 6.
 8. CENTC 264WG 29 - Ambient air - Monitoring of genetically modified organisms (GMO), n.d.
 9. Cresswell, J.E., Davies, T.W., Patrick, M.A., Russell, F., Pennel, C., Vicot, M., Lahoubi, M., 2004. Aerodynamics of wind pollination in a zoophilous flower, *Brassica napus*. Funct. Ecol. 18, 861–866. <https://doi.org/10.1111/j.0269-8463.2004.00917.x>
 10. Damgaard, C., Kjellsson, G., 2005. Gene flow of oilseed rape (*Brassica napus*) according to isolation distance and buffer zone. Agric. Ecosyst. Environ. 108, 291–301. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2005.01.007>
 11. European Parliament, 2024. Legislative train 09.2024 1 PLANTS PRODUCED BY CERTAIN NEW GENOMIC TECHNIQUES - Q3 2023.
 12. Fonseca, A.E., Westgate, M.E., 2005. Relationship between desiccation and viability of maize pollen. F. Crop. Res. 94, 114–125. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2004.12.001>
 13. Galán, C., Smith, M., Thibaudon, M., Frenguelli, G., Oteros, J., Gehrig, R., Berger, U., Clot, B., Brandao, R., 2014. Pollen monitoring: minimum requirements and reproducibility of analysis. Aerobiologia (Bologna). 30, 385–395. <https://doi.org/10.1007/s10453-014-9335-5>
 14. Groeneveld, J.H., Klein, A.M., 2014. Pollination of two oil-producing plant species: Camelina (*Camelina sativa* L. Crantz) and pennycress (*Thlaspi arvense* L.) double-cropping in Germany. GCB Bioenergy 6, 242–251. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12122>
 15. Hirst, J.M., 1954. An automatic volumetric spore trap. Ann. Appl. Biol. 39, 257–265.

16. Hofmann, F., Epp, R., Kalchschmid, A., Kruse, L., Kuhn, U., Maisch, B., Müller, E., Ober, S., Radtke, J., Schlechtriemen, U., Schmidt, G., Schröder, W., Von Der Ohe, W., Vögel, R., Wedl, N., Wosniok, W., 2008. GVO-pollenmonitoring zum Bt-maisanbau im bereich des NSG/FFH-schutzgebietes Ruhlsdorfer Bruch. *Umweltwissenschaften und Schadstoff-forsch.* 20, 275–289. <https://doi.org/10.1007/s12302-008-0016-2>
17. Kapoor, R.T., 2022. Genetically Modified Crops to Combat Climate Change and Environment Protection: Current Status and Future Perspectives, in: Arora, S., Kumar, A., Ogita, S., Yau, Y.Y. (Ed.), *Biotechnological Innovations for Environmental Bioremediation*. Springer. https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-981-16-9001-3_22
18. Klocko, A.L., Lu, H., Magnuson, A., Brunner, A.M., Ma, C., Strauss, S.H., 2018. Phenotypic expression and stability in a large-scale field study of genetically engineered poplars containing sexual containment transgenes. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 6, 1–18. <https://doi.org/10.3389/fbioe.2018.00100>
19. Kruse-Plass, M., Hofmann, F., Kuhn, U., Otto, M., Schlechtriemen, U., Schröder, B., Vögel, R., Wosniok, W., 2017. Reply to the EFSA (2016) on the relevance of recent publications (Hofmann et al. 2014, 2016) on environmental risk assessment and management of Bt-maize events (MON810, Bt11 and 1507). *Environ. Sci. Eur.* 29. <https://doi.org/10.1186/s12302-017-0106-0>
20. Liu, Y., Stewart, C.N., 2019. An exposure pathway-based risk assessment system for GM plants. *Plant Biotechnol. J.* 17, 1859–1861. <https://doi.org/10.1111/pbi.13146>
21. Miroshnichenko, D., Pushin, A., Dolgov, S., 2016. Assessment of the pollen-mediated transgene flow from the plants of herbicide resistant wheat to conventional wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 209, 71–84. <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1637-y>
22. Reichenbecher, W., Simon, S., Zühl, L., Schneider, R., Mundorf, J., Hagen, K., Engelhard, M., Stracke, K., Hendrichke, O., 2024. Policy Brief: For a science-based regulation of plants from new genetic techniques -deregulation of NGT plants contradicts the precautionary principle. <https://doi.org/10.19217/pol241en>
23. Ritenberga, O., Sofiev, M., Kirillova, V., Kalnina, L., Genikhovich, E., 2016. Statistical modelling of non-stationary processes of atmospheric pollution from natural sources : example of birch pollen. *Agric. For. Meteorol.* 226–227, 96–107.

<https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2016.05.016>

24. Seinfeld, J., Pandis, S., 2006. Atmospheric Chemistry and Physics, From Air Pollution to Climate Change, Second Edition, PhD Proposal. John Wiley & Sons, Inc., California, Institute of Technology. <https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>
25. Sofiev, M., Bergmann, K.C., 2012. Allergenic pollen: A review of the production, release, distribution and health impacts, Allergenic Pollen: A Review of the Production, Release, Distribution and Health Impacts. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-4881-1>
26. Sofiev, M., Buters, J., Tummon, F., Fatahi, Y., Sozinova, O., Adams-Groom, B., Bergmann, K.C., Dahl, Å., Gehrig, R., Gilge, S., Seliger, A.K., Kouznetsov, R., Lieberherr, G., O'Connor, D., Oteros, J., Palamarchuk, J., Ribeiro, H., Werchan, B., Werchan, M., Clot, B., 2023. Designing an automatic pollen monitoring network for direct usage of observations to reconstruct the concentration fields. Sci. Total Environ. 900. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.165800>
27. Sofiev, M., Siljamo, P., Ranta, H., Rantio-Lehtimäki, A., 2006. Towards numerical forecasting of long-range air transport of birch pollen: theoretical considerations and a feasibility study. Int. J. Biometeorol. 50, 392–402. <https://doi.org/10.1007/s00484-006-0027-x>
28. Sozinova, O., Djubina, N., Titane, P.E., 2022. Use of aerobiological data for vegetation studies, in: 11th INTERNATIONAL CONFERENCE ON BIODIVERSITY RESEARCH. Daugavpils University Academic Press “Saule,” Daugavpils, p. 126. <https://doi.org/10.23919/eumc50147.2022.9784158>
29. Tilkat, E., Onay, A., 2024. The Environmental Effects of Genetically Modified Plants: An Updated Review, in: New Horizons in Environmental Health-2. Orient Publications.
30. Timmons, A.M., O'Brien, E.T., Charters, Y.M., Dubbels, S.J., Wilkinson, M.J., 1995. Assessing the risks of wind pollination from fields of genetically modified *Brassica napus* ssp. *oleifera*. Euphytica 85, 417–423. <https://doi.org/10.1007/BF00023975>
31. VDI, 2006. Monitoring der Wirkungen von gentechnisch veränderten Organismen (GVO) VDI 4330, in: VDI-RICHTLINEN. pp. 1–3.
32. Viner, B.J., Arritt, R.W., 2010. Increased pollen viability resulting from transport to the upper boundary layer. F. Crop. Res. 119, 195–200. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2010.07.008>
33. Vogler, A., Wettstein-Bättig, M., Aulinger-Leipner, I., Stamp, P., 2009. The airborne

- pollen flow of maize (*Zea mays* L.) in a multi-crop designed field plot. *Agric. For. Meteorol.* 149, 1776–1780. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2009.05.008>
34. Zhang, C.J., Wang, Y., Gao, Y., Chen, M., Kim, D.S., Zhang, Y., Liu, B., Yu, J., Lin, Z., Fan, J., Gan, L., Fan, Y., Yan, X., 2021. High population density of bee pollinators increasing *Camelina sativa* (L.) Crantz seed yield: Implications on the potential risk for insect-mediated gene flow. *Ind. Crops Prod.* 172, 114001. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.114001>
 35. Zimny, J., Sowa, S., Otręba, P., Kozdój, J., Zimny, A., Kaczmarek, J., Oleszczuk, S., Czaplicki, A., Jędryczka, M., 2021. Pollen flow of winter triticales (X triticosecale wittmack) investigated with transgenic line expressing β -glucuronidase gene. *Agronomy* 11. <https://doi.org/10.3390/agronomy11030431>
 36. Züghart, W., Raps, A., Wust-Saucy, A.-G., Dolezel, M., Eckerstorfer, M., 2011. Monitoring of genetically modified organisms.

2.8. Ģenētiski modificēto organismu monitoringa programmu izvērtējums kontekstā ar augu, to slimību izraisītāju un kaitēkļu mijiedarbībām Latvijā

Sagatavoja Dr. Zigmunds Orlovskis (PhD)

Izvērtējuma kopsavilkums:

Ģenētiski modificētu augu, kukaiņu, mikroorganismu un vīrusu izmantošana lauksaimniecībā ietver minēto organismu ģenētisko inženierēšanu, lai palielinātu augu noturību pret slimību izraisītājiem, kaitēkļu uzbrukumiem. Šīs īpašības padara ĢMO tehnoloģiju ļoti pievilcīgu ilgtspējīgas globālas lauksaimniecības, nacionālo RIS mērķu un viedās tautsaimniecības attīstības stratēģijas kontekstā, atsaucoties uz vairākiem politikas veidošanas dokumentiem. Šie apsvērumi arī iezīmē un aicina ĢMO monitoringa lomas maiņu no likumdošanas diktētas kontroles rīka uz tehnoloģijas liberalizāciju un monitoringu kā rīku ĢMO efektivitātes novērtēšanai reālā lauka apstākļos. ĢMO tehnoloģiju straujā attīstība un izmantoto ģenētisko konstruktu dažādība padara to pielietojumu arvien līdzīgāku dabisko auga alēļu (gēnu variantu) izmantošanai krustošanas ceļā, kā arī ģenētiski arvien kontrolējamāku un nosacījuma rakstura transgēnu izplatību populācijās. Pārskats izvērtē esošo Latvijas politikas dokumentu tvērumu par ĢMO monitoringu, Eiropas ĢMO vadlīniju integrāciju, kā arī Latvijas institūciju iespējas monitoringa īstenošanā, kā arī iekļauj rekomendācijas monitoringa apsvērumiem inovatīvo nākotnes CRISPR un gēnu dziņu tehnoloģiju izmantošanā augu aizsardzībai pret kaitēkļiem un slimībām.

1. Problēmjautājumu tvērums

Šīs sadaļas mērķis ir *sensu lato* paraudzīties uz ĢMO biotehnoloģiju sniegtajām priekšrocībām bioloģiskās lauksaimniecības konkurētspējas celšanā, apskatīt strauji augošo un pilnveidoto ĢMO tehnoloģiju mehānismu dažādību, lai precīzāk izprastu ar dažādām transgēnām metodēm saistītos riskus un ieguvumus. Šīs sadaļas uzdevums ir holistiski paraudzīties uz ĢMO monitoringu nevis kā aklu *a priori* nepieciešamību normatīvo aktu diktētā uzskaites statistikā, bet gan izsvērtu rīku transgēno metožu efektivitātes izvērtēšanā kaitēkļu un slimību apkarošanā un vēl nezināmo zinātnisko jautājumu noskaidrošanā.

1.1. No ĢMO iespējam ilgtspējīgā augkopībā līdz transgēnu organism izmantošanai kaitēkļu apkarošanā.

ĢMO augi kā ilgtspējīgas lauksaimniecības rīks

Vairākas Eiropas pētniecības grupas un to veidotie starptautiskie konsorcijs strādā pie ģenētisko mehānismu izpētes augu-mikrobu mijiedarbībās un evolūcijā, lai perspektīvi ģenētiski inženierētu augu genomus, lai introducētu C4-tipa fotosintēzi C3 augos (*C4Rice project*¹⁹), palielinātu lauksaimniecības kultūru noturību pret vides abiotisko un biotisko stresu (piem., *editGrass4Food* projekts Latvijā²⁰ un Crop Science Centre²¹ vai John Innes Centre²² programmas) vai atjaunotu kultūraugu spēju veidot simbiozes ar gumiņbaktērijām un mikorizas sēnēm (*SynSym*²³, *ENSA projects*²⁴). Kolektīvi visas šīs pētniecības iniciatīvas ir vērstas uz sintētisko pesticīdu un minerālmēslu lietošanas samazinājumu un bioloģiskas lauksaimniecības konkurētspējas un ilgtspējas celšanu, tādējādi tieši atbalstot Eiropas Komisijas Zaļā Kursa (*European Green Deal*²⁵) nostādnes, sasaucoties ar jau pieņemtajām Regulām (EC-1107/2009; EC-2003/2003) un Direktīvām (2009/128; EC-485/2013) pesticīdu un minerālmēslu samazināšanā un Zaļā Kursa pamatiniciatīvu “No lauka līdz galdam” (*Field to Fork strategy*²⁶). 2019. gada 11. decembrī izziņotā Zaļā Kursa stratēģija ir pamats Eiropas virzībā uz ANO 2030. gada programmas un ilgtspējīgas attīstības 17 mērķu īstenošanu²⁷. ES pārveide par klimat-neitrālu, taisnīgu un pārticīgu sabiedrību ar mūsdienīgu, resursu efektīvu un konkurētspējīgu ekonomiku.

Šie principi ir arī cieši integrēti Latvijas Republikas Viedās specializācijas stratēģijas (*Research and Innovation strategy for smart specialization - RIS3*²⁸) mērķī veidot Zināšanās balstītu bioekonomiku (Jomas), bet kontekstā ar ĢMO tehnoloģiju fundamentālo izpēti vai izmantošanu lauksaimniecībā, mežsaimniecībā, lopkopībā vai zivsaimniecībā vēl pagaidām ir maz attīstīti un izmantoti Latvijā, lai arī ĢMO ir fundamentāls rīks šo mērķu sasniegšanā. ĢMO plašākai izmantošanai ES un Latvijā ir cieša saistība arī ar NAP2027 un vides politikas prioritāti Nr.4 un rīcības virzienu Zaļā kursa ieviešanā²⁹. Vairāki Latvijas Vides politikas pamatnostādņu 2021.–2027. gadam³⁰ dokumenta 3. daļā minētie rīcības virzieni un uzdevumi ir īstenojami ar mūsdienīgu transgēno biotehnoloģiju izmantošanu, kā piemēram:

¹⁹ <https://c4rice.com/>

²⁰ <https://www.editgrass4food.lu.lv/en/>

²¹ <https://www.cropsciencecentre.org/>

²² <https://www.jic.ac.uk/>

²³ <https://synsym.org/>

²⁴ <https://www.ensa.ac.uk/>

²⁵ https://commission.europa.eu/strategy-and-policy/priorities-2019-2024/european-green-deal_en

²⁶ https://food.ec.europa.eu/horizontal-topics/farm-fork-strategy_en

²⁷ <https://www.un.org/sustainabledevelopment/sustainable-development-goals/>

²⁸ https://www.izm.gov.lv/lv/viedas-specializācijas-stratēģija?utm_source=https%3A%2F%2Fduckduckgo.com%2F

²⁹ <https://www.mk.gov.lv/lv/media/15162/download?attachment>

³⁰ <https://likumi.lv/ta/id/335137-par-vides-politikas-pamatnostadnem-20212027-gadam>

17. Rīcības virziens: Bioloģiskās daudzveidības saglabāšanas pasākumu integrēšana tautsaimniecības nozarēs

20. Rīcības virziens: Dabas kapitāla un ekosistēmu pārvaldības pieejas ieviešana

29. Rīcības virziens: Ilgtspējīgas lauksaimniecības, mežsaimniecības un zivsaimniecības un ostu politikas īstenošana, lai samazinātu ūdens vidē novadīto piesārņojumu, t.sk., Veikt pasākumus bīstamo ķīmisko vielu (t.sk. augu aizsardzības līdzekļu, farmaceitisko vielu) piesārņojuma mazināšanai un novēršanai iekšzemes ūdeņos

43. Rīcības virziens: Ierobežot bīstamo ķīmisko vielu apriti

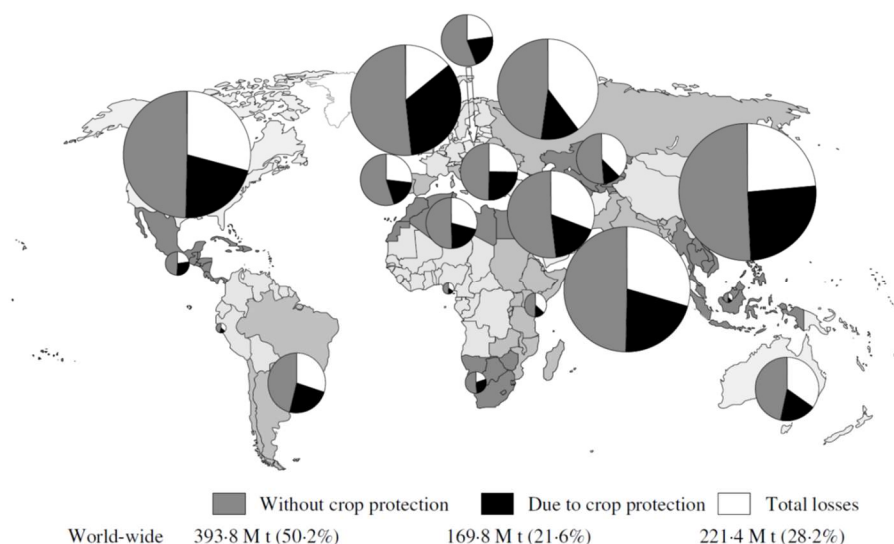
Auga gēnu editēšana vai papildināšana ar citu šķirņu dabiskajām alēlēm var būtiski uzlabot augu bazālo rezistenci un noturību pret plaša spektra patogēnu un kaitēkļu uzbrukumu, tādējādi palielinot ražu un samazinot sintētisko pesticīdu un minerālmēslu izmantošanu, to nonākšanu vidē, cilvēka organismā caur pārtiku, kā arī to nelabvēlīgo ietekmi uz dabisko populāciju daudzveidību ārpus lauksaimniecības zemēm. Tieši pēdējais ir netiešs pozitīvs kaskādes efekts augu genomu bioinženierijai, jo palīdz saglabāt bioloģisko daudzveidību un ar to saistītās atkarīgos ekosistēmu servissus – apputeksnēšanu, dabisko kaitēkļu biokontroli, labvēlīgo mikroorganismu sabiedrības augsni – un saistītās ekonomikas nozares, kā piemēram biškopību. Neonikotinoīdu lietojuma aizliegums ES (2028)³¹ ir principiāli pareizs solis šo mērķu sasniegšanā, bet prasa alternatīvus līdzekļus kaitēkļu apkarošanā un lauksaimniecības konkurētspējas nodrošināšanā. Vairāki raksti ir apkopojuši piemērus, kuros CRISPR-editētie augi palīdz sasniegt ANO 2030 ilgtspējas mērķus, palielinot ražu, tostarp noturību pret kaitēkļiem un patogēniem (**Attēls 1**). Tāpēc pastāv ļoti spēcīgi racionāli argumenti ĢMO iekļaušana organiskās un bioloģiskās lauksaimniecības praksēs un definīcijā (Husaini & Sohail, 2018, 2023, 2024; Abdul Aziz *et al.*, 2022; Krinsky, 2023) un milzīgas ekonomiskās alternatīvās izmaksas gan ražas tirgus vērtībā, gan siltumnīcas efekta gāzu emisijās, neiekļaujot ĢMO lauksaimniecībā (Paarlberg & Smyth, 2023). Piemēram, ĢMO tehnoloģiju izmantošana varētu samazināt sojas, kobilas un kukurūzas audzēšanas izmaksas līdz pat trešdaļai, samazinot uz audzēšanas platības attiecināmās izmaksas (Zilberman *et al.*, 2018). Kaitēkļu un augu slimību nodarītie ražas zaudējumi no teorētiski iegūstamās ražas

³¹ https://food.ec.europa.eu/plants/pesticides/approval-active-substances-safeners-and-synergists/renewal-approval/neonicotinoids_en

pasaulē plašāk audzētajā kultūrā kviešos tiek lēsti ap 49% (Attēls 2). Dažādas kaitēkļu apkarošanas metodes palīdz novērst zaudējumus apm. 21% ražības apmērā (Oerke, 2006). Palielinot šo īpatsvaru ar ĢMO kultūraugu palīdzību, iespējami būtiski ekonomiski ieguvumi, iegūstot lielāku ražu no ha un mazākas cenas uz tonnu. Turpmākās sadaļas sniedz detalizētāku pārskatu par dažādu vides ĢMO biotehnoloģiju izmantošanu augu slimību un kaitēkļu apkarošanā, lai pēc tam precīzāk aprakstītu saistītos kontroles un monitoringa iespējas.

Applications	Plants	Target genes	Traits	SDGs	References
Abiotic and Biotic stresses tolerance	Arabidopsis	HSFA6a and HSFA6b	ABA and osmotic tolerance		(Wenjing et al., 2020)
	Arabidopsis	AITR	Drought tolerance		(Chen et al., 2021)
	Rice	OsSAP	Drought tolerance		(Park et al., 2022)
	Rice	OsBHLH024	Salinity tolerance		(Alam et al., 2022)
	Rice	OsERA1	Drought stress		(Ogata et al., 2020)
	Rice	OsSWEET14	Bacterial blight resistance		(Zafar et al., 2020)
	Soybean	F3H1, F3H2, and FNSII-1	Mosaic virus resistance		(Zhang et al., 2020)
	Soybean	GmAIR	Salinity tolerance		(Wang et al., 2021)
	Chickpea	4CL and REV7	Drought tolerance		(Razzaq et al., 2022)
	Tomato	SIMAPK3	Heat tolerance		(Yu et al., 2019)
	Barley	HvARE1	Nitrogen use efficiency		(Karunaratne et al., 2022)
Enhanced yield	Banana	DMR6	Downy mildew resistance		(Tripathi et al., 2021)
	Potato	StDND1 and StCHL1	Late blight resistance		(Kieu et al., 2021)
	Rapeseed	BnaMAX1	Improved productivity		(Zheng et al., 2020)
	Wheat	GW7	Increase in grain size and weight		(Wang et al., 2019b)
	Rice	GS3	Improved productivity		(Huang et al., 2022)
Enhanced Quality	Soybean	GmFT2a and GmFT5a	Increased pod and seed size		(Cai et al., 2020)
	Rice	GW2	Enhanced protein		(Achary and Reddy, 2021)
	Rice	OsGAD3	Increased GABA		(Akama et al., 2020)
	Rice	GBSS	Low amylose		(Huang et al., 2020)
	Wheat	TaSBEIIa	High amylose		(Li J et al., 2021a)
	Wheat	CM3 and CM16	Reduced allergens		(Camerlengo et al., 2020)
	Wheat	TaASN2	Reduced asparagine		(Raffan et al., 2021)
	Potato	SBE1	Reduced asparagine		(Tuncel et al., 2019)
	Barley	D-hordein	Lowered prolamine and enhanced glutenin		(Yang et al., 2020)
	Rapeseed	BnITPK	Reduced phytic acid		(Sashidhar et al., 2020)
Hybrid breeding	Rice	Zep1	Improves the frequency of genetic recombination		(Liu et al., 2021)
	Wheat	ZIP4-B2	Recombination of homologous chromosomes		(Martin et al., 2021)

Attēls 1. Mērķģēnu editēšana ar CRISPR-Cas tehnoloģiju ļauj palielināt noturību pret biotisko un abiotisko stresu, palielināt ražu un produktu kvalitāti kartupeļos, tomātos, rapšos, sojas pupiņās, banānos, kviešos miežos, rīsos, kā arī uzlabo šķirņu krustošanu graudzālēs, palīdzot sasniegt ANO Ilgtspējīgas Attīstības Mērķus (SDGs) (Abdul Aziz *et al.*, 2022).



Attēls 2. Mehānisko, bioloģisko un ķīmisko augu aizsardzības metožu devums (melns) kviešu kopējās ražas īpatsvarā (aplis) salīdzinājumā ar ražu bez kaitēkļu kontroles (pelēks) un pagaidām nenovēršamiem zudumiem (balts) dažādos pasaules reģionos un valstīs. Kopējā pasaules kviešu ražība Megatonnās (Oerke, 2006).

Transgēno biotehnoloģiju izmantojums kaitēkļu un slimību kontrolē

Domesticējot kultūraugus un mājlopus, cilvēce ir veikusi augu, dzīvnieku un mikroorganismu atlasu un selekciju mērķtiecīgas vai nejaušas krustošanas ceļā gadu tūkstošiem ilgi. Molekulārā krustošana (*marker-assisted breeding*) ir sekvencēšanas tehnoloģiju iespējota pazīmju kodējošo gēnu lokalizēšana noteiktās genoma vietās un to izmantošana pātrinātā un efektīvākā kultivāru izveidē. Genoma editēšanas tehnoloģijas sniedz vēl papildus priekšrocības: 1) ļauj uzlabot poliploīdus kultūraugus, kas sākotnēji radīti krustošanās ceļā, bet tiek pavairoti veģetatīvi un nepakļaujas tālākai hibridizācijai, piem., banāni, papaija; 2) ievērojami pātrina jaunu pazīmju lokusu ienešanu un lokalizāciju genomā salīdzinājumā ar molekulāro krustšanu; 3) ļauj ienest evolucionāri radniecīgus gēnu ortologus no organismiem, kuri nav krustojami sugu barjeras dēļ, piem., augu imunitātes receptorus un rezistences R-gēnus.

Tabula 1. sniedz ieskatu augu un vīrusu inženierijas mērķu dažādībai. Auga virsmas receptori var potenciāli kalpot arī simbiožu inženierēšanai, piem., papeles LecRK receptorā introdcckcija *A. thaliana* iespējo mikorizāciju (Labbe *et al.*, 2019). R-gēnu piramidēšana (vairāku NLR introdukcija augos robusatākai rezistencei) vai specializētā metabolisma inženierija bieži prasa vairāku gēnu vienlaicīgu integrāciju genomā, piem., izmantojot policistroniskus

transformācijas konstruktus. Tā kā ik katru gēnu no plašā un arvien ļoti strauji augošā bioinženierijas mērķu klāsta nav iespējams laicīgi iekļaut monitoringa sarakstos, lietderīgāk un izmaksu efektīvāk ir iekļaut jebkuru citu marķieri no augu transformācijas plazmīdām (vektoriem), īpaši koncentrējoties uz antibiotiku rezistences lokusiem, kuru riski ir aprakstīti 1.2 sadaļā. Svarīgi ir arī atzīmēt, ka jaunās paaudzes gēnu editēšanas metodes (CRISPR) var arī izmantot, lai atbrīvotos no šādu rezistences gēnu integrācijas auga genomā, pirms reģistrēt un komerciāli izmantot kultivārus.

Tabula 1.

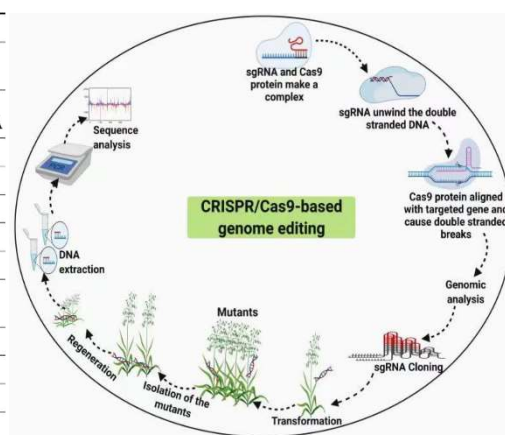
Bioinženierijas mērķi	Apraksts	Piemērs
<i>Augu virsmas receptori</i>	Jaunu virsmas receptoru klonēšana, kas sniedz specifisku vai plaša spektra rezistenci pret kaitēkļiem	<i>A.thaliana</i> receptora EFR ienešana Solanaceae sniedz resistenci pret <i>Pseudomonas</i> , <i>Agrobacterium</i> , <i>Ralstonia</i> un <i>Xanthomonas</i> patogēniem (Lacombe <i>et al.</i> , 2010)
<i>NLR (R) gēni</i>	Iekššūnas receptoru mānekļu (<i>decoy</i>) modificēšana dažādu patogēnu efektoru atpazīšanai	Sojas PBS1 proteīna mānekļa inženierija, lai atpazītu soybean mosaik virus (SMV) Nla proteāzi (Helm <i>et al.</i> , 2019)
<i>Augu specializētais metabolisms</i>	Pastiprināt auga imunitātes aktivēto aizsargreakcijās iesaistīto specializēto metabolītu sintēzi plaša spektra rezitences iegūšanai	6 <i>A. Thaliana</i> bezylglikosinolātu sintēzes (BGLs) gēnu ienešana kartupeļos ar palielinātu noturību pret oomicēti <i>Phytophthora</i> un kukaini <i>Premnotrypes</i> (González-Romero <i>et al.</i> , 2021)
<i>Augu uzņēmības faktoru editēšana</i>	Gēnu izslēgšana, kas noved pie paugstinātas patogēnu noturības	Rīsa <i>bsr-k1</i> mutanta noturībapret Magnopothae orysa un palielināta ražība (Ning & Wang, 2018; Zhou <i>et al.</i> , 2018)
<i>RNS interference (RNAi)</i>	MazoRNS (smallRNA) dizains auga vīrusu, nematožu, sēņu, kukaiņu gēnu klusināšanai (HIGS - host induced gene silencing) (Koch & Wassenegger, 2021)	Laputs <i>Mysus persicae</i> efektoru Mp10 klusināšanu izmantojot auga sintezētu komplimentāru dsRNA (Pitino <i>et al.</i> , 2011)
<i>Bakteriofāgi</i>	Baktēriju vīrusu izmantošana bakteriālo slimību kontrolei	Fāgu kokteiļa izmantošana kartupeļu bakteriālās puves apkarošanai (Bugaeva <i>et al.</i> , 2021)

<i>Fotosintēzes inženierēšana</i>	C4-tipa fotosintēzes inženierija C3 tipa augos	https://c4rice.com/ projekts
<i>Simbiožu inženierēšana</i>	Mikorizas un gumiņbaktēriju inženierēšana	https://synthsym.org/ projekts

Gēnu dziņos nebalstītu CRISPR izmantojums kaitēkļu ģenētiskajā biokontrolē

CRISPR/Cas sistēma ļauj ļoti precīzu genoma rediģēšanu un sniedz daudzas priekšrocības salīdzinājumā ar citām gēnu editēšanas tehnoloģijām (**Attēls 3**), sniedzot pielietojumu teju visos **Tabulas 1** minētajos mērķos. Konstruēt CRISPR plazmīdas ir tehniski salīdzinoši vieglāk kā ZFN vai TALEN, kas arīdzan nav tik precīzi un efektīvi kā CRISPR tehnoloģija (Gaj *et al.*, 2013). Metodes pamatā ir genomiskajam lokusam specifiski *guide RNA* dizains, kas komplementāri saistās ar DNS un kalpo kā lokācija Cas nukleāzēm, kuras veido abu DNS ķēžu pārrāvumu. Balstoties uz diviem DNS labošanas mehānismiem – nonhomologous end-joining (NHEJ) vai homology directed repair (HDR) – iespējams veidot genoma delēcijas (NHEJ bez templeita) vai insercijas (HDR ar templeitu) (**Attēls 4**). CRISPR plazmīdu dažādība *addgene* zinātniskajā resursu datubāzē šobrīd sasniedz vairākus simtus (**Tabula 2**), ļaujot veikt plašu inserciju un delēciju klāstu, bāzu pāru editēšanu un transkripcijas aktivāciju vai represiju.

Role	ZFNs	TALENs	MNs	CRISPR/Cas9
Efficacy of target recognition	Higher	Higher	Higher	Higher
Kind of Action	Double-stranded break in target DNA	Double-stranded break in target DNA	Direct conversions in targeted regions	Double-stranded break in target DNA
Mutagenesis	Higher	Middle	Middle	Lower
Multiplexing	Difficult	Difficult	Difficult	Possible
Target range	Unlimited	Unlimited	Unlimited	Limited by PAM
Effects	Lower	Lower	Lower	Lower
Cost	Higher	Higher	Higher	Low
Crop Improvement	Low	Low	Low	Higher
Range	Narrow	Narrow	Narrow	Broad
Dimerization	Required	Not required	Not required	Not required
Types	One	One	One	Many
Future use	Medium	Medium	Medium	High

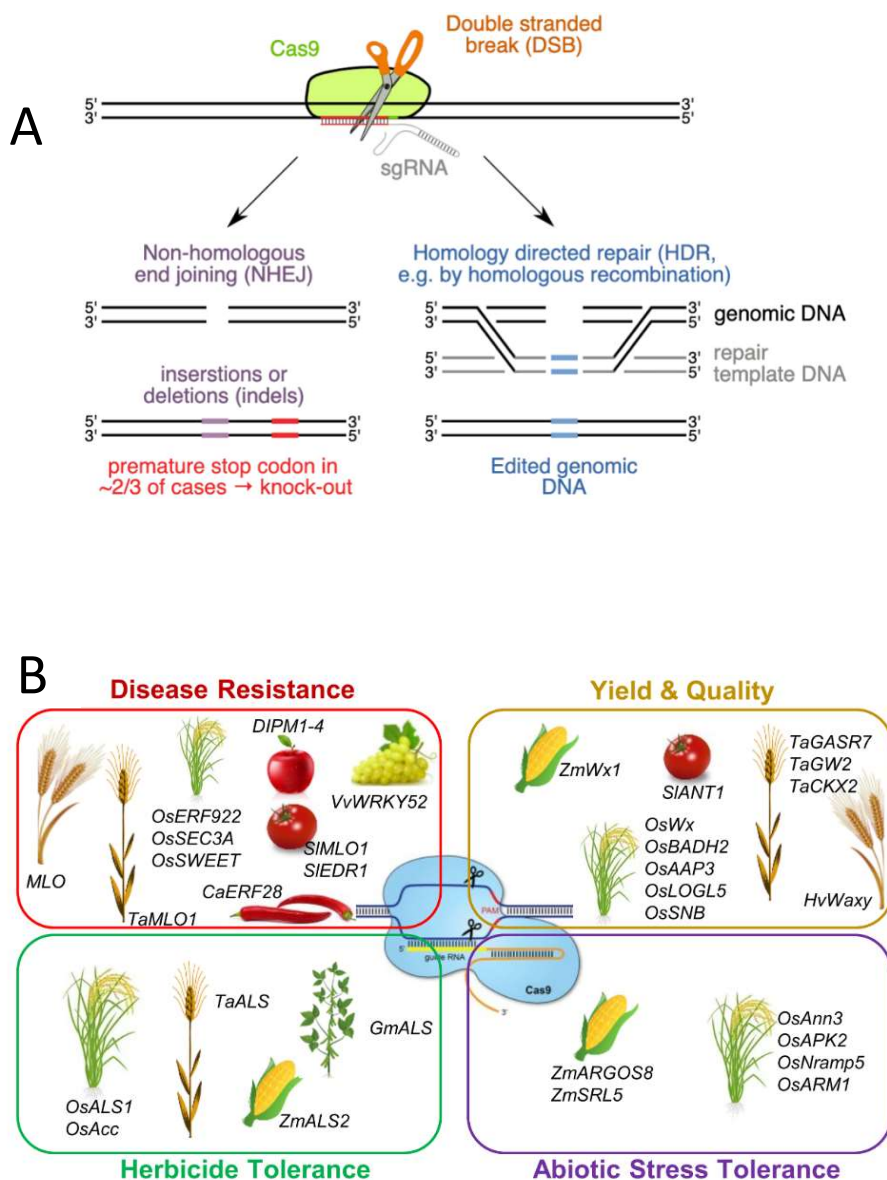


Attēls 3. Īpašību un pielietojamības salīdzinājums dažādām gēnu editēšanas metodēm: ZFN – cinka pirkstu nukleāzēm, TALEN - transkripsiju aktivējācijai līdzīgo efektoru nukleāzēm, MN – meganukleāzēm, CRISPR/CAS9 - *clustered regularly interspaced short palindromic repeats*/CAS nukleāzēm (Rasheed *et al.*, 2021)

Tabula 2.

Augu CRISPR plazmīdu dažādība un publiski pieejamo resursu skaits *addgene* datubāzē.

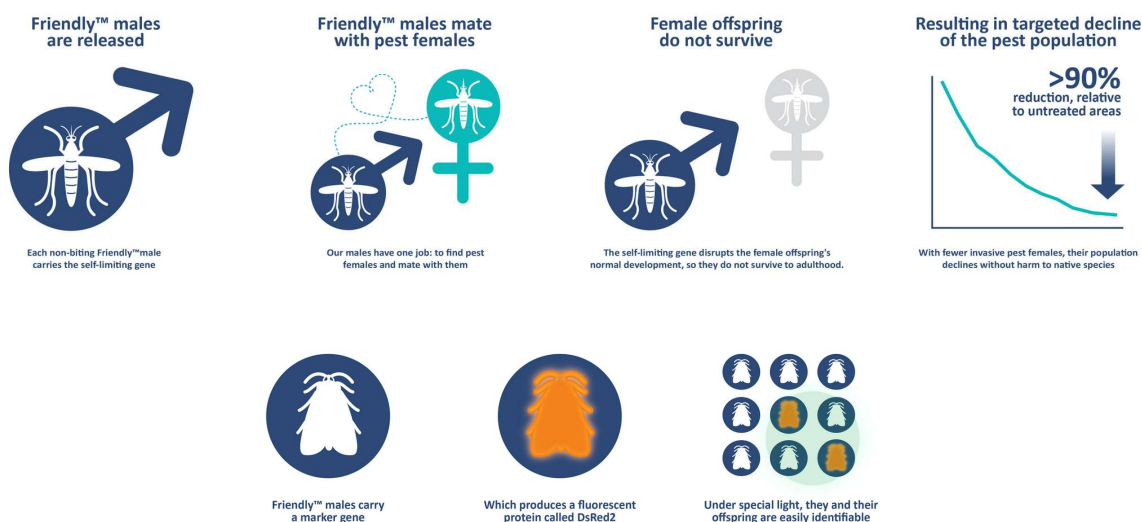
CRSPR/Cas plazmīdu veids	Pielietojums	Skaits datubāzē
double-strand break (DSB) CRISPR/Cas cutting enzyme	Konstrukti rada abu DNS ķēžu griezumus pēcāķai mutāciju ardīšanai ar HDR vai NHEJ	326
Catalytically dead dCas9 fused to a cytidine or adenine deaminase	Veic vienas bāzu pāra mutācijas C->T (G->A) vai A->G (T->C)	93
CRISPR/Cas nickase	Konstrukti rada vienas DNS ķēdes griezumus, bieži lietoti ar 2 katrai ķēdei specifiskiem guideRNA, palielinot DNS griezuma specifiskumu pēcāķai mutāciju ardīšanai ar HDR vai NHEJ	47
Cas9 H840A nickase fused to a reverse transcriptase (RT)	prime editing guide RNA (pegRNA) ļauj nikāķi novirzīt specifiskā ģenoma vietā, kam seko praimera saistīšanās un inserta veidošana ar RT enzīma palīdzību	25
Catalytically dead dCas9 fused to a transcriptional activator peptide	gRNA saistās ar mērķa ģēna promoteru un aktivē transcripciju izvēlētajiem ģēniem	18
Catalytically dead dCas9, or dCas9 fused to a transcriptional repressor peptide	gRNA saistās ar mērķa ģēna promoteru un piesaistot KRAB peptīdu, represē ģēna transcripciju	32
all-in-one vectors	Vectori vienā plazmīdā satur gan gRNA, gan Cas nukleāķi	21



Attēls 4. A. Darbības princips CRISPR sistēmai, kur viena guideRNA (*sgRNA*) sekvenca norāda Cas nukleāzes darbības vietu. Dubultspirāles griezuma vietas (DSB) tiek salabotas pēc diviem mehānismiem – NHEJ un HDR -, kuru rezultātā tiek atstātas delēcijas vai insercijas. Pašāk par CRISPR mehānismu dažādību gēnu editēšanā apkopots <https://www.addgene.org/guides/crispr/> **B.** CRISPR pielietojums dažādu auga īpašību uzlabošanā (slimību rezistence, ražība un kvalitāte, herbicīdu un abiotiskā stresa tolerance) ar editēto gēnu piemēriem (Farinati *et al.*, 2023).

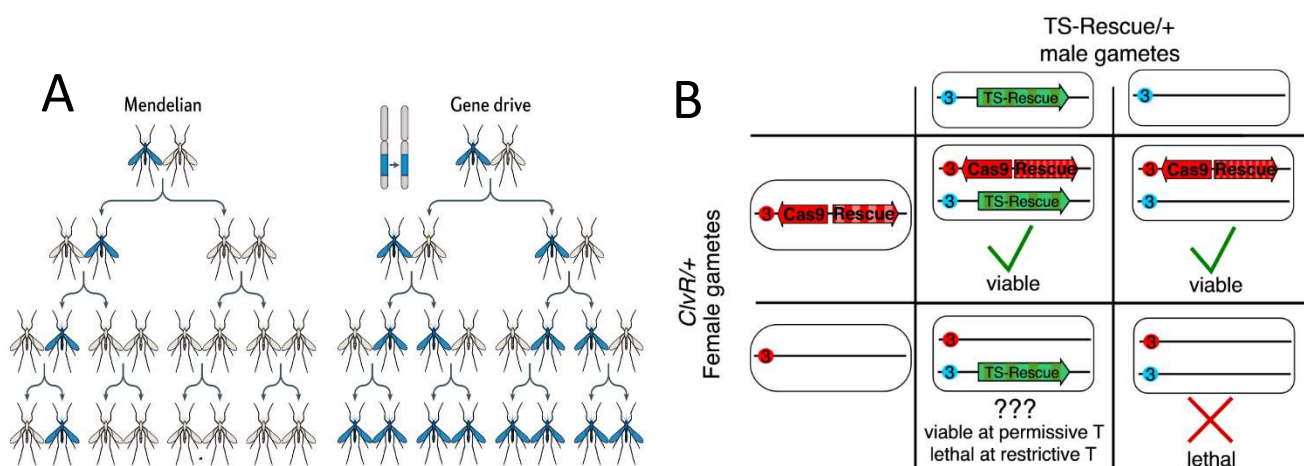
Gēnu dziņos balstītu CRISPR izmantojums kaitēkļu ģenētiskajā biokontrolē

Viena no ārkārtīgi svarīgām tehnoloģijām gan cilvēka un mājlopu, gan augu kaitēkļu apkarošanā ir Sterilo Kukaiņu Tehnoloģija – *Sterile Insect Technology* (SIT), ko plaši pielieto slimību vektoru kontrolē pasaulē ar ļoti veiksmīgiem izmēģinājumiem daudzās valstīs. Viena no pionieriem šajā tehnoloģijā ir kompānija *Oxitec*, kura izmanto represējamu kukaiņu letalitātes gēnu (**Attēls 5**). Šādi veiksmīgi iespējams samazināt to kukaiņu populācijas, kuras pārnēsā bīstamus cilvēka, mājlopu vai augu vīrusus, pret kuriem nav vakcīnu vai citu līdzekļu, piem., Dengi drudža, Zikas un chikungunya vīrusa pārnēsātāju *Aedes aegypti*. Kā apkopots (Raban *et al.*, 2023) CRISPR arī var tikt izmantots kukaiņu dzimumam specifisku letalitātes alēļu inženierēšanai vai tēviņu:mātīšu attiecības koriģēšanai, novedot pie kaitēkļu populācijas samazināšanās. Papildus tam ir iespējami nosacījuma letalitātes gēni, piem., chikungunya vīrusa RNA aktivēta REAPER ekspresija, kas nonāvē moskītus, kuri pārnēsā šo dzīvībai bīstamo vīrusu (*supression drives*). Līdzīgi iespējams editēt gēnus, kuri atbild par kukaiņa vektora-kompetenci un vīrusa vairošanos kukainī, piem., *Rel1*, kas pieckārt samazināja vīrusa titru moskītos (*modification drives*).



Attēls 5. Laboratorijas apstākļos iespējams izaudzēt kukaiņu koloniju ar letalitātes gēnu, ko supresē ar tetraciklīna pievienošanu kukaiņu barībā. Pēcāk tēviņi tiek izlaisti dabasvidē, kur pārojas ar savvaļas mātītēm, radot pēcnācējus, kas neizdzīvo un efektīvi samazina kukaiņu kaitēkļu populāciju. Tēviņi nes fluorescējošu marķiera gēnu DsRed2, ko iespējams izmantot identifikācijā un monitoringa programmā. Materiāli no <https://www.oxitec.com/en/home/>

Tādējādi CRISPR bāzēti Gēnu dziņi (*Gene drives*) var ievērojami noderēt nevēlamu kukaiņu kaitēkļu apkarošanā. Dziņa princips balstīts uz ģenētiska elementa iedzimtību vai simbionta vertikālo pārnesei, kas atšķiras no Mendeliskās iedzimtības, jo tā frekvence palielinās katrā paaudzē (**Attēls 6A**).



Attēls 6. A. Viens no gēnu dziņu darbības mehānismiem ietver *Homing endonuclease genes* (HEG) (ar CRISPR HEG var padarīt izvēlētajam reģionam specifiskus), kuri var strauji izplatīties populācijā, jo heterozigotos ierosina DSB, kas tiek salabots ar HEG hromosomu, efektīvi konvertējot heterozigotus par HEG homozigotiem. (Bier, 2022). Ja HEG tiek inženierēti, lai izjauktu svarīgus gēnus un ierosinātu letalitāti, šādi dziņi nav noturīgi, jo mutāciju rezultātā ar laiku rodas HEG resistentas alēles. **B.** Alternatīvi dziņi HEG balstās uz vides faktoru ierosinātiem nosacījuma letalitātes gēnu dziņiem kā temperatūras jutīgais *Cleave and Rescue*. Maternāli iedzimtā Cas9 un gRNA ir *Cleaver*, kas izjauc dzīvībai svarīgu kukaiņa gēnu. *Rescue* ir Cas9-resistenta funkcionāla šī gēna kopija, kas izplatās populācijā, līdz sasniedz 100% fiksāciju, jo recesīvie homozigoti ir letāli *Cleaver* dēļ. Ja populācijā paternāli introducē temperatūras jutīgu *Rescue*, kur augsta temperatūra izraisa nefunkcionāla *Rescue* proteīna ražošanu, populācija tiek supresēta atkarībā no vides temperatūras (Oberhofer *et al.*, 2024)

1.2. GMO tehnoloģiju dažādība un to paredzamie riski

Monitoringa veids un nepieciešamība ir tieši pakārtota tehnoloģijas iespējamo risku veidiem.

Vai monitorings nepieciešams pārtikas GMO kontrolei?

Lai arī valda sabiedrības skepse un likumdevēju konservatīvisms (Lucht, 2015), tā šobrīd ir zinātniski nepamatota, un pētījumos pamatoti cilvēka veselības vai vides riski nav identificēti

un vispāratzīti, tostarp Karaliskās Biedrības (Lielbritānija), Britu Medicīnas Asociācijas, Francijas Zinātņu Akadēmijas, Vācijas Zinātņu Akadēmijas, Starptaustikajā Zinātņu biedrības, OEDC, Apvienoto Nāciju (UN) Pasaules Veselības Organizācijas (WHO), Pārtikas un Lauksaimniecības Organizācijas (FAO) atzinumos un publikācijās (Paarlberg, 2009; DeFrancesco, 2013; Nicolai *et al.*, 2014; Tsatsakis *et al.*, 2017). Vēl jo vairāk, ĢMO izmantošana var pat uzlabot sabiedrības veselību (apkopots (Zilberman *et al.*, 2018)), piem., 21 gadu ilgā pētījumā Bt-kukurūza ievērojami samazināja patogēno sēņu izraisīto mikotoksīnu (-28.8%), fumitoksīnu (-30.6%) un trikotecēnu (*thricotecens*) (-36.5%) akumulāciju pārtikas produktos un neradīja nelabvēlīgu ietekmi uz ne-mērķa organismiem, kā vienīgi kukurūzas kaitēkli *Ostrinia nubilalis* un tā parazītu (Pellegrino *et al.*, 2018). Ģenētiski iženierētie rīsi (Golden Rice) ražo papildus beta-karotīnu, novēršot ļoti daudzas ar A- vitamīna trūkumu saistītās veselības problēmas, līdzīgi kā vairāki citi uzturvērtībā uzlabotām sojas pupiņām un kukurūzu (Zilberman *et al.*, 2018). Bez pieminētajiem mikotoksīniem, ko ražo fitopatogēnās sēnes, vairāki kultūraugi, kas ir iztikas pamatkultūra vairākos pasaules reģionos, satur dabiski ražotus cilvēkam kaitīgus vai pat nāvējošus augu endotoksīnus – cianogēnos glikosīdus, furocumarīnus, augu lektīnus, tripsīna inhibitorus, fitātus, tanīnus, glikoalkaloīdus (solanīnus, hakonīnus), pirolizīda alkaloīdus, kas iekļauti arī WHO uzskaitē. Šo savienojumu saturu ir būtiski iespējams samazināt ar molekulārās krustošanas, RNAi un CRISPR gēnu editēšanu (Broughton *et al.*, 2003; Bouis & Saltzman, 2017; Gilbert *et al.*, 2018; Hasan *et al.*, 2021; Alvarado-Ramos *et al.*, 2024), tā būtiski palielinot izmantojamo kultūru klāstu un pieejamību.

Secinājums: sabiedrības veselības kontekstā monitoringa nepieciešamība kalpo tikai ĢMO efektivitātes salīdzināšanā ar konvencionālām ne-ĢMO augu genotipiem lauka izmēģinājumu laikā jaunu ĢMO kultivāru izstrādei; tā kā līdz šim nepastāv zinātniski pamatoti riski sabiedrības veselībai, bet pastāv zinātniski pamatoti pozitīvi veselību uzlabojoši efekti, monitorings pārtikas uzraudzības un kontekstā nav zinātniski pamatojams, ja vienīgi esošās likumdošanas prasību dēļ, kuru būtu racionāli mainīt.

Vai monitorings nepieciešams ĢMO vides izplatības kontrolei?

Pirmās paaudzes ĢMO tehnoloģijas ietver augam svešu transgēna – *Bacillus turingiensis* (Bt) toksīna - un herbicīda glifosāta (HG) rezistences gēna introdukciju kultūraugu genomā. Bt-toksīna iedarbība ir relatīvi specializēta uz grauzējtipa kultūraugu kukaiņu kāpuriem, bet ne uz citiem (ne-mērķa) organismiem kā apputeksnētājiem (bitēm) vai kaitēkļiem, kas barojas ar

sūcējtipa mutes orgāniem (piem., laputīm). Tādējādi pat iespējamā šī gēna introdukcijai citu savvaļas augu genomos ir nebūtiska ietekme. Turklāt Latvijā Bt rezistences veidošanās ir maz iespējama, jo Eiropas kukurūzas svilnis (*Ostrinia nubilalis*) nav endēms kaitēklis. Lai arī rezistence pret Bt-toksicitāti vēl nav dokumentēta (Farinós *et al.*, 2018; Zilberman *et al.*, 2018) vai parādīta pietiekoši ticamiem datiem (Camargo *et al.*, 2018), praksē preventīvi tiek ievērotas ĢMO-brīvās zonas rezistences evolūcijas samazināšanai (Álvarez-Alfageme *et al.*, 2022). Pret kaitēkļu rezistentu kultūru izmantojumam pastāv iespējamība sekundāro kaitēkļu uzliesmojumam, ja auga rezistences mehānisms vērsts pret noteiktu šauru kaitēkļu grupu, piem., Bt-kokvilnas izmantošana Ķīnā ir samazinājusi galvenā kaitēkļa *Helicoverpa armigera* zaudējumus, bet veicinājusi cita kokvilnas kaitēkļa, pret kuru nedarbojas Bt-proteīns, - *Miridae* kukaiņu – infestāciju konkurences samazināšanās dēļ (Lu *et al.*, 2010).

Nevēlama ir HG rezistences gēnu introgresija kultūrauga savvaļas radniekos, kas var novest pie nezāļu herbicīdu rezistences iegūšanas. Tam ir augsts risks atsevišķās kultūraugu sugās, piem., sorgo un tā savvaļas radniekos ar līdzīgu genoma struktūru un izkārtojumu (jeb sintēniju) *Sorghum halepense*, *S. propinquum*, *S. alnum* (Stewart *et al.*, 2003). Lielākie riski HG rezistentu kultūraugu audzēšanā (apklūkots Tsatsakis *et al.*, 2017) ir šo

- 1) augu izplatība ārpus lauksaimniecības zemēm;
- 2) gēnu plūsma (*gene flow*) un hibridizācija ar savvaļas radniekiem, veicinot herbicīdu rezistenci arī nezālēs;
- 3) pastiprināta plaša spektra pesticīdu lietošana nezāļu apkarošanā, kas pretēji līdz šim minētajiem ĢMO izmantošanas ieguvumiem, nepalīdz samazināt pesticīdu izmantošanu.

Lai arī transgēno kultūru izplatība ārpus lauksaimniecības zemēm ir dokumentēta, piem., Austrālijā audzētie HG rapšu (*Brassica napus*), tie nav demonstrējuši selektīvas priekšrocības un nav invazīvi kolonizējoši savvaļas teritorijas (Busi & Powles, 2016). Hibridizācija ar savvaļas radniekiem ir risks, kā rezultātā veidojas rezistence un padara herbicītu lietošanu bezjēdzīgu. Vai augu kaitēkļi un patogēni var izplatīt transgēnu augu materiālu horizontālas gēnu pārnesei ceļā (*Horizontal gene transfer*) un integrēt savos genomos ir maz pētīts, bet īpaši attiecināms uz antibiotiku rezistences gēniem. Piemēram, BASF izstrādātais augsta amilopektīna AMFLORA kartupelis EH92-527-1³² tika izņemts no ES ĢMO reģistra 2013, jo saturēja kanamicīna

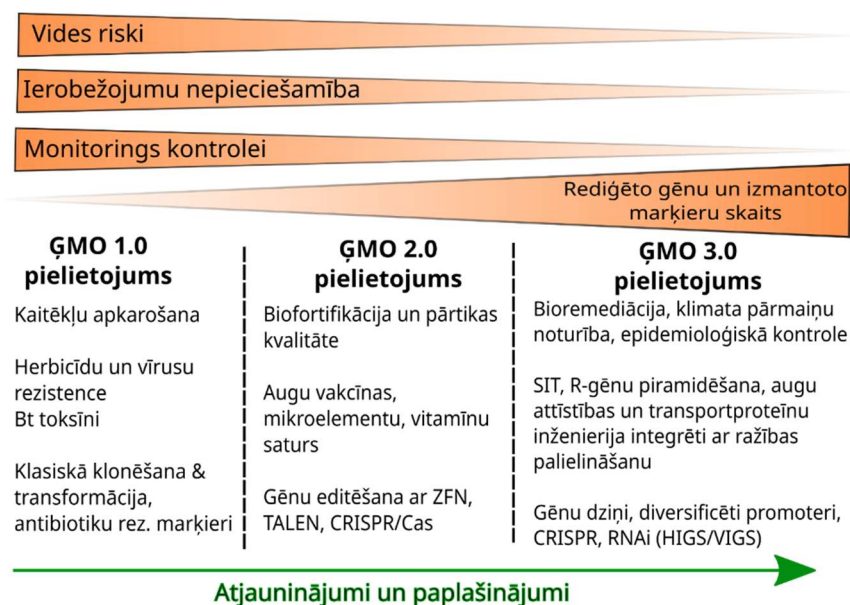
³² <https://archive.ph/20121206040337/http://www.basf.com/group/pressrelease/P-10-179>

rezistences gēnu *nptII* (neomycin phosphotransferase II (EC 2.7.1.95)), kas palielina antibiotiku rezistences iegūšanas iespējamību. Šādu produktu aizliegums un kontrole ir saprotama un atbalstāma, jo ĢMO ieguvumi neatsver riskus, un antibiotiku rezistences gēnu monitorings (de Vries & Wackernagel, 1998) augu materiālā un vides paraugos ir nepieciešams. Tāpat HG rezistentu kultūru audzēšanā izmantotie herbicīdi būtiski samazina savvaļas augu bioloģisko daudzveidību, to skaitā nezāles, kas kalpo par saimniekaugiem daudziem savvaļas bezmugurkaulniekiem, kuri nodrošina apputeksnēšanu vai citu kaitēkļu dabisko bioloģisko kontroli (Zilberman *et al.*, 2018). Būtiski, ka HG rezistentu kultūru izmantošanai nezāļu kontrolē ir alternatīva, kas balstīta uz CRISPR gēnu dziņu izmantošanu nezāļu konkurencē, sēklu dīgšanā, attīstībā vai sēklu ražošanā svarīgu gēnu izslēgšanai (Neve, 2018). Alternatīvi, arī aleloķīmisko vielu ražošanas inženierēšana kultūraugos vai *push-pull* sistēmā (Khan *et al.*, 2011) var palīdzēt radīt nezāļu brīvas zonas, vienlaikus nesamazinot nezāļu, kas ir svarīgas bioloģiskās daudzveidības sastāvdaļas, konkurētspēju ārpus lauksaimniecības zemēm.

Secinājums: uzskaitē, ierobežojumi un monitorings nepieciešams pirmās paaudzes ĢMO, kas satur HG vai antibiotiku rezistences transgēnus; to pielietošanu var būtiski aizstāt ar otrās un trešās paaudzes ĢMO, kas balstīti CRISPR-Cas un gēnu dziņu izmantošanā.

Vai otrās un trešās paaudzes ĢMO samazina riskus un monitoringa nepieciešamību?

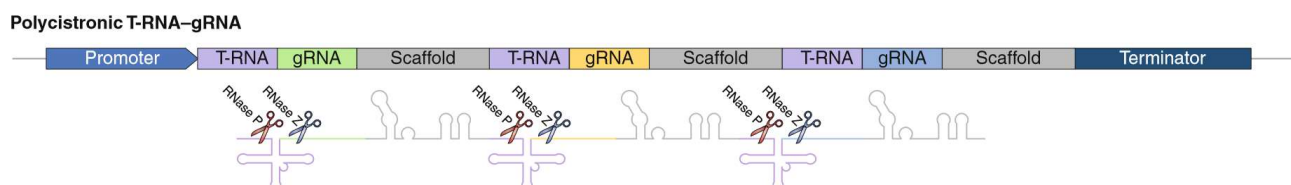
Pirmās paaudzes ĢMO, kas vērsti uz kaitēkļu apkarošanu un augu rezistence nodrošināšanu, bieži izmanto ģenētiskos konstruktus, kur pastāvējis risks mērķa transgēnam (HG) vai selektīvajam marķierim kā antibiotiku rezistences gēnam integrēties auga vai to savvaļas radnieku, kā arī citos nemērķa organismos. Salīdzinājumā ar pirmo ĢMO paaudzi, otrās un trešās paaudzes ĢMO ir vērsi uz auga barojošo un cilvēka uzturam būtiskāko īpašību uzlabojumu, kā arī vides stresa noturības palielināšanu globālo pārmaiņu kontekstā (**Attēls 7**).



Attēls 7. Otrās un trešās paaudzes ĢMO plašais pielietojumu klāsts ievērojami palīdz sasniegt ANO Ilgtspējas mērķus, ievērojami samazinot paredzamos vides riskus, tādējādi mazinot nepieciešamību pēc likumdošanas ierobežojumiem un monitoringa izmaksām. Sagatavoja: Z.Orlovskis

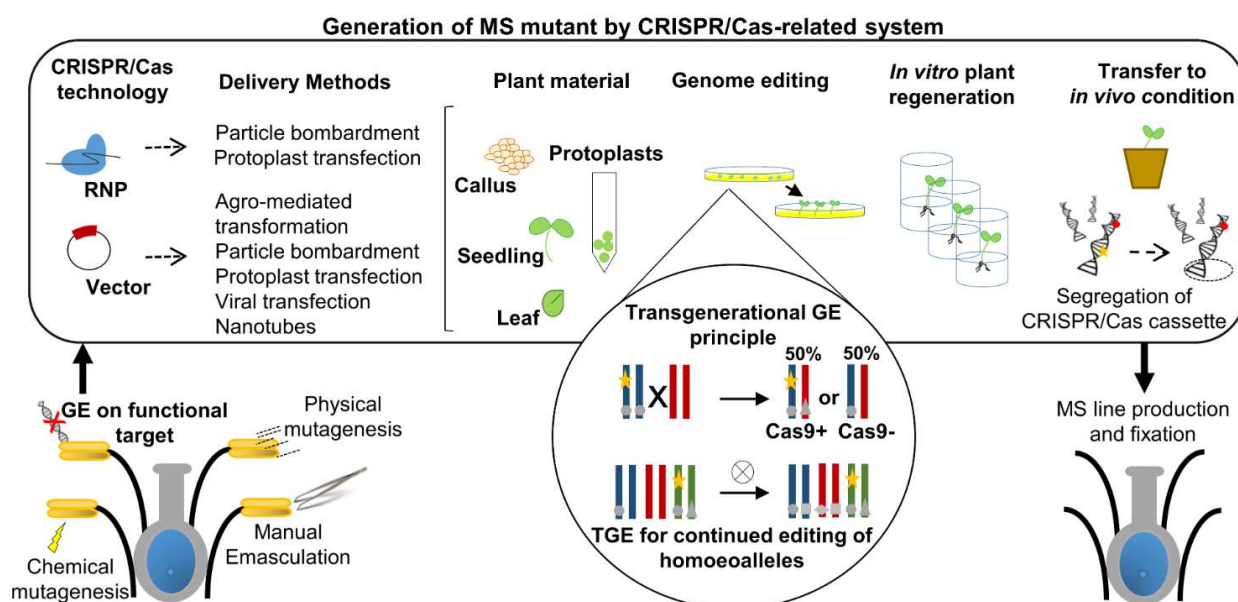
Papildus tam CRISPR/Cas un gēnu dziņu pielietojums ir ievērojami palielinājis precizitāti jaunu inserciju lokalizācijai genomā salīdzinājumā ar T-DNS, tā samazinot blakusmutāciju riskus un to nejaušu izplatību krustošanās ceļā. Editēto auga funkciju klāsts mūsdienās kļūst daudz pārdomātāks salīdzinājumā ar pirmo ĢMO paaudzi. 2. un 3. paaudzes ĢMO izmantošanas ieguvumi ilgtspējas veicināšanā un sintētisko minerālmēsļu un pesticīdu samazināšanā daudzkārt pārsniedz teorētiskus vides riskus, kas ievērojami samazinājušies līdz ar jauno gēnu editēšanas tehnoloģiju attīstību. Daudzu citu kontekstu un piemēru starpā to var argumentēti pamatot ar šādiem neatsveramiem piemēriem un jauniem tehnoloģiskiem atklājumiem, kas būtiski samazina ar ĢMO augiem tradicionāli saistītos teorētiskos vides risku apsvērumus:

- **Multigēnu kontrolētu metabolisma ceļu inženierēšana ar CRISPR** ietver kompleksu biosintētisko ceļu un gēnu promoteru inženierēšanu, kas bieži ir sugai specifisks un maz ticami, ka visa inženirētā ceļa gēni vai specifiskie promotori koordinēti hibridizētos ar augu savvaļas radiniekiem, radot nemērķa efektus. Iespēju šādi daudzu gēnu vienlaicīgai inženierijai paver *multiplex CRISPR* (**Attēls 8**), kas jau izmantota kviešos, kukurūzā, rīsos (Qi *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2019)



Attēls 8. Piemērs *multiplex CRISPR*, kur policistroniski T-RNA atrodas vienā CRISPR kasetē un tiek sagriezti ar auga RNase enzīmiem, atbrīvojot vairākiem gēniem atbilstošus gRNA, vienlaicīgi visu šo gēnu editēšanai (Zhang *et al.*, 2019).

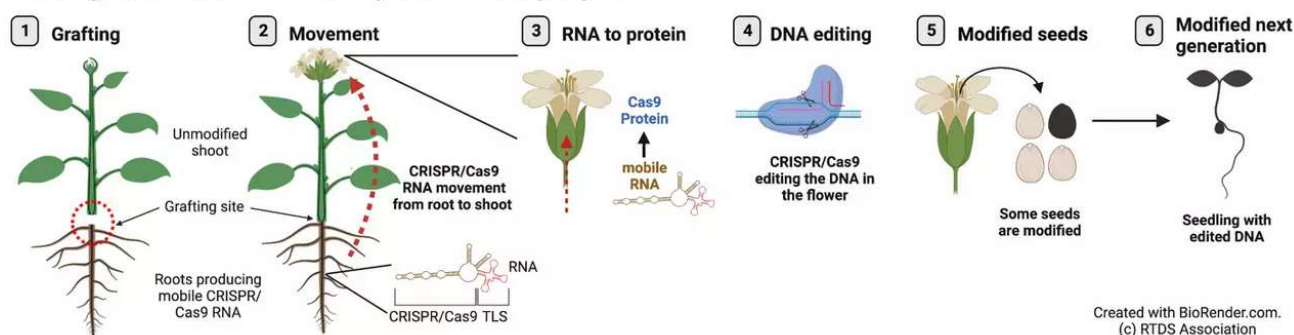
- **Male sterility (sterilo putekšņu) inženierēšana ar CRISPR** samazina gan transgēnu iespēju nokļūt vidē un citu sugu genomos krustošanās ceļā, gan arī būtiski paātrina šķirņu selekcijas (breeding) programmas (**Attēls 9**) (Farinati *et al.*, 2023).



Attēls 9. *Male sterility (MS)* ir svarīgs mehānisms svešaputes veicināšanā, lai daudzu augu selekcijā ienestu vēlamās pazīmes. Atrast citoplasmātisko, genomisko vai vides faktoru inducēto MS ir stūrakmens daudzu augu selekcijā un var aizņemt desmitgades. CRISPR ievērojami iespējo MS inženieriju (līdztekus ķīmiskajiem, fiziskajiem vai manuāliem līdzekļiem), lai paatrinātu selekcijas programmas. Iespēja veikt protoplastu transformāciju un ievietot Cas kaseti poliploīdos rada iespēju *transgenerational gene editing* – Cas darbību arī nākamajā paaudzē, rediģējot gēnus arī poliploīdu (piem., heksaploīdu kviešu) homologajās kromosomās, tā nostabilizējot editētās alēles. Pēcāka klonu segregācija vai backcross var pilnībā atbrīvoties no pašas CRISPR/Cas kasetes. (Farinati *et al.*, 2023)

- iespējams radīt augus, kuros ģenētiskā modifikācija nav auga virszemes un reprodūktīvajās daļās³³: nesenā publikācija *Nature biotechnology* (Yang *et al.*, 2023), izstrādātu PALMORF ERC Synergy Granta ietvaros, demonstrē ģenētiski nemainītu auga virszemes daļu potēšanu uz CRISPR/Cas ražojošām saknēm (**Attēls 10**).

Grafting and mobile CRISPR for genome editing in plants



Attēls 10. Spēja potēt ģenētiski nemainītu auga vasu uz potcelma, kas ražo mobilo Cas9 proteīna RNA nodrošina transgēnu augu iegūšanu, neintegrējot CRISPR/Cas kaseti genomā, tā ievērojami paātrina un samazina izmaksas genoma rediģētu kultūraugu radīšanai, kuriem vairs nesatur papildus transgēnus. (Yang *et al.*, 2023)

Secinājums: iespēja atbrīvoties no CRISPR/Cas transgēna kasetes, augus krustojot (*backcross*) vai izmantojot potēšanu, efektīvi atbrīvojas no transgēnu nevēlamas klātbūtnes komerciālās augu šķirnēs; tāpat sugai specifisku un vides (piem., temperatūras) jutīgu promoteru izmantošana samazina jebkādu būtiskus riskus nevēlamai editētu alēļu izplatībai, kas atšķirtos no tā, kas jau dabiski notiek agroekosistēmās bez ĢMO. Tādējādi jaunās paaudzes ĢMO būtībā līdzinās dabā notiekošajiem procesiem un jau plaši praktizētajai molekulārajai selekcijai.

2. Auga kaitēkļu un patogēnu, ĢMO monitoringa programmu izvērtējums Latvijā

2.1 Esošo monitoringa programmu uzskaitījums attiecīgās ekspertīzes jomā

MK izdotajās Vides politikas pamatnostādnēs 2021.–2027. gadam nav atsevišķi izdalīts, iztirzāts vai minēts ĢMO monitoringa jautājums. Dokumentā minētie saistītie rīcības virzieni

³³ <https://www.youtube.com/watch?v=4gcVBgAr73M>

toties sevī principiāli ietver ĢMO izmantošanu šo mērķu sasniegšanai, kā iztirzāts **1. nodaļā**. Eiropas Komisijas ierosinātās darbības ES vides politikas ieviešanas pārskatos par Latviju 2017. un 2019. gadā daudzu citu starpā iesaka:

- **“Turpināt darbu pie laba vides stāvokļa definīciju uzlabošanas, it sevišķi attiecībā uz bioloģiskās daudz-veidības raksturlielumiem [..]**

- **Noteikt un risināt zināšanu nepilnības;”**

Pārskatot **Tabulā 3** minētos publiski pieejamos dokumentus, jāsecina, ka ĢMO monitoringa vadlīnijas tajos nav pieminētas. Tāpat arī suga slimību un kaitēkļu monitoringa vadlīnijas nav tajos minētas un atrunāta to regularitāte un publiski pieejamie dati. Šī informācija būtu ļoti noderīga pētniekiem, lai mērķēti izstrādātu veidus, kā cīnīties ar augu kaitēkļu un patogēnu uzliesmojumiem, argumentētu pētījuma tiešo praktisko pielietojumu tautsaimniecībā un **Valsts Pētījumu Programmas** līdzekļus arī novirzītu tautsaimniecībai svarīgu problēmu risināšanā, pamatojoties uz RIS mērķiem. Šobrīd Valsts Pētījumu Programma nepiešķir finansējumu lauksaimniecības un mežsaimniecības kaitēkļu un slimību apkarošanas, to skaitā ar šeit aplūkoto jaunās paaudzes ģenu editēšanas tehnoloģiju palīdzību. Tādējādi FLPP programma kalpo kā galvenais instruments augu imunitātes, slimību izraisītāju un kaitēkļu mijiedarbību pētījumiem.

Tabula 3.

Nr .	Vides politikas dokumenti	ĢMO monitoringa vadlīnijas	Augu kaitēkļu un patogēnu monitoringa vadlīnijas
1	NAP2027 un vides politikas mērķi un apakšmērķi https://www.mk.gov.lv/lv/media/15162/download?attachment	nav	nav
2	Par Vides Politikas Pamatnostādņēs 2021.–2027. gadam https://likumi.lv/ta/id/335137-par-vides-politikas-pamatnostadnem-20212027-gadam	nav	nav
3	VPP2027 Vides monitoringa programma 2021.-2026: gaisa un klimata pārmaiņu monitoringa programma https://www.daba.gov.lv/lv/media/5662/download?attachment	nav	nav

4	VPP2027 Vides monitoringa programma 2021.-2026: ūdeņu monitoringa programma https://www.daba.gov.lv/lv/media/5661/download?attachment	nav	nav
5	VPP2027 Vides monitoringa programma 2021.-2026: zemes monitoringa programma https://www.daba.gov.lv/lv/media/5660/download?attachment	nav	nav
6	VPP2027 Vides monitoringa programma 2021.-2026: bioloģiskās daudzveidības monitoringa programma https://www.daba.gov.lv/lv/media/5659/download?attachment	nav	nav
7	Vides aizsardzības likums (02.11.2006) https://likumi.lv/doc.php?id=147917	nav	nav
8	Likums "Par īpaši aizsargājamām dabas teritorijām" (2.03.1993) https://likumi.lv/doc.php?id=59994	nav	nav
9	Sugu un biotopu aizsardzības likums (4.06.2020) https://likumi.lv/doc.php?id=3941	nav	nav
10	Augu aizsardzības likums (17.12.1998) https://likumi.lv/doc.php?id=51662	nav	nav
11	LATVIANATURE Aktivitāte C.5.1: Nacionālās bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmas https://www.daba.gov.lv/lv/media/15179/download?attachment	nav	nav
12	Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programmas aktualizācijas dokumenti (2013), Latvijas Dabas Fonds: - <i>Monitoringa veicēju kvalifikācijas uzturēšana</i> - <i>Biotopu un sugu datu sasaiste A17 un A12 ziņojumu sagatavošanā un Iekšzemes Bioloģiskās Daudzveidības Monitoringa Programmā</i> - <i>A17 un A12 ziņojumu un Iekšzemes Bioloģiskās Daudzveidības Monitoringa programmas sasaiste ar citiem monitoringiem</i> - <i>Bioloģiskās Daudzveidības Monitoringa Programmas</i> - <i>izvērtējums atbilstoši A17 un A12 ziņojumu vajadzībām un ieteikumi trūkumu novēršanai</i> - <i>Līdzšinējās BDMP izvērtējums Natura 2000 vietu datu formu atjaunošanā un nepieciešamie labojumi (ieteikumi)</i> - <i>Iekšzemes Bioloģiskās Daudzveidības Monitoringa Programma</i>	nav	nav

2.2 Esošās monitoringa programmas, no kurām būtu iespējams gūt ĢMO un kaitēkļu izplatības datus, tās papildinot un uzlabojot

ĢMO, kā arī augu bezmugurkaulnieku kaitēkļi, patogēnās sēnes, baktērijas un vīrusi nav izdalīti nevienā no *Speciālajam, Fona vai Natura2000 monitoringa veidiem*³⁴, bet būtībā, tāpat kā, piem., speciālā monitoringa iekļautās aizsargājamās sugas, tām būtu jābūt izdalītām atsevišķi un šai informācijai jāparādās datubāzē, kas piemēram integrēta Valsts augu aizsardzības dienesta (VAAD) sistēmā³⁵ un pieejama *data.gov.lv*. Jāuzsver, kā šādā sistēmā būtu integrēti jāparādās visu augu kaitēkļu un slimību izraisītāju grupu - vīrusu, baktēriju, sēņu, oomicēšu, kukaiņu, nematožu, ērcīšu – metadatiem no identifikācijas līdz simptomu un epidemioloģijas kvantifikācijai, kā arī saimniekaugu veidam un agrosistēmas aprakstam. To var panākt ar **zemnieku saimniecību grantiem**, kas piešķirti uzņēmējiem par atļauju veikt monitoringu savās saimniecībās un precīzu lietoto agroķimikāliju, mēslojuma, augu materiāla un sekas informācijas sniegšanu. Esošo Bioloģiskās daudzveidības monitoringa ietvaru iespējams papildināt ar jaunām fokusa sadaļām un mērāmajiem parametriem, kas izcelti **Tabulā 4.**

Būtisks pienesums šādam monitoringam: jaunu CRISPR/Cas vai citādi selekcionētu augu šķirņu un sējmateriāla izmantošana var tikt monitorēta kontekstā ar slimību un kaitēkļu izplatību un uzliesmojumiem, ļaujot zinātniski izsecināt šo uzlaboto kultūru efektivitāti augu rezistences palielināšanā reālos lauka apstākļos.

Šobrīd VAAD sagatavoto publisko datu kopā *data.gov.lv* augstāk minētās informācijas trūkst un pieejamas vien 11 datu kopas par augsniem un izmantotajām šķirnēm (**Attēls 11**). No zinātnisko projektu ietvaros veiktajiem ĢMO risku izvērtējamiem vismaz 3 projektos ir ievākti dati vai ievietotas atsauces par ĢMO sēklu izplatību Latvijā^{36,37,38} (18-100-INV18-5-000014; 17-100-INV17-5-000006; 23-00-SOINZ03-000038). Šo informāciju būtu ieteicams centralizēti un vienoti integrēt *data.gov.lv*. Vēl vienā projektā izvērtēta ĢMO ekonomiskā nozīmība Latvijas

³⁴ https://www.daba.gov.lv/sites/daba/files/media_file/ibdmp-2014.pdf

³⁵ <https://epakalpojumi.zm.gov.lv/iestade/3/pakalpojumi>

³⁶ <https://www.lbtu.lv/lv/projekti/apstiprinatie-projekti/2018/genetiski-modificetu-augu-seklu-un-pavairojama-materiala>

³⁷ <https://www.lbtu.lv/lv/projekti/apstiprinatie-projekti/2017/genetiski-modificetu-augu-seklu-un-pavairojama-materiala>

³⁸ <https://www.lbtu.lv/lv/projekti/apstiprinatie-projekti/2023/genetiski-modificetu-augu-neapzinatas-izplatisanas-vide>

lopbarībā³⁹. Latvijas Augu aizsardzības pētniecības centra (LAAPC) mājaslapās⁴⁰ publiski pieejamā informācija par īstenotajiem zinātniskajiem projektiem neietver monitoringa pētījumus par ĢMO. Pretstatā **Agrihort**⁴¹ veiktie pētījumi bieži ietver dažādu augu patogēnu un bezmugurkaulnieku monitoringa datus projekta īstenošanas termiņos (3 gadi), piem., *RustWatch* vai dzeltenās rūsas sēnes *Puccinia striiformis* monitoringa dati. Diemžēl šo datu pieejamība ir periodiska un pagaidām nav integrēta *data.gov.lv* vai interaktīvas kartes veidā. Labs piemērs kā dažādu kaitēkļu datus padarīt publiski pieejamus ir ābeļu kraupja sporu izlidošanas brīdinājuma sistēma RIMPRO⁴², kas integrē meteoroloģiskos datus slimības izplatības paredzēšanai. Šāds modelis būtu heuristiski jāatjaunina un jāatjauno, izmantojot fona monitoringu ilgākā laika posmā, kā arī saite uz šādiem rīkiem jānodrošina centralizēti caur VAAD un *data.gov.lv*.

Lai arī Valsts augu aizsardzības dienesta Nacionālajā Fitosanitārajā laboratorijā tiek veikti augiem kaitīgo ES karantīnas organismu identifikācija⁴³, informācija par šiem diemžēl nav sistemātiska un pārskatāma, ietverot teritorijas kartes, ņemto paraugu vietas, kultūras, fotoattēlus, detekcijas (molekulārās) metodes u.tml.. VAAD izveidotā novērojumu karte⁴⁴ ir pagaidām labākais rīks, bet būtiski uzlabojams ar informāciju par stādījumu un augu rotācijas (sekas) vēsturi,

³⁹ <https://www.lbtu.lv/lv/projekti/apstiprinatie-projekti/2018/jaunas-tehnologijas-un-ekonomiski-pamatotirisinajumi-vietejās>

⁴⁰ <https://laapc.lv/lv/dokumenti/zinatniskie-petijumi> ; <https://old.laapc.lv/zinatniskie-petijumi/>

⁴¹ <https://agrihort.lbtu.lv/lv/projects>

⁴² <https://agrihort.lbtu.lv/lv/node/315>

⁴³ <https://www.vaad.gov.lv/lv/augiem-kaitigie-organismi>

⁴⁴ <https://noverojumi.vaad.gov.lv/>

Datu kopa	Iestāde	Pievienots	Atjaunots	Atjaunošanas biežums
Latvijas aizsargāto augu šķirņu valsts reģistrs	Valsts augu aizsardzības dienests	2023-10-10	2024-09-18	pastāvīgi
Augšņu agroķīmiskās izpētes rezultāti	Valsts augu aizsardzības dienests	2019-04-04	2024-06-14	reizi gadā
Augšņu oglekļa monitorings	Valsts augu aizsardzības dienests	2024-05-23	2024-05-23	neregulāri
Kūdraugšņu dziļrakumi	Valsts augu aizsardzības dienests	2024-05-23	2024-05-23	neregulāri
Augu šķirņu saimniecisko īpašību novērtēšanas rezultātu apkopojums pa sugām	Valsts augu aizsardzības dienests	2023-12-29	2024-05-20	reizi gadā
Augšņu monitoringa dati: Platones un Taurenas pagastu augšņu dziļrakumi	Valsts augu aizsardzības dienests	2024-03-14	2024-04-09	neregulāri
Konvencionālā pavairojamā materiāla izmantošana bioloģiskajā lauksaimniecībā...	Valsts augu aizsardzības dienests	2021-01-19	2024-01-08	reizi gadā
Augu šķirņu saimniecisko īpašību novērtēšanas rezultāti (pa veikšanas gadiem)	Valsts augu aizsardzības dienests	2021-03-09	2023-12-29	reizi gadā
Kopsavilkums par sagatavoto sertificēto sēklu	Valsts augu aizsardzības dienests	2020-11-18	2023-11-16	reizi gadā
Bioloģiskās lauksaimniecības sēklu datubāzes piedāvājumu kopsavilkums	Valsts augu aizsardzības dienests	2021-01-24	2023-11-15	reizi gadā
Sēklaudzēšanas lauku platības	Valsts augu aizsardzības dienests	2021-01-18	2023-10-23	reizi gadā

Attēls 11. Pieejamās datu kopas VAAD (<https://data.gov.lv/dati/lv/organization/vaad>) neiekļauj ĢMO, kā arī augu kaitēkļu un slimību izraisītāju izplatības datus.

Tabula 4

Esošie monitoringa veidi ¹⁶ un to ieteicamie papildinājumi (dzeltenā, Zigmunds Orlovskis) augu kaitēkļu un slimību, kā arī ĢMO datu ievākšanā

N.p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri
	NATURA 2000 MONITORINGS	
5	Bezmugurkaulnieki	
5.1.	Gliemenes	Populācijas lielums.
5.2.	Gliemeži	Populācijas lielums.
	Māņskorpions	Populācijas lielums.
5.3.	Spāres	Populācijas lielums.
5.4.	Saproksilofāgās vaboles	Populācijas lielums.
5.5.	Ūdensvaboles	Populācijas lielums.
5.6.	Dienastauriņi	Populācijas lielums.
5.7.	Naktstauriņi	Populācijas lielums.
JAUNS	Nematodes	Simptomu un bojājumu intensitāte, areāls, saimniekaugu specifitāte, populācijas izmērs, molekulārie dati par pārnēsātajiem fitopatogēniem Sniedz informāciju par savvaļas augu rezervuāriem, saimniekaugu spektru lauksaimniecībā bīstamajiem kaitēkļiem
JAUNS	Augu kukaiņu kaitēkļi, piem., - Diptera - Coleoptera - Hymenoptera - Heteroptera - Homoptera	
JAUNS	Labvēlīgie kukaiņi bioloģiskajā kontrolē	Plēsēju, parazītoīdlapseņu u.c. populācijas dinamika
6	Augi	Populācijas lielums.
6.1.	Metodikas pilnveidošana	
7	Biotopi	Biotopu kvalitātes izmaiņas.

N.p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri
7,1	Jāizskaitļo pilnvērtīgs transekšu pārklājums, tā, lai būtu iespējams iegūt reprezentatīvus daus par katra biotopa stāvokli katrā N2000 teritorijā.	
7.2 PAPILDINĀTS	Kopā ar fona monitoringa metodikas izstrādi metodika jāpapildina ar Lietussargsugu metodiku	Agroekosistēmu klasifikātors, audzēto kultūru dinamikas dati līdzās savvaļas biotopiem
7,3	Algoritmu izstrāde datu automatizētai apstrādei N2000 datu formas vajadzībām un kopsavilkumu viedošanai	
6.8.	Biotopu platību uzraudzība	Biotopu platību izmaiņas.
	FONA MONITORINGS	
JAUNS	Augu vīrusi	Simptomi, saimniekaugu sugu diapazons, molekulārās identifikācijas metodes sastopamības un kopējā titra noteikšanai
JAUNS	Fitopatogēnās baktērijas	
JAUNS	Fitopatogēnās sēnes	
4	Bezmugurkaulnieki	
4.1.	Nakts tauriņi	Sugu sastopamība (klātbūtne) un katrai sugai konstatētais īpatņu skaits.
4.2.	Dienas tauriņi	Sugu sastopamība (klātbūtne) un katrai sugai konstatētais īpatņu skaits.
4.3.	Spāres	Sugu sastopamība (klātbūtne) un katrai sugai konstatētais īpatņu skaits.
4.4.	Virsaugsnes fauna	Sugu sastopamība (klātbūtne) un katrai sugai konstatētais īpatņu skaits.
JAUNS	Augu kukaiņu un zirnekļveidīgo kaitēkļi	Svarīgāko kaitēkļu - laputis, kukaiņu kāpuri, baltblusiņu, ērcīšu - bojājumu uzskaitē, populācijas lielumi, epidemioloģiskā izplatība un pārnēsāto auga slimību izraisītāju dati
JAUNS	Fitopatogēnās nematodes	Simptomi, saimniekaugu sugu diapazons, molekulārās identifikācijas metodes
6	Biotopi un augi	

N.p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri
6.1.	Jūras un piekrastes biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.2.	Saldūdeņu biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.2.1	Virszemes ūdeņu monitoringa reprezentativitātes atbilstības noskaidrošana IBDMP vajadzībām sadarbībā ar LVĢM	
6.2.2	Ja atbilst, tad: abu programmu integrēšana	
6.3.	Virsjū un krūmāju biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.4.	Zālāju biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.5.	Purvu biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.6.	Iežu atsegumu biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.7.	Mežu biotopu monitorings	Biotopu kvalitātes un platību izmaiņas.
6.7.1	Meža resursu monitoringa reprezentativitātes atbilstības noskaidrošana IBDMP vajadzībām sadarbībā ar MI Silava	
6.7.2	Ja atbilst, tad: abu programmu integrēšana	
JAUNS	Agroekosistēmu monitorings	Platību izmaiņas un audzēto kultūru skaits, dati par augu seku/rotāciju teritorijās.
	SPECIĀLAIS MONITORINGS	
1	Mazais ērglis	Teritoriju aizņemtība un ligzdošanas sekmes.
2	Melnais stārķis	Ligzdu apdzīvotība un ligzdošanas sekmes.
3	Baltais stārķis	Ligzdu apdzīvotība un ligzdošanas sekmes.
4	Lasis	.Blīvums, populācijas demogrāfija
5,1	Migrējošie putni	Skaits, populāciju demogrāfijas rādītāji (dzimums, vecums).
5,2	Migrējošie sikspārņi	Skaits, populāciju demogrāfijas rādītāji (dzimums, vecums).
6	Lielo plēsēju monitorings	Populācijas demogrāfija.
7	Jūras krasta dinamisko procesu mērījumi, augsnes piesārņojums, veģetācijas struktūra, sugu sastāvs	Jūras krasta dinamisko procesu mērījumi, augsnes piesārņojums, veģetācijas struktūra, sugu sastāvs.

N.p.k.	Monitoringa veids	Novērojamie parametri
8	Virsūdens augāja apaugums, makrofitu sabiedrības, biežās perlamutrenes (<i>Unio crassus</i>) un ziemeļu upespērlenes (<i>Margaritifera margaritifera</i>) populāciju demogrāfija	
JAUNS	Pirmās paaudzes ĢMO marķieri	herbicīdu rezistences marķieri, ĢMO 1.0 marķieri
JAUNS	Uzliesmojošas kaitēkļu epidēmijas	Bieži Eiropā rodas slimību uzliesmojumi, kuru epidemioloģiju ārkārtas veidā nepieciešams monitorēt
	ĀRPUSMONITORINGA PASĀKUMI	
1	Ekspertu kvalifikācijas izveidošana un uzturēšana	
2	Vispārējs biotopu kartējums	
3	A17 sugu atlanti 1x20 gados	
4	A17 vadlīniju un pieejamo datu papildus skaidrojumi Latviski	
5	Ziņojumu gatavošana 2019	
6	N2000 datu formu aktualizēšana 2019	
JAUNS	Augu kaitēkļu un patogēnu datubāze	Augu aizsardzības dienesta paspārnē ar publiski pieejamiem metadatiem

3. ĢMO izmantojums un augu-kaitēkļu apkarošana – kas jāiekļauj nākotnes monitoringa vadlīnijās?

3.1. Jaunās paaudzes ĢMO marķieru un kultūru uzskaitījums Latvijas datubāzēs

Jebkuru ĢMO, to skaitā ar CRISPR metodēm izmantoto augu un citu organismu izmantošanu būtu nepieciešams integrēt **11. attēlā** redzamajā vietnē, kur šobrīd parādās ***Bioloģiskās lauksaimniecības sēklu datubāzes piedāvājumu kopsavilkums***. Līdzīgas datu kopas nepieciešams izveidot nākotnē ar pieejamo sēklu materiālu no CRISPR augiem, kas nesatur transgēnu kasetes, kā arī CRISPR gēnu dziņu izmantošanu SIT ietvaros (**sadaļa 1.1; 6.-7. lpp.**).

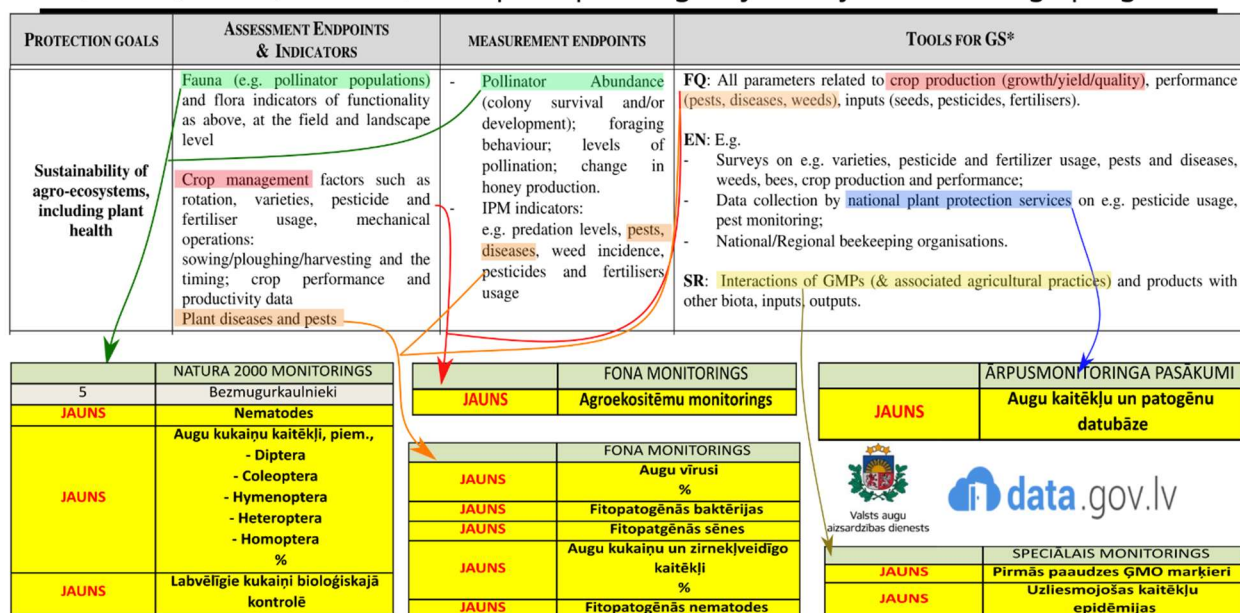
Līdzīgi jaunās paaudzes ĢMO augos un kukaiņos iespējams izmantot labai nekaitīgus un monitoringam ērtākus marķierus, kā piem., fluorescentas molekulas DsRed, ar kuru palīdzību var iezīmēt modificētos indivīdus kā ražotāja tehnoloģiju, kā arī izmantot transgēno sēklu selekcijai un pārbaudei ne tikai pētniecībā, bet arī, piem., muitas kontrolē un sēklu materiāla kvalitātes (piemaisījumu) kontrolē.

3.2. Eiropas ĢMO vadlīniju integrācija Latvijas esošajās monitoringa programmās

European Food Safety Authority (EFSA) vadlīnijas (EFSA, 2011) 4.2.2.2. sadaļā ietver rekomendācijas dalībvalstīs jau esošajiem vispārējiem monitoringa tīkliem iekļaut arī ĢMO monitoringu. **Tabulā 4** apkopotajos Latvijas monitoringa programmās ĢMO monitoringa sadaļa būtu izdalāma zem *Specializēto monitoringu tipa* (**Attēls 12**). Šī monitoringa mērķis ietvertu EFSA *General surveillance* principu, koncentrējās galvenokārt uz pirmās paaudzes ĢMO ar herbicīdu rezistences gēniem vai *cry* proteīnu ietekmi uz ne-mērķa organismiem (EFSA, 2011, Box1). Pēdējais ir īstenojams ar pārējām **Tabulā 4** redzamajām jau esošajām monitoringa programmām, piemēram, bezmugurkaulnieku monitoringu. EFSA *General surveillance* princips ietver arī **Tabulā 4** rekomendēto vispārējo agrosistēmu monitoringu, ievācot informāciju par lauksaimniecības kultūru veidiem, mēslojuma un pesticīdu lietošanu, ražu un augšanas parametriem, slimību un kaitēkļu uzliesmojumiem, to skaitā integrētu datubāžu veidošanu ar publiski pieejamiem jēlajiem un meta-datiem (EFSA, 2014). Uzskatāmībai **Tabulā 4** minēto monitoringa jauninājumu un papildinājumu nepieciešamība un atbilstība EFSA (2011) rekomendācijām ir parādīta **12. attēlā**. Attiecībā uz jaunāko paaudžu CRISPR-bāzēto ĢMO monitoringu, tas būtu iekļaujams Agroekosistēmu monitoringā, lai

nodrošinātu integrētu formāciju par to ietekmi uz kaitēkļu un slimību epidemioloģisko samazinājumu.

EFSA, 2011 (Table1) un EFSA, 2014 principu integrācija Latvijas monitoringa programmās

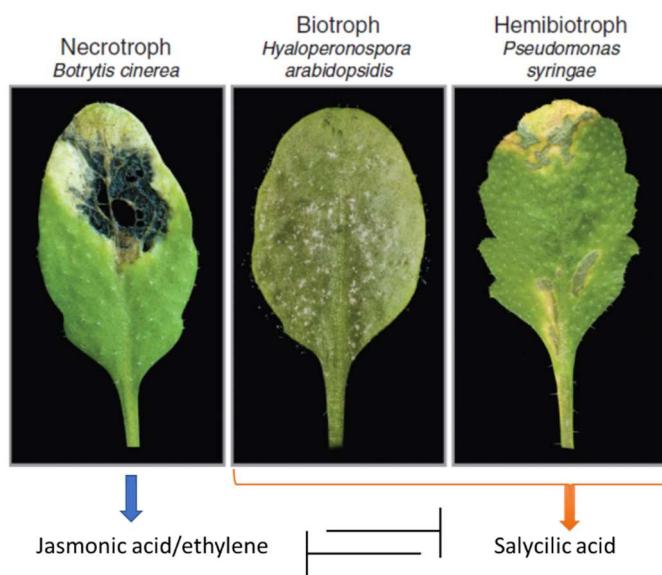


Attēls 12. Tabulā 4 minēto monitoringa programmu jauninājumu un papildinājumu saistība ar EFSA rekomendācijām.

Svarīgs monitoringa aspekts ir nevis pašu ĢMO sastopamības noteikšana, bet monitorings, kā šie organismi mijiedarbojas ar augu kaitēkļiem un labvēlīgajiem mikroorganismiem, to skaitā, vai izmainītās īpašības palielina vai samazina sekundāro infekciju uzliesmojumus un asociācijas ar simbiontiem. Zemāk aplūkoti piemēri ir ĢM augi, kuru izmainītās īpašības pašas par sevi ir pozitīvas tautsaimniecībā – paaugstināta uzturvērtība un produkta īpašības, kā arī noturība pret patogēniem:

- Rapsis GE-CP1 ar samazinātu pākšu izbiršanu;
- Kukurūza GE-FEA3-2 ar lielāku augšanas ātrumu un augstāku ražu;
- Sējas idra (Camelina sativa) GE-BADC ar izmainītu taukskābju un eļļas sastāvu;
- Tīruma naudulis (Thlaspi arvense) GE-FAE1 ar izmainītu taukskābju un eļļas sastāvu.
- Rapsis GE-WRKY70 ar rezistenci pret *Sclerotinia sclerotiorum*;
- Kartupeļi GE-COIL Potato ar rezistenci pret kartupeļu Y vīrusu un izturību pret augsnes sālumu.

Šo CRISPR-Cas editēto kultūraugu gadījumā monitorings nepieciešams labākai zinātniskai izpratnei par to mijiedarbībām ar ne-mērķa organismiem un dažādām kaitēkļu grupām. Piemēram, WRKY70 ir salicilskābes (SA) aktivators un jasmīnskābes (JA) signālceļa supresors. Tā kā dažādas patogēnu grupas augos aktivē SA vai JA ceļus, kas savstarpēji darbojas ir antogoniski (**Attēls 13**) (Pieterse *et al.*, 2009), pastāv iespējamība, ka WRKY70 palielina rezistenci pret nekrotrofu *Sclerotinia sclerotiorum* (Sun *et al.*, 2018), bet potenciāli vairo uzņēmību pret biotrofiem kaitēkļiem. Tāpat WRKY transkripcijas faktori iesaistīti labvēlīgo mikorizas sēņu spējā kolonizēt saknes (Gallou *et al.*, 2012), tāpēc plašāks kaitēkļu un labvēlīgo mikroorganismu populāciju monitorings **12. Attēla** EFSA vadlīniju kontekstā ir nepieciešams uzlaboto NGS1 un NGS2 izmantošanas gadījumā un pat prioritizējams salīdzinājumā ar pašu ĢMO izplatības detekciju.



Attēls 13. Auga patogēni un kukaiņu kaitēkļi izmanto dažādu auga fitohormonu mediēto aizsargceļu mehānismus. Nekrotrofās sēnes un graužējtipa kukaiņi izmanto JA ceļu, bet biotrofi un sūcējtipa kukaiņi SA ceļu. Zināmā hormonu šķērsruna un antagonismi nozīmē, ka, manipulējot ar vienu signālceļu un tā mediēto rezistenci, potenciāli iespējams izmainīt cita signālceļa mediēto rezistenci vai uzņēmību (mod. pēc (Pieterse *et al.*, 2009)).

Secinājums: Latvijas augu kaitēkļu un slimību izraisītāju monitorings (Zemkopības ministrijas, Augu aizsardzības dienesta kompetence) nav vienlīdz attīstīts kā daudzu savvaļas aizsargājamo organismu uzskaitē (Klimata un enerģētikas ministrijas Valsts Vides dienesta kompetence), bet to paredz EFSA vadlīnijas un tam ir milzīga ekonomiskā nozīme, lai izstrādātu efektīvus veidus

kaitēkļu un slimību apkarošanā, kā arī CRISPR tehnoloģiju izmantošanā ilgtspējas veicināšanā nākotnē.

3.2. Latvijas zinātnisko institūciju ekspertīze un tehniskā gatavība monitoringa īstenošanai

Visu ES apstiprināto ĢMO diagnostikas metodes ir aprakstītas ES References Laboratorijas (EURL) GMOMETHODS⁴⁵ vietnē (**Attēls 14A**). Paralēli informāciju par specifisku transgēnu var atrast arī GMO reģistrā ĢMO⁴⁶, kas satur gan visus reģistrētos, gan atceltos produktus (**Attēls 14B**). EUGENIUS⁴⁷ datubāze ir gan šie, gan vēl Eiropā neizmantojamie, bet pasaulē sastopamie ĢMO produkti (**Attēls 14C**), to skaitā arī *Oxitec* SIT moskīti *Aedes aegypti* un informācija par DsRed2 selekcijas marķieri. Pamatā GMOMETHODS skaidri norāda ĢMO detekcijā izmantojamus praimerus un PCR balstītās metodes, to skaitā SYBR vai probes rt-qPCR tehnikas. Izstrādātais *GMOseek*⁴⁸ rīks (Morisset *et al.*, 2014) ļauj prioritizēt vairāku ĢMO marķieru matricas vienlaicīgu amplifikāciju, ievērojami atvieglojot skrīninga laiku un izmaksas. Šis rīks vēl nav sajūgts ar EUGENIUS datubāzi, tāpēc operē ar salīdzinoši nelielu skaitu ĢMO notikumu.

Tā kā papildus PCR ĢMO detekcijā var tikt izmantotas arī citas iekārtas un metodes (pēc Kamle *et al.*, 2017), tad **Tabulā 5** izveidots pārskats par šo metožu izmantošanu un pieejamību eksperta pārstāvētajos institūtos – BMC un LU. Svarīgi uzsvērt, ka, lai arī vairums iekārtu ir pieejamas, to **skaits nav pietiekams, lai neatkarīgi nodrošinātu ĢMO skrīningu fona monitoringa vajadzībām**. Zinātniskās aparatūras iespējas tiek maksimāli izmantotas ikdienas pētnieciskajā darbā. Abos zinātniskajos institūtos ir pietiekama zināšanu bāze un metožu pratība, lai spētu veikt jebkuru no **Tabulā 5** minētajām detekcijas metodēm, bet šo zinātnieku un personāla noslodze ir fokusēta uz zinātnisko projektu īstenošanu. Jebkurš fona skrīnings vai diagnostikas darbs prasītu papildus darbinieku noalgošanu un apmācības. Papildus jāmin, ka laboratorijām jābūt atbilstīgām ISO/IEC 17025 standartam⁴⁹, kas prasa papildus izmaksas sertifikāta ieguvei. ĢMO materiāla detekcija prasa pozitīvo kontroļu iekļaušanu, ar ko saistāmas papildus izmaksas šo produktu iegādei no Eiropas komisijas referencētiem

⁴⁵ <https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/>

⁴⁶ https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/gmo-register_en

⁴⁷ <https://euginius.eu/euginius/pages/home.jsf>

⁴⁸ <https://gmoseek.com/>

⁴⁹ <https://www.iso.org/ISO-IEC-17025-testing-and-calibration-laboratories.html>

produktiem⁵⁰. Jaunās paadzes ĢMO materiālu pozitīvās kontroles būtu katram apstiprinātajam produktam specifiskas un ietvertu nevis transgēnu, bet nereti punktveida mutāciju detekciju.

Vairākas metodes, kā piemēram KASP⁵¹ ir ļoti efektīvas, jo var tikt pielāgotas gan amplikonu, gan viena nukleotīda polimorfismu (SNP) detekcijā 96-, 384- un 1536-bedrīšu platēs, apvienojumā ar duālās emisijas fluorescences lasītāju (piem., FAM un ROX signals, kā arī HEX un ROX signals) vai pat vairākiem signāliem, kas atļautu vienlaicīgi detektēt vairākus marķierus. Kā piemēram, BMC pieejamais Quant Studio ViiA 7 system ļauj vienlaicīgi detektēt 6 dažādus fluorescentos marķierus. Eksistē vairākas citas metodes ĢMO identifikācijā, piem., chromatogrāfijas metodes, Near infrared (NIR) un SERS (surface enhanced Raman scattering) spektroskopija vai SPR (surface plasmon resonance), kas ir izmantotas *Bt*, *35S promotera* vai *Nos terminatora* detekcijā, bet ir sarežģītas un netiek izmantotas kā standarta metodes (Kamle *et al.*, 2017).

Secinājums: monitoringa veikšana prasa papildus izmaksas, kas saistītas ar ISO/IEC 17025 standarta iegūšanu, reaģentu iegādi, papildus darbinieku algošanu un papildus aparatūras nodrošinājumu, jo esošās iekārtas tiek maksimāli izmantotas pētniecisko projektu īstenošanas vajadzībām. Šobrīd īstenojams ir pirmās paaudzes ĢMO monitorings, bet NGT1 un NGT2 prasa katrai mutācijai specifisku metožu un pozitīvo kontroļu nodrošinājumu.

⁵⁰ <https://crm.jrc.ec.europa.eu/c/By-analyte-group/GMO-content/40481/>

⁵¹ <https://www.biosearchtech.com/support/education/kasp-genotyping-reagents>

Tabula 5. Dažādas metodes pirmās paaudzes ĢMO detekcijai ietver *T-DNA*, *Bt* proteīnu, *35S* promoteru, *Nos* terminatoru, glifozātu reistences gēnu marķierus. CRISPR nākamās paaudzes ĢMO balstās pārsvarā uz rt-PCR detekcijas metodēm.

Metode	Apraksts	Priekšrocības/ Trūkumi	Pielietojamība	Iekārtas un iespējas BMC vai LU
Fenotipiskās metodes	komerciāli nopērkamu herbicīdi tolerances testēšanai vai kukaiņu testi	Noderīgs jaunu rezistentu šķirņu testēšanai / Prasa augu audzēšanas vietas un speciālas telpas kukaiņu kolonijas audzēšanai, personālu to uzturēšanai	Sēklu partijas rezistences novērtēšanai, Cry1a proteīnu noteikšanai	Siltumnīca (nekontrolēts vasaras klimats) ar lielu noslodzi pētniecībā
Mutāciju specifiski PCR	GMOMETHODS praimeru izmatošana un gela vizualizācija	Zemas izmaksas salīdz. Ar citām PCR metodēm, piemērojams izlases paraugiem, var veikt semi- quantitative / nav laika un izmaksu efektīvs daudz paraugiem	Detektē CaMV 35S: constitutive promoteru, NOS terminatoru, nptII, Ti plasmīdu u.tml.	Pieejami PCR termocikls, gela elektroforēzes aparāts, UV- vizualizācija
Multipleksa PCR	Vairāku mērķgēnu amplifikācija vienā reakcijā,	Izmaksu un laika efektīvs, izmanto GMOSseek rīku, lai prioritizētu marķierus / grūtāk optimizējams atšķirīgu praimeru Tm dēļ	Sāls un sasusuma izturīgiem, kā arī Bt tomātiem, rīsiem, kartupeļiem u.c.	
rt-qPCR un probes	Izmanto SYBR reaģentu vai TaqMan probes, lai specifiski un reālā laikā detektētu amplifikāciju	Kvantitatīvs, jūtīgs un akurāts/ relatīvi dārgāks, īpaši fragmenta- specifiskās probes	Var detektēt ĢMO piemaisījumu lielos sēklu bačos vai paraugos (pooled samples)	Quant Studio versijas 1, 3, Viia7 pieejami
LAMP PCR	Loop-mediated isothermal amplification	Neizmanto termociklu un salīdzinoši	Izmantots 35S, Nos-terminator,	Gela elektroforēzes aparāts, UV-

		specifiska / var atšķirties detekcijas jeb jutības sliekšnis bačos	Adh1 gēna detekcijai	vizualizācija pieejami
KASP	Competitive allele-specific PCR izmanto alēlei specifiskas FAM un HEX fluoporus	Izmaksu efektīva lielā apjomā (multimilj. reakciju) ar termociklu vannām / nepieciešams vispirms izstrādāt allēlei specifiskas probes	Var discriminēt homozigotu un heterozigotu SNPs vai transformācijas, pielietot poliploīdu analīzē, sēklu kvalitātes kontrolē	Quant Studio ViiA7 potenciāli pielāgojams
Southern blot hibridizācija un Southern-by-sequencing	DNS-specifiskas probes (radioaktīvas vai fluorescentas) hibridizācija	Nosaka precīzu insercijas vietu un skaitu genomā, var nosekvenēt no insercijas uz āru/laikietilpīga	Izmanto T-DNA insercijām, ne vairs CRISPR, kas pati ir precīzāka un mērķētāka	Southern blota elektroforēze pieejami
PCR un proteīnu ELISA	Uz absorbcijas izmaiņām balstīta Enzyme-linked immunosorbent assay, kas atpazīst amplikonu vai transgēno proteīnu	Piemērota skrīningam / balstās uz hibridizāciju ar imobilizētiem biotinilētiem PCR produktiem vai nonoklonālajām antivielām, kas prasa specifisku kitu izstrādi.	Piejami kit Cry1C, Cry3A, Cry2A, Cry9C, pat, nptII	Plašu absorbcijas lasītājs pieejams
Immunostrips	Uz ĢMO proteīnu antivielas balstītas kolorimetriskas metodes	Lēti eksprestesti / izveidoti tikai limitētam ĢMO skaitam, antivielas bieži nav specifiskas	Izstrādāti Cry1Ab, Cry1Ac, Cry2Ab, Cp4-EPSPS detekcijai	Netiek izmantoti

4. ĢMO tehnoloģiju izmantošana un monitorings ārpus Eiropas Savienības

Neskatoties uz ĢMO audzēšanas aizliegumu ES, ĢMO kultūraugi tiek plaši audzēti pasaulē (**Attēls 15**). Šobrīd arī 134 ES un Lielbritānijas zinātniskās institūcijas ir apvienojušās EU-SAGE⁵² (*European Sustainable Agriculture through Genome Editing*) tīklā, lai skaidrotu un apkopotu informāciju par perspektīvajām Jaunajām Ģenētiskajām Metodēm (*New*

⁵² <https://www.eu-sage.eu/>

Genomic Techniques (NGT)), kam ir milzīgs potenciāls lauksaimniecībā. EU-SAGE ir apsveicis⁵³ EC 2023. g. preikšlikumus⁵⁴ veicināt ar NGT uzlaboto augu attīstīšanu un lietojumu ES, tās iekļaujot EFSA sertificēto tehnoloģiju klāstā. Šobrīd EU-SAGE sarakstā ir 954 pārsvarā ar CRISPR/Cas uzlabotas kultūraugu kultūras. 206 uzlabotās kultūras demonstrē palielinātu noturību pret biotisko stresu – vīrusu, baktēriju patogēno sēņu uzbrukumu, kā arī augēdājkukaiņu bojājumiem. Nākotnes vīzijā šīs tehnoloģijas būtu jālegitimizē un jāintegrē ES GMO reģistrā un GMOMETHODS caur EURL.



Attēls 15. ĢMO kultūraugu īpatsvars un audzēšanas areāli dažādās pasaules vietās (Abdul Aziz *et al.*, 2022).

Līdzīgi, bet apsteidzot ES, arī Lielbritānijas Valdība ir pieņēmusi jaunu likumdošanu - **Genetic Technology Bill**⁵⁵ -, kura nolūks ir veicināt jaunu ĢMO inovāciju radīšanu un ieviešanu lauksaimniecībā. Šo soli ir spēcīgi atbalstījuši pasaules izcilākie augu zinātnes institūti, piem., John Innes Centre⁵⁶⁻⁵⁷ Noričā. Līdzīgi arī ASV vadošā Salk institūta (Ja Lolla) **Harnessing Plants Initiative**⁵⁸ un pētnieku darbs Max Plank⁵⁹ institūtos ir vērsts uz jaunu, inovatīvu un arvien risku-brīvāku un kontrolējamu CRISPR pielietojumu.

⁵³ https://www.eu-sage.eu/sites/default/files/2024-02/vote_at_the_european_parliament_on_the_NGT_proposal.pdf

⁵⁴ https://food.ec.europa.eu/plants/genetically-modified-organisms/new-techniques-biotechnology_en

⁵⁵ <https://www.gov.uk/government/news/genetic-technology-bill-enabling-innovation-to-boost-food-security>

⁵⁶ <https://www.jic.ac.uk/news/john-innes-centre-welcomes-moves-to-bring-gene-edited-crops-to-market/>

⁵⁷ <https://www.jic.ac.uk/press-release/john-innes-centre-responds-to-new-legislation-for-gene-editing-research-in-plants/>

⁵⁸ <https://www.salk.edu/harnessing-plants-initiative/>

⁵⁹ <https://www.mpg.de/19699730/1221-mopf-graftingmobilerna-149640-x>

ISAAA globālā datubāze satur ĢMO augus, kas nav iekļauti ES GMO Register. Šī datubāze ir cieši saistīta ar OECD BioTrack Product⁶⁰ Datubāzi. Lai arī šīs datubāzes nesatur detalizētu informāciju par praimeru dizainu vienkārši saprotamai detekcijai kā EURL GMFF references laboratorijā, tiek sniegta saite uz individuālu valstu standartiem ĢMO uzraudzībā (**Attēls 16**). Kā attēlotajā piemērā ar modificēto sējas lucernu (*Medicago sativa* KK179), iespējams iepazīties ar apstiprinājuma formu Jaunzēlandes Pārtikas Standartu Aģentūrā⁶¹ un tālākām vispārējām ĢMO vadlīnijām šajā valstī - FSANZ Application Handbook (FSANZ, 2011). Jaunzēlandes politikas dokumenti paredz katra jaunā ĢMO produkta *Izmaksu/leguvumu* izsvēršanu, uz kā pamata tiek pieņemti lēmumi, kā zema lignīna satura KK179 atļaušana izmantošanai dzīvnieku barībā, neapstiprinot nekādas būtiskus draudus videi un barības ķēdei⁶².

Secinājums: jaunās paaudzes ĢMO izmantošana Eiropā ir atbalstāma konkurētspējas, vides drošības un veselīgas pārtikas nodrošināšanā; monitoringa programmas šīs tehnoloģijas izmantošanas kontekstā tiek integrētas ar agroekosistēmu izmantošanas, ražas datu, kaitēkļu un slimību efektīvāku monitoringu, lai palīdzētu izstrādāt jaunas kultūras ar molekulārām metodēm un novērtētu to efektivitāti kaitēkļu rezistencē.

⁶⁰<https://biotrackproductdatabase.oecd.org/default.aspx>

⁶¹ <https://www.foodstandards.gov.au/sites/default/files/food-standards-code/applications/Documents/A1085-GM-AppR.pdf>

⁶² <https://www.foodstandards.gov.au/food-standards-code/applications/A1085>

GM Crop Events List (614 Events)

Event Name and Code	Trade Name
Alfalfa - <i>Medicago sativa</i> : 5 Events	
Name: J101 Code: MON-00101-8	Roundup Ready™ Alfalfa
Name: J101 x J163 Code: MON-00101-8 x MON-00163-7	Roundup Ready™ Alfalfa
Name: J163 Code: MON-00163-7	Roundup Ready™ Alfalfa
Name: KK179 Code: MON-00179-5	HarvXtra™

Basic Genetic Modification

Gene Introduced	Gene Source	Product	Function
ccomt (inverted repeat)	<i>Medicago sativa</i> (alfalfa)	dsRNA that suppresses endogenous S-adenosyl-L-methionine: trans-caffeoyl CoA 3-O-methyltransferase (CCOMT gene) RNA transcript levels via the RNA interference (RNAi) pathway	reduces content of guaiacyl (G) lignin
nptII *	<i>Escherichia coli</i> Tn5 transposon	neomycin phosphotransferase II enzyme	allows transformed plants to metabolize neomycin and kanamycin antibiotics during selection

* : Selection Marker/Reporter



Product Database	MON-00179-5
Home page	Transformation Event
Disclaimer	Trade Name
	Applicant
	Organism Common Names
	Organism Scientific Names
	Centre of Origin and Diversity
	Food and Feed Safety Issues
	Methods for safe handling
	Additional Information
	Traits
	Genes



Australia				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
May 01, 2014	Food	Food Standards Australia New Zealand	A1085	A1085
Canada				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
October 06, 2014	Feed	Canadian Food Inspection Agency - Animal Feed Division	DD2014-106	
September 24, 2014	Food	Health Canada - GM Foods and Other Novel Foods	Health Canada 2014-09-24	
October 31, 2014	Unconfined Release	Canadian Food Inspection Agency - Plant Biosafety Office	DD2014-106	
Mexico				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
March 05, 2014	Processing	The Federal Commission for the Protection against Sanitary Risk - COFEPRIS (Secretary of Health)		
March 05, 2014	Food and Feed	The Federal Commission for the Protection against Sanitary Risk - COFEPRIS (Secretary of Health)		
Republic of Korea				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
May 06, 2015	Feed	Rural Development Administration (RDA)		
March 02, 2016	Food	Ministry of Food and Drug Safety		
Viet Nam				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
December 16, 2020	Feed	Ministry of Agriculture and Rural Development		
Argentina				
Date of approval	Type of use	Authority	Decision	Risk assessment Methods for detections-Reference materials
June 07, 2018	Cultiv and Food and Feed	Ministry of Agriculture, Livestock and Fisheries (MAGyP)	AR33	

Attēls 16. ISAAA globālā datubāze sniedz pasaulē izmantoto ĢMO sarakstu, kā attēlotajā piemērā ar sējas lucernu (*Medicago sativa*). Katram transformācijas gadījumam pieejama informācija par izmainītajiem gēniem. Savienotajā *BioTrack* datubāzē iespējams aplūkot konkrētā ĢMO pavaddokumentus (ieskaitot diagnostikas metodi) kādā valstī, kas reģistrējusi ĢMO izveidotāja pieprasījumu.

Izmantotās literatūras un avotu saraksts:

1. Abdul Aziz M, Brini F, Rouached H, Masmoudi K. 2022. Genetically engineered crops for sustainably enhanced food production systems. *Frontiers in Plant Science* 13: 1027828.
2. Alvarado-Ramos K, Bravo-Nunez Á, Halimi C, Maillot M, Icard-Vernière C, Forti C, Preite C, Ferrari L, Sala T, Losa A, *et al.* 2024. Improving the antinutritional profiles of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) moderately impacts carotenoid bioaccessibility but not mineral solubility. *Scientific Reports* 14: 11908.
3. Álvarez-Alfageme F, Devos Y, Camargo AM, Arpaia S, Messéan A. 2022. Managing resistance evolution to transgenic *Bt* maize in corn borers in Spain. *Critical Reviews in Biotechnology* 42: 201–219.
4. Bier E. 2022. Gene drives gaining speed. *Nature Reviews Genetics* 23: 5–22.
5. Bouis HE, Saltzman A. 2017. Improving nutrition through biofortification: A review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. *Global Food Security* 12: 49–58.
6. Broughton WJ, Hernández G, Blair M, Beebe S, Gepts P, Vanderleyden J. 2003. Beans (*Phaseolus* spp.) – model food legumes. *Plant and Soil* 252: 55–128.
7. Bugaeva EN, Voronina MV, Vasiliev DM, Lukianova AA, Landyshev NN, Ignatov AN, Miroshnikov KA. 2021. Use of a Specific Phage Cocktail for Soft Rot Control on Ware Potatoes: A Case Study. *Viruses* 13: 1095.
8. Busi R, Powles SB. 2016. Transgenic glyphosate-resistant canola (*Brassica napus*) can persist outside agricultural fields in Australia. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 220: 28–34.
9. Camargo AM, Andow DA, Castañera P, Farinós GP. 2018. First detection of a *Sesamia nonagrioides* resistance allele to *Bt* maize in Europe. *Scientific Reports* 8: 3977.
10. DeFrancesco L. 2013. How safe does transgenic food need to be? *Nature Biotechnology* 31: 794–802.
11. EFSA. 2011. Guidance on the Post-Market Environmental Monitoring (PMEM) of genetically modified plants. *EFSA Journal* 9: 2316.
12. EFSA. 2014. Scientific Opinion on the use of existing environmental surveillance networks to support the post-market environmental monitoring of genetically modified plants. *EFSA Journal* 12: 3883.

13. Farinati S, Draga S, Betto A, Palumbo F, Vannozzi A, Lucchin M, Barcaccia G. 2023. Current insights and advances into plant male sterility: new precision breeding technology based on genome editing applications. *Frontiers in Plant Science* 14: 1223861.
14. Farinós GP, Hernández-Crespo P, Ortego F, Castañera P. 2018. Monitoring of *Sesamia nonagrioides* resistance to MON 810 maize in the European Union: lessons from a long-term harmonized plan. *Pest Management Science* 74: 557–568.
15. Gaj T, Gersbach CA, Barbas CF. 2013. ZFN, TALEN, and CRISPR/Cas-based methods for genome engineering. *Trends in Biotechnology* 31: 397–405.
16. Gallou A, Declerck S, Cranenbrouck S. 2012. Transcriptional regulation of defence genes and involvement of the WRKY transcription factor in arbuscular mycorrhizal potato root colonization. *Functional & Integrative Genomics* 12: 183–198.
17. Gilbert MK, Majumdar R, Rajasekaran K, Chen Z-Y, Wei Q, Sickler CM, Lebar MD, Cary JW, Frame BR, Wang K. 2018. RNA interference-based silencing of the alpha-amylase (amy1) gene in *Aspergillus flavus* decreases fungal growth and aflatoxin production in maize kernels. *Planta* 247: 1465–1473.
18. González-Romero ME, Rivera C, Cancino K, Geu-Flores F, Cosio EG, Ghislain M, Halkier BA. 2021. Bioengineering potato plants to produce benzylglucosinolate for improved broad-spectrum pest and disease resistance. *Transgenic Research* 30: 649–660.
19. Hasan N, Choudhary S, Naaz N, Sharma N, Laskar RA. 2021. Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* 19: 128.
20. Helm M, Qi M, Sarkar S, Yu H, Whitham SA, Innes RW. 2019. Engineering a Decoy Substrate in Soybean to Enable Recognition of the Soybean Mosaic Virus NIa Protease. *Molecular Plant-Microbe Interactions*® 32: 760–769.
21. Husaini AM, Sohail M. 2018. Time to Redefine Organic Agriculture: Can't GM Crops Be Certified as Organics? *Frontiers in Plant Science* 9: 423.
22. Husaini AM, Sohail M. 2023. Robotics-assisted, organic agricultural-biotechnology based environment-friendly healthy food option: Beyond the binary of GM versus Organic crops. *Journal of Biotechnology* 361: 41–48.

23. Husaini AM, Sohail M. 2024. Agrochemical-free genetically modified and genome-edited crops: Towards achieving the United Nations sustainable development goals and a 'greener' green revolution. *Journal of Biotechnology* 389: 68–77.
24. Jomas S. Zināšanu ietilpīga bioekonomika.
25. Kamle M, Kumar P, Patra JK, Bajpai VK. 2017. Current perspectives on genetically modified crops and detection methods. *3 Biotech* 7: 219.
26. Khan Z, Midega C, Pittchar J, Pickett J, Bruce T. 2011. Push—pull technology: a conservation agriculture approach for integrated management of insect pests, weeds and soil health in Africa: UK government's Foresight Food and Farming Futures project. *International Journal of Agricultural Sustainability* 9: 162–170.
27. Koch A, Wassenegger M. 2021. Host-induced gene silencing – mechanisms and applications. *New Phytologist* 231: 54–59.
28. Krinsky S. 2023. GMOs and Sustainable Agriculture. In: Valdés E, Lecaros JA, eds. *Handbook of Bioethical Decisions. Volume I: Decisions at the Bench*. Cham: Springer International Publishing, 763–774.
29. Labbé J, Muchero W, Czarnecki O, Wang J, Wang X, Bryan AC, Zheng K, Yang Y, Xie M, Zhang J, *et al.* 2019. Mediation of plant–mycorrhizal interaction by a lectin receptor-like kinase. *Nature Plants* 5: 676–680.
30. Lacombe S, Rougon-Cardoso A, Sherwood E, Peeters N, Dahlbeck D, van Esse HP, Smoker M, Rallapalli G, Thomma BPHJ, Staskawicz B, *et al.* 2010. Interfamily transfer of a plant pattern-recognition receptor confers broad-spectrum bacterial resistance. *Nature Biotechnology* 28: 365–369.
31. Lu Y, Wu K, Jiang Y, Xia B, Li P, Feng H, Wyckhuys KAG, Guo Y. 2010. Mirid bug outbreaks in multiple crops correlated with wide-scale adoption of Bt cotton in China. *Science (New York, N.Y.)* 328: 1151–1154.
32. Lucht JM. 2015. Public Acceptance of Plant Biotechnology and GM Crops. *Viruses* 7: 4254–4281.
33. Morisset D, Novak PK, Zupanič D, Gruden K, Lavrač N, Žel J. 2014. GMOseek: a user friendly tool for optimized GMO testing. *BMC Bioinformatics* 15: 1–13.
34. Neve P. 2018. Gene drive systems: do they have a place in agricultural weed management? *Pest Management Science* 74: 2671–2679.

35. Nicolia A, Manzo A, Veronesi F, Rosellini D. 2014. An overview of the last 10 years of genetically engineered crop safety research. *Critical Reviews in Biotechnology* 34: 77–88.
36. Ning Y, Wang G-L. 2018. Breeding plant broad-spectrum resistance without yield penalties. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115: 2859–2861.
37. Oberhofer G, Johnson ML, Ivy T, Antoshechkin I, Hay BA. 2024. Cleave and Rescue gamete killers create conditions for gene drive in plants. *Nature Plants* 10: 936–953.
38. Oerke E-C. 2006. Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science* 144: 31–43.
39. Paarlberg R. 2009. *Starved for Science: How Biotechnology Is Being Kept Out of Africa*. Harvard University Press.
40. Paarlberg R, Smyth SJ. 2023. The cost of not adopting new agricultural food biotechnologies. *Trends in Biotechnology* 41: 304–306.
41. Pellegrino E, Bedini S, Nuti M, Ercoli L. 2018. Impact of genetically engineered maize on agronomic, environmental and toxicological traits: a meta-analysis of 21 years of field data. *Scientific Reports* 8: 3113.
42. Pieterse CMJ, Leon-Reyes A, Van der Ent S, Van Wees SCM. 2009. Networking by small-molecule hormones in plant immunity. *Nature Chemical Biology* 5: 308–316.
43. Pitino M, Coleman AD, Maffei ME, Ridout CJ, Hogenhout SA. 2011. Silencing of Aphid Genes by dsRNA Feeding from Plants (ACC Wilson, Ed.). *PLoS ONE* 6: e25709.
44. Qi W, Zhu T, Tian Z, Li C, Zhang W, Song R. 2016. High-efficiency CRISPR/Cas9 multiplex gene editing using the glycine tRNA-processing system-based strategy in maize. *BMC biotechnology* 16: 58.
45. Raban R, Marshall JM, Hay BA, Akbari OS. 2023. Manipulating the Destiny of Wild Populations Using CRISPR. *Annual Review of Genetics* 57: 361–390.
46. Rasheed A, Gill RA, Hassan MU, Mahmood A, Qari S, Zaman QU, Ilyas M, Aamer M, Batool M, Li H, *et al.* 2021. A Critical Review: Recent Advancements in the Use of CRISPR/Cas9 Technology to Enhance Crops and Alleviate Global Food Crises. *Current Issues in Molecular Biology* 43: 1950–1976.
47. Stewart CN, Halfhill MD, Warwick SI. 2003. Transgene introgression from genetically modified crops to their wild relatives. *Nature Reviews Genetics* 4: 806–817.

48. Sun Q, Lin L, Liu D, Wu D, Fang Y, Wu J, Wang Y. 2018. CRISPR/Cas9-Mediated Multiplex Genome Editing of the BnWRKY11 and BnWRKY70 Genes in *Brassica napus* L. *International Journal of Molecular Sciences* 19: 2716.
49. Tsatsakis AM, Nawaz MA, Tutelyan VA, Golokhvast KS, Kalantzi O-I, Chung DH, Kang SJ, Coleman MD, Tyshko N, Yang SH, *et al.* 2017. Impact on environment, ecosystem, diversity and health from culturing and using GMOs as feed and food. *Food and Chemical Toxicology* 107: 108–121.
50. de Vries J, Wackernagel W. 1998. Detection of nptII (kanamycin resistance) genes in genomes of transgenic plants by marker-rescue transformation. *Molecular & general genetics: MGG* 257: 606–613.
51. Yang L, Machin F, Wang S, Saplaoura E, Kragler F. 2023. Heritable transgene-free genome editing in plants by grafting of wild-type shoots to transgenic donor rootstocks. *Nature Biotechnology* 41: 958–967.
52. Zhang Y, Malzahn AA, Sretenovic S, Qi Y. 2019. The emerging and uncultivated potential of CRISPR technology in plant science. *Nature Plants* 5: 778–794.
53. Zhou X, Liao H, Chern M, Yin J, Chen Y, Wang J, Zhu X, Chen Z, Yuan C, Zhao W, *et al.* 2018. Loss of function of a rice TPR-domain RNA-binding protein confers broad-spectrum disease resistance. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115: 3174–3179.
54. Zilberman D, Holland TG, Trilnick I. 2018. Agricultural GMOs—What We Know and Where Scientists Disagree. *Sustainability* 10: 1514.

2.9. ĢM augu ietekme uz savvaļas augu populācijām

Sagatavoja Dr. hab. biol. Ģederts Ieviņš

Problēmas pamatojums

Transģēnie kultigēni var nonākt un stabilizēties savvaļā (ferālo populāciju veidošanās) ar tādu pašu mehānismu starpniecību, kas Eiropā aprakstīts daudziem nemodificētiem kultūraugiem un ietver hibridizāciju ar radniecīgiem taksoniem un daļēju atgriešanos savvaļas tipa stāvoklī (Sukopp, Sukopp 1993). Šobrīd ĢM kultūraugi ievērojamā pārsvarā ir vai nu ar herbicīdu izturību vai kaitēkļu rezistenci, vai ar abām šīm īpašībām, tāpēc potenciālā ietekme uz veģetāciju varētu parādīties galvenokārt lauksaimniecības platību tiešā tuvumā, kur tiek izmantotas atbilstošās agrotehnoloģijas. Taču jau tuvākā nākotnē var parādīties augi ar citām izmainītām īpašībām, kas palielina to adaptācijas vai vairošanās spēju. Jebkurā gadījumā, jābūt iespējai izvērtēt gan pašu ĢM augu un/vai to hibrīdu parādīšanos savvaļas ekosistēmās, gan arī to iespējamās ietekmes uz pārējo veģetāciju noteikšanai.

Esošās monitoringa sistēmas un to piemērotības raksturojums

Atbilstoši Vides politikas pamatnostādņēm 2021. – 2027. gadam, savvaļas augu populāciju monitorings tiek veikts Bioloģiskās daudzveidības monitoringa ietvaros. Uz ĢMO uzraudzību vismaz netieši attiecas visi šīs programmas mērķi, bet tiešā veidā šis uzdevums ir ietverts 2. mērķī – "Noteikt dabisko un antropogēno faktoru ietekmi uz novērojamiem biotopiem un sugām", un tā realizācijai izveidots speciālais monitorings, kurā ietverti arī lineārie biotopi (upju straujtecēs un jūras piekrastē). Tomēr monitoringa realizācijas struktūra ir vairāk vērsta uz reto sugu stāvokļa analīzi. Līdz ar to, speciālā monitoringa sadaļās vislielākā uzmanība pievērsta putniem (6 sadaļas), citiem dzīvniekiem (4 sadaļas), bet 3 sadaļas ir vairāk kompleksas un analizē putnu bioloģiski vērtīgos zālājus, upju straujteses, kā arī, biotopu un sugu dzīvotņu atjaunošanas un apsaimniekošanas pasākumu efektivitāti un ietekmes.

Atbilstoši teorētiskajām nostādņēm, valsts (fona) monitorings nodrošina informāciju par sugu populāciju lieluma un biotopu platību izmaiņu tendencēm Latvijā. Mērķis ir panākt visai valstij reprezentatīvu datu ieguvu, kas veido plašāku izpratni par kompleksām bioloģiskās daudzveidības vērtībām. Reprezentativitāti nodrošina, veicot nejaušu parauglaukumu izvēli pietiekamā skaitā, kas ietver visus Latvijā sastopamos biotopus proporcionāli to sastopamībai.

Izmantotie indikatori ir "skaits" un "klātbūtne". Specifiska daudzveidības parametru analīze netiek veikta. Šī monitoringa ietvaros reģistrē visas sugas, bet ar uzsvāru uz pašreiz aizsargājamām un potenciāli aizsargājamām nākotnē sugām, kā arī, sugām ar augstu bioindikācijas potenciālu. Tādējādi, šis monitorings nodrošina informāciju par (•) sugu populāciju dinamiku, (•) sugu izplatību (tikai putniem), (•) sugu dzīvotņu stāvokli. Principā iespējams vērtēt arī (•) biotopu izplatību un kopplatību, (•) biotopu struktūru, funkcijas un lietussargsugu sastopamību, (•) sugu ģenētisko daudzveidību.

Tomēr fona monitoringa realizācijas struktūrā piecas monitoringa veidu grupas veltītas attiecīgi zīdītāju, putnu, zivju, bezmugurkaulnieku un abinieku un rāpuļu sugu sastopamībai un īpatņu uzskaitēi. Savukārt, augi tikai raksturīgo sugu veidā ietverti kā dažādu biotopu grupu kvalitātes izmaiņu rādītāji (jūras un piekrastes, saldūdeņu, virsāju un krūmāju, zālāju, purvu, iežu atsegumu, mežu biotopu grupas). Atsevišķi ir nodefinēts "Augu monitorings", kura ietvaros jāizvērtē "atradņu skaits un populāciju lielums", kas liek domāt, ka arī šajā gadījumā ir uzsvārs tikai uz konkrētām retajām vai aizsargājamām sugām, kuras atrodas ārpus Natura 2000 teritorijām. Ietverts arī īpaši aizsargājamo biotopu platību monitorings. Papildus tam, ietvertas sadaļas "Meža bioloģiskās daudzveidības monitorings" un "Sabiedriskais monitorings".

Ir redzams, ka agroekosistēmas un ar tām saistītie robežbiotopi (ceļmalas, antropogēnie biotopi u.c.) nav atsevišķi izdalīti valsts (fona) monitoringa sistēmā. Tomēr tieši šīs teritorijas ir visvairāk pakļautas potenciālajai ĢM kultūraugu audzēšanā izmantoto tehnoloģiju ietekmei, piemēram, pret herbicīdiem izturīgo (Roy et al. 2003) vai pret kaitēkļiem izturīgo kultūraugu gadījumā. Esošā pieredze ar ruderālā rapša populāciju iespējamo veidošanos Latvijā un to izplatību liecina, ka šajā kontekstā būtiskākās monitoringa vietas ir transporta koridori (šoseju malas, dzelzceļa teritorijas), kā arī graudu pārkraušanas un pārstrādes uzņēmumiem pieguļošās teritorijas). Ņemot vērā salīdzinoši intensīvo graudu izbiršanu šajās teritorijās, tajās ir arī vislielākā potenciālā iespēja noturīgu ruderālo rapša populāciju izveidei un tālākai izplatībai vai mijiedarbībai ar savvaļas radnieciskajām sugām. Pietrūkst uz faktiem balstīta priekšstata par rapša lauku robežbiotopos notiekošajām mijiedarbībām Latvijā. Kopumā Eiropā ruderālās rapša populācijas ir konstatētas ceļmalās, atkritumu izgāšanas vietās un citās degradētās teritorijās, kā arī, lauksaimniecības platībās ārpus rapša audzēšanas vietām (Canadian Food Inspection Agency 2017). Attiecībā uz citām lauksaimniecības kultūrām, rapsis

tiek uzskatīts par nezāli, jo tas konkurē ar kultūraugiem par ūdeni, barības vielām un gaismu (Thomas 2003). Rapsis var veidot stabilu augšnes sēklu banku, jo ir liela iespēja attīstīties sekundārā miera stāvoklī, ko veicina lielas temperatūras svārstības, tumsa, ierobežota skābekļa pieejamība un osmotiskais stress (Gulden et al. 2004). Gadījumā, ja tiek uzsākta arī citu potenciāli izmainītu kultūraugu audzēšana Latvijā, it īpaši tādu, kurām ir vairāk savvaļas radnieku sugu, šo sugu bioloģijas īpatnību izvērtējums ir būtisks priekšnosacījums to potenciālās vides ietekmes vērtējumā. Tā piemēram, pretēji rapsim, kura savvaļas radnieki lielākoties sastopami cilvēka ietekmētos biotopos, citām augu sugām (piemēram, tādām, kuras raksturīgas pļavu biotopiem), būtu jāprecizē konkrētie mērķa biotopi.

Principā, tā kā ārpus lauksaimniecības platībām nonākušie ĢM augi būtu uzskatāmi par svešiem floras elementiem, piemērotākais veids to tiešai detektēšanai varētu būt Invazīvo sugu monitoringa programma. Šobrīd programma ietver sadaļu Augu sugu monitorings, ko veic vienu reizi četros gados, apsekojot 400 parauglaukumus visā Latvijas teritorijā. Tā kā šo monitoringu veic attiecībā uz noteiktām sugām pēc iepriekš izstrādāta saraksta, to varētu papildināt arī ar ĢM augu mērķsugām, ja rastos tāda nepieciešamība.

Kā bāzes līnijas indikatorus iespējamo ĢM augu izraisīto veģetācijas izmaiņu izvērtēšanas gadījumā varētu izmantot klasiskos bioloģiskās daudzveidības indikatorus un atslēgas/indikatoru sugu sastopamību. Tomēr, no praksē realizētās veģetācijas monitoringa sistēmas būtu izmantojamas tikai indikatorsugas, kas var dot izpratni par biotopu izmaiņām, bet ne tieši par daudzveidības izmaiņām. Lai raksturotu iespējamo ietekmi uz daudzveidību, nepieciešama sugu indivīdu izplatības uzskaite, kas tiek veikta tikai īpaši aizsargājamām sugām vai, citos gadījumos, specifisku zinātnisko projektu ietvaros.

Citu projektu rezultātu iespējamā izmantošana

Veģetācijas uzskaite ar dažādiem zinātniskajiem un praktiskajiem mērķiem tiek regulāri veikta dažādu projektu ietvaros, kuru realizācijā iesaistīts Latvijas Dabas fonds un citas institūcijas. Šādu pētījumu mērķis lielākoties ir kādas atsevišķas retās sugas populācijas stāvokļa izpēte, vai arī noteiktas biotopu grupas platības un stāvokļa identifikācija. Tā piemēram, t.s. Dabas skaitīšanas projekta ietvaros pēc ierobežota indikatorsugu skaita inventarizēja Eiropas nozīmes aizsargājamās biotopus.

Secinājumi

- Savvaļas augu populācijas Latvijā tiek daļēji izvērtētas tikai īpaši aizsargājamām sugām.
- Netiek pielietoti klasiskās bioloģiskās daudzveidības indikatori.
- Biotopu kvalitātes izvērtējums ietver tikai indikatorsugu sastopamības izvērtējumu.
- Kultūraugu ferālo populāciju monitoringu varētu ietvert invazīvo sugu monitoringa programmā.
- Kultūraugu ieviešana, izmantošana un izplatība konkrētās teritorijās tradicionāli ir notikusi haotiski, neveicot iespējamo risku izvērtējumu. ĢM augu piemērs ir pirmais gadījums, kad šāda izvērtēšana tiek veikta. Pēc loģikas, arī ĢM izvērtējums ir plašākas sistēmas sastāvdaļa, kas ietver "augus ar jaunām īpašībām", neņemot vērā to izcelšanās vēsturi.

Izmantotā literatūra:

1. Canadian Food Inspection Agency. 2017. The biology of *Brassica napus* L. (canola/rapeseed). Plant and Biotechnology Risk Assessment Unit Plant Health Science Division, Canadian Food Inspection Agency Ottawa, Ontario. <https://inspection.canada.ca/en/plant-varieties/plants-novel-traits/applicants/directive-94-08/biology-documents/brassica-napus>
2. Gulden R.H., Thomas A.G., Shirtliffe S.J. 2004. Relative contribution of genotype, seed size and environmental to secondary seed dormancy potential in Canadian spring oilseed rape (*Brassica napus*). Weed Res. 44: 97–106.
3. Kjellsson G., Strandberg M. 2001. *Monitoring and Surveillance of Genetically Modified Higher Plants. Guidelines for Procedures and Analysis of Environmental Effects*. Birkhäuser Verlag, Basel-Boston-Berlin.
4. Roy D.B., Bohan D.A., Haughton A.J., Hill M.O., Osborne J.L., Clark S.J., Perry J.N., Rothery P., Scott R.J., Brooks D.R., Champion G.T., Hawes C., Heard M.S., Firbank L.G. 2003. Invertebrates and vegetation of field margins adjacent to crops subjected to contrasting herbicide regimes in the Farm Scale Evaluations of genetically modified herbicide-tolerant crops. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 358: 1879–1898.

5. Sukopp H., Sukopp U. 1993. Ecological long-term effects of cultigens becoming feral and of naturalization of non-native species. *Cell. Mol. Life Sci.* 49, 210–218.
6. Thomas P. 2003. *Canola Growers Manual*. Winnipeg, Canada.

2.10. Nezāļu monitorings

Sagatavoja Dr.agr. Līvija Zariņa

Ģenētiski modificēto organismu (ĢMO) vispārējās uzraudzības monitorings, īpaši attiecībā uz nezālēm, ir būtiska vides riska novērtējuma sastāvdaļa. Šāds monitorings palīdz identificēt un novērtēt iespējamo ĢMO ietekmi ne tikai uz ekosistēmu kopumā, bet arī uz lauksaimniecības praksi. Tas arī palīdz noteikt, vai nav izveidojusies herbicīdu rezistence, kas var rasties, ja ĢMO ir izstrādāti tā, lai būtu noturīgi pret noteiktiem herbicīdiem. Regulāra un precīza monitoringa datu analīze ļauj savlaicīgi konstatēt neatbilstības un veikt nepieciešamos korektīvos pasākumus, lai nodrošinātu ilgtspējīgu lauksaimniecības praksi un aizsargātu bioloģisko daudzveidību.

Lai nodrošinātu savlaicīgu datu iegūšanu un atbilstošu rīcību, ja tiek konstatētas nevēlamas izmaiņas, efektīva nezāļu monitoringa īstenošana prasa mērķtiecīgu sadarbību starp visiem iesaistītajiem – zinātniekiem, lauksaimniekiem un politiķiem. Veicot efektīvu nezāļu monitoringu un analizējot iegūtos rezultātus, iespējams nodrošināt, ka ĢMO kultūru audzēšana ir ilgtspējīga un minimāli ietekmē apkārtējo vidi, kā arī sniegt savlaicīgu informāciju politikas veidotājiem un lauksaimniekiem par nepieciešamajiem pasākumiem. Vispārīgā ĢMO uzraudzība ir balstīta uz prasībām, kas ietvertas gan Eiropas Savienības regulās, gan valsts normatīvajos aktos, kas paredz izsniegto atļauju turētājiem regulāri veikt novērojumus un sniegt atskaites kompetentajām iestādēm. Uzraudzību organizē kompetentas iestādes – PVD vai VARAM, sadarbojoties ar zinātniskajām un pētniecības institūcijām.

Termini

Herbicīdu tolerance ir auga spēja izturēt vai pārdzīvot herbicīdu lietošanu, kas parasti iznīcinātu konkrētu augu sugu. Šāda tolerance var būt dabīga vai iegūta (pēc ģenētiskās modifikācijas vai ilgstošas herbicīdu lietošanas).

Herbicīdu rezistence (HR)(No agronomiskā viedokļa) - auga iedzimta spēja izdzīvot un vairoties pēc tādas herbicīda devas iedarbības, kas parasti ir letāla tās pašas sugas savvaļas tipa augam⁶³.

⁶³ <https://doi.org/10.1016/j.tig.2013.06.001>

Monitorings (no angļu *monitoring* 'uzmanīšana, novērošana') – apkārtējās dabasvides stāvokļa novērošanas, kontroles, analīzes un prognozēšanas sistēma⁶⁴.

Nezāļu monitoringa iespējas saistībā ar vides riska novērtējumu:

1. **Nezāļu sugu sastāva izmaiņu novērtēšana** – regulāra lauku apsekošana (monitorings) palīdz noteikt, vai ĢMO kultūru audzēšana ietekmē nezāļu sugu daudzveidību un dominanci. Izmaiņas nezāļu grupās (kopienās) var norādīt uz ekoloģiskām sekām, kas jāpētī papildus, un var prasīt pat iespējamu iejaukšanos. Monitorings ļauj noteikt, vai, piemēram, herbicīdtolerantie ĢMO augi sekmē noteiktu nezāļu sugu prevalenci, kas var radīt problēmas lauksaimniekiem un ietekmēt kultūraugu ražību.
2. **Nezāļu rezistences attīstības novērošana** – monitorings ļauj noteikt, vai nezāles kļūst izturīgas pret herbicīdiem, kas tiek izmantoti dažādām laukaugu kultūrām. Lai pielāgotu nezāļu apkarošanas stratēģijas un novērstu rezistences izplatīšanos, būtiska ir savlaicīga rezistences identificēšana. Pastāv risks, ka nezāļu sugas var kļūt izturīgas pret vairākiem herbicīdiem, ko izmanto kopā ar ĢMO kultūrām. Šāda krustotā rezistence var radīt jaunas problēmas herbicīdu pielietošanā un prasīt papildu pasākumus nezāļu kontrolei.
3. **Gēnu pārnese riska novērtējums** – gēnu pārnese var radīt jaunas, grūti kontrolējamas nezāļu formas. Tāpēc pētījumi par iespējamo gēnu pārnesi no ĢMO uz savvaļas radniecīgām sugām, t.sk. nezālēm ir svarīgi, lai šo risku novērtētu savlaicīgi.
4. **Ekosistēmas funkciju izmaiņu novērošana** – Nezāļu monitorings palīdz noteikt, vai ĢMO kultūru audzēšana ietekmē ekosistēmas funkcijas, jo īpaši augsnes veselību, apputeksnētāju populācijas, kas ir būtiskas ilgtspējīgai lauksaimniecībai.

Lai veiktu efektīvu nezāļu monitoringu, tiek pielietotas dažādas metodes, piemēram, lauka apsekojumi, augu taksometrija un uzskaitē, augu sugu identificēšana, izmantojot DNS analīzi. Šīs metodes nodrošina precīzu datu iegūšanu un palīdz noteikt iespējamās riska faktorus agrīnā stadijā. Savāktie dati no nezāļu monitoringa tiek apkopoti un analizēti, lai konstatētu iespējamās izmaiņas nezāļu populāciju struktūrā un bioloģiskajā daudzveidībā. Tas ietver arī salīdzinājumu ar teritorijām, kurās ĢMO kultūras netiek audzētas, lai izprastu, vai konstatētās izmaiņas ir saistītas tieši ar ĢMO audzēšanu..Latvijā ĢMO uzraudzību un vides riska

⁶⁴ *Ilustrētā svešvārdu vārdnīca*. Sast. I. Andersone u. c. Rīga: Avots, 2005, 483. lpp.

novērtējumu veic Pārtikas drošības, dzīvnieku veselības un vides zinātniskais institūts "BIOR", kas izveidojis zinātnisko ekspertu komisijas, lai sniegtu zinātniski pamatotus viedokļus par ĢMO drošību un nekaitīgumu, kā arī par to apriņķi Latvijā un Eiropas Savienībā.

Galvenie riski, kas saistīti ar herbicīdu rezistentu (HR) nezāļu veidošanos:

Palielinās izmaksas augkopības produkcijas ražošanai⁶⁵

- lielāks pesticīdu patēriņš (jo notiek atkārtota to lietošana vai lielākas devas vai pāreja uz spēcīgākiem herbicīdiem. Tas ne tikai palielina izmaksas, bet arī rada papildu slogu apkārtējai videi.
- papildus tiek veikta mehāniskā nezāļu kontrole (jo herbicīdi vairs nav efektīvi).

Samazināta audzēto kultūraugu ražība

- HR nezāles bieži ir konkurētspējīgākas attiecībā uz augu augšanas faktoriem
- vērojama ražas kvalitātes samazināšanās (nezāļainības dēļ kultūraugu kvalitāte var pasliktināties, jo tie nesaņem pietiekami daudz resursu pilnvērtīgai augšanai).

Palielinās vides piesārņojums un samazinās bioloģiskā daudzveidība⁶⁶

- Herbicīdu un citu pesticīdu lietošanas palielināšanās var izraisīt to noplūdi ūdenskrātuvēs un augsnē, kas rada ilgtermiņa vides piesārņojumu. Tas var kaitēt vietējām ekosistēmām, samazinot bioloģisko daudzveidību, iznīcinot ne tikai nezāles, bet arī citas augu un dzīvnieku sugas.
- Ilgstoša pesticīdu lietošana var novest pie tā, ka nezāles kļūst izturīgas pret vairākām ķīmikālijām vienlaikus, padarot to kontroli vēl grūtāku un radot nepieciešamību izmantot vēl toksiskākus herbicīdus.

Risks lauksaimniecības ilgtspējībai⁶⁷

- ilgtermiņa augsnes degradācija, jo pastiprināta ķīmikāliju lietošana un intensīva nezāļu kontrole var negatīvi ietekmēt augsnes veselību un struktūru. Tas var samazināt augsnes auglību ilgtermiņā, kas ir būtisks risks ilgtspējīgai lauksaimniecībai.
- t.s. monokultūru sistēmu ievainojamība: Lauksaimniecības sistēmas, kas pārsvarā audzē monokultūras un izmanto vienvērtīgas pieejas nezāļu kontrolei, ir īpaši jutīgas pret herbicīdu rezistentu nezāļu problēmu. Rezistentās nezāles var izplatīties ātri, radot ievērojamas problēmas plašās lauksaimniecības platībās.

⁶⁵ <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0743016716304983>

⁶⁶ <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0167880919301744>

⁶⁷ <https://www.mdpi.com/2073-4395/14/1/126>

Ietekme uz sabiedrību un veselību

- Lielāka herbicīdu lietošana var radīt papildu riskus cilvēku veselībai, jo pesticīdu atlikumi var nonākt pārtikas ķēdē vai piesārņot ūdens resursus.

- Sabiedrības uzticība lauksaimniecības produktiem un tehnoloģijām, kas saistītas ar GMO un intensīvu ķīmikāliju izmantošanu, var samazināties, ja nezāļu rezistences problēmas palielināsies.

Grūtības kontrolēt rezistentās nezāles nākotnē⁶⁸

Kad nezāles kļūst izturīgas pret herbicīdiem, to kontrole kļūst aizvien sarežģītāka. Rezistentas nezāles var izplatīties plašās lauksaimniecības teritorijās, un to apkarošana var prasīt vairākus gadu desmitus, ja netiek atrasti efektīvi kontroles pasākumi.

Starptautiskās herbicīdu rezistentu nezāļu datu bāzes pašreizējais statuss

Pašlaik (uz 31.10.2024.) visā pasaulē ir 533 unikāli gadījumi (suga x iedarbības vieta) ar herbicīdiem rezistentām nezālēm ar 273 sugām (156 divdīgļlapas un 117 viendīgļlapas). Nezāles ir attīstījušas rezistenci pret 21 no 31 zināmās herbicīdu darbības vietas un pret 168 dažādiem herbicīdiem. Ir ziņots par herbicīdiem izturīgām nezālēm 101 kultūrā 72 valstīs⁶⁹.

Nezāļu monitorings Latvijā

Periodiski nezāļu sugu sastāva un to izplatības pētījumi Latvijā ir veikti **kopš 1947. gada**⁷⁰. No 1947. gada līdz 1982. gadam to veica V. Gurskis, A. Rasiņš, M. Tauriņa u. c. pētnieki. **1994. gadā** Latvijas Lauksaimniecības universitātes Laukkopības katedra, LLU Skrīveru zinātnes centrs un Latvijas Valsts Augu aizsardzības centrs uzsāka sadarbību LZP grantu Nr.93.729 "Latvijas Republikas nezāļu izplatība, botāniskais sastāvs, to dinamika un kaitīgums, nezāļainības ierobežošanas un apkarošanas pasākumu optimizācija" ietvaros. Tas deva iespēju turpināt 1947. gadā uzsāktos pētījumus. **1994.-1996. gadā** LLU vadībā, īstenojot projektu „Izstrādāt ekoloģiski pamatotas nezāļu apkarošanas, augsnes apstrādes un kultūraugu maiņas sistēmas agrofitocenožu produktivitātes un augsnes auglības palielināšanai” (Nr.96.0067) Laukkopības katedras pētnieki, sadarbībā ar kolēģiem no LAAPC, veica nezāļu ikgadējas

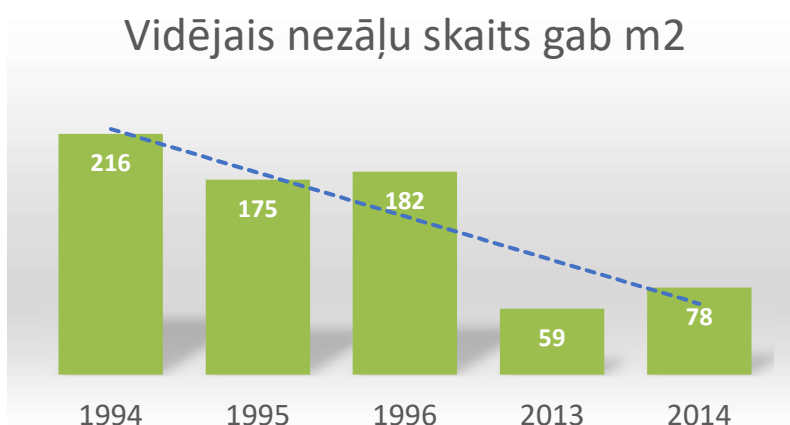
⁶⁸ <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0168945223003515>

⁶⁹ <https://www.weedscience.org/Pages/SOASummary.aspx>

⁷⁰ https://lufb.llu.lv/conference/lidzsvar_lauksaim/2015/Latvia-Lidzsvarota-lauksaimnieciba2015-111-117.pdf

uzskaites Kurzemes un Zemgales novadu saimniecībās. Monitoringa mērķis bija noteikt lauku nezāļainības izmaiņas un veikt to cēloņu analīzi. Kā viens no analīzes secinājumiem tiek akcentēts fakts, ka līdz ar kolektīvā saimniekošanas veida nomaiņu uz privāto krasi atšķiras saimniecību tehniskā nodrošinājuma sastāvs, tāpēc tiek pielietotas krasi atšķirīgas tehnoloģijas lauku kopšanā un, līdz ar to, veidojās *specifiska lauku nezāļainība*.

90-to gadu beigās ievērojami pieauga herbicīdu lietošanas apjomi, palielinājās labību sējumu īpatsvars kopējā sējumu struktūrā un saimniecības diferencējās atkarībā no ražošanas virziena. Šajā periodā tipiski, ka sējumu piesārņotība ar nezālēm samazinājās. (1.att.).



1.att.Sējumu nezāļainības dinamika 20.gs.izskaņā Kurzēmē un Zemgalē

Savukārt Vidzemes reģionā nezāļu monitorings tika veikts Inetas Vanagas promocijas darba

“Nezāļu izplatības dinamika un to ierobežošanas iespējas graudaugos augu maiņā Vidzemē” ietvaros. Pētījumi tika veikti sējumu un augsnes nezāļainības ikgadējās uzskaitēs Vidzemes novadā 5 rajonu: Rīgas, Cēsu, Valkas, Valmieras un Limbažu monitoringa vietās no 1994. līdz 2002. gadam. Tika konstatēts, ka monitoringa vietās, kur augu maiņā kopumā 67% bija graudaugi, tika fiksētas 64 nezāļu sugas, no tām 61 – graudaugos un 39 nezāļu sugu sēklas, no kurām 33 – graudaugos, kā dominējošās noteiktas īsmūža divdīgļlapju nezāles. Vidzemes novada monitoringa vietās dominējošo nezāļu sugu sastāvam netika konstatētas krasas atšķirības salīdzinot ar pārējos Latvijas novados noteikto, bet, salīdzinot ar uzskaites rezultātiem 1947. gadā, konstatēts, ka ziemāju sējumos atsevišķas sugas – parastais kokālis (*Agrostemma githago* L), rudzu lāčauza (*Bromus secalinus* L) vairs nav sastopamas; ievērojami samazinājusies parastā pelašķa (*Achillea millefolium* L), parastās mällēpes (*Tussilago farfara*

L), mazās skābenes (*Rumex acetosella* L), tīruma kosas (*Equisetum arvense* L.) un akļu (*Galeopsis* spp) izplatība, bet tīruma kumelītes (*Tripleurospermum inodorum* L) – palielinājusies. Savā promocijas darbā⁷¹ I. Vanaga veikusi arī Vidzemes novada nezāļu izplatības salīdzinājumu ar pārējiem Latvijas novadiem, kur monitoringu veica LLU mācību spēki (Lapiņš, Bērziņš, Rubenis, 1997; Lapiņš, Bērziņš, Koroļova u.c., 2002). Salīdzinot nezāļu sugu sastopamību graudaugos Vidzemē ar Kurzemē – Zemgalē, netika konstatētas krasas atšķirības. Kā vissastopamākās sugas abos reģionos bija noteiktas: ložņu vārpata (*Elytrigia repens* (L.) Nevski), dārza vējagriķis (*Fallopia convolvulus* (L.) Á.Löve), lauka vijolīte (*Viola arvensis* Murray), parastā virza (*Stellaria media* L), tīruma kumelīte, balandas (*Chenopodium* spp.) un usnes (*Cirsium* spp.). Kurzemes – Zemgales novadu graudaugu sējumos kā viena no visizplatītākajām nezāļu sugām noteikta ķeraiņu madara (*Galium aparine* L), un piesārņojums ar to ik gadus palielinās, turpretī Vidzemes novadā ķeraiņu madara, starp 30 dominējošām nezālēm, ranžējot pēc to sastopamības bija tikai 29 vietā. Kurzemes – Zemgales novadā augsta sastopamība noteikta vējauzai (*Avena fatua* L.), turpretī Vidzemes novada monitoringa vietās šī suga netika konstatēta nevienā no uzskaites gadiem. Austrumlatvijā veikto nezāļu uzskaites rezultāti 1994. – 1996. un 1999. gadā parāda, ka divas izplatītākās nezāļu sugas: ložņu vārpata un tīruma kumelīte bija vissastopamākās arī Vidzemes novada monitoringa vietās. Salīdzinoši biežāk sastopamas noteiktas daudzgadīgās divdīgļlapju nezāles: tīruma mīkstpiene (*Sonchus arvensis* L.) un parastā vībotne (*Artemisia vulgaris* L.), tās tiek minētas starp pirmajām desmit vissastopamākajām sugām graudaugos.

Zināmas iestrādes, apkopojot informāciju par nezāļu sugu sastāvu atsevišķu laukaugu kultūraugu sējumos”, veiktas LZP grantu tēmu ietvaros periodā no 1997. līdz 2000. gadam. (Līg, Nr.Nr. 93.729 projekts „Latvijas Republikas nezāļu izplatība, botāniskais sastāvs, to dinamika un kaitīgums, nezāļainības ierobežošanas un apkarošanas pasākumu optimizācija”, projekta īstenošanā LLU vadībā iesaistījās pētnieki no LAAPC, Valsts Priekuļu LSI, Valsts Stendes GSI). Viens no projekta uzdevumiem bija arī situācijas par iespējamo nezāļu rezistenci pret herbicīdiem (noteiktām darbīgajām vielām) novērtēšana. Šo pētījumu rezultāti sasaucas ar Jāņa Kopmaņa paveikto viņa promocijas darbā “Herbicīdu samazinātu devu ietekme uz vasaras miežu sējumu nezāļainību un nezāļu nākošo paaudzi”(2005.)⁷².

⁷¹ https://llufb.llu.lv/dissertation-summary/plant-protection/Ineta_Vanaga_promocijas_darba_kopsavilkums_2010_LLU_LF.pdf

⁷² https://llufb.llu.lv/dissertation-summary/plant-protection/Janis_Kopmanis_l-a.pdf

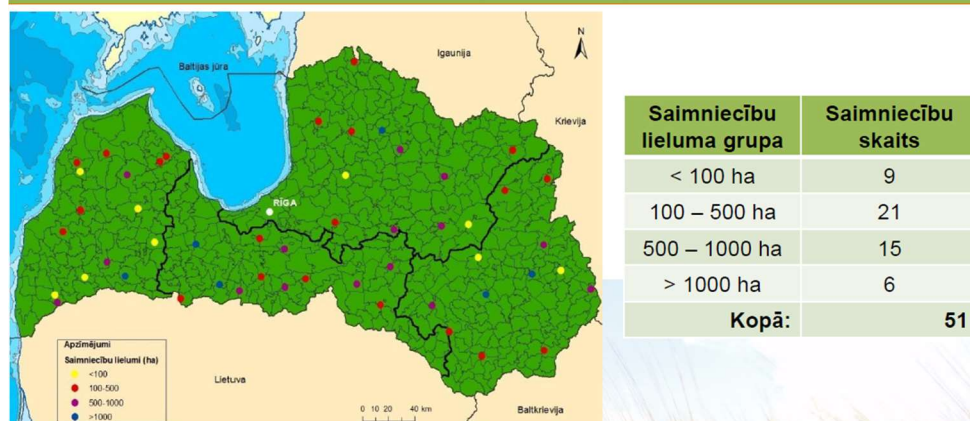
Kā nākamie nezāļu monitoringi Latvijā tika veikti Zemkopības ministrijas atbalstīto Eiropas Lauksaimniecības Fonda lauku attīstībai (ELFLA) projekta „*Nezāļu izplatības ierobežošana integrētās augu aizsardzības sistēmā laukaugu kultūru sējumos un stādījumos, sekmējot vides un resursu ilgtspējīgo izmantošanu*” (2013.-2014. g.)⁷³ un lauksaimniecībā izmantojamā zinātnes projekta „*Ieteikumu izstrāde vējauzas un citu izplatītāko nezāļu sugu ierobežošanas pasākumiem Latvijas apstākļos*” (2015. - 2018. g) ietvaros. Šo projektu īstenošanā iesaistījās visas Zemkopības ministrijas pārraudzībā esošās zinātniskās institūcijas, t.sk. LAAPC (vadošais partneris, monitoringu veica Latgales reģionā), Valsts Priekuļu laukaugu selekcijas institūts (monitoringu veica Vidzemes reģionā), Valsts Stendes graudaugu selekcijas institūts (monitoringu veica Kurzemes Reģionā), LBTU (monitoringu veica Zemgales reģionā⁷⁴) un Skrīveru zinātnes centrs (monitoringam pieslēdzoties Zemgales un Latgales reģionos). Pavisam kopā monitorings tika veikts 306 laukaugu sējumos visā Latvijas teritorijā, apsekojot 51 dažāda lieluma un ražošanas virziena randomizēti izvēlētās saimniecībās (2.att.). Pētījumu mērķis bija analizēt un skaidrot nezāļu sugu sastopamības izmaiņas agrocenozē atkarībā no labību īpatsvara saimniecībā izvēlētajā augu maiņā, priekšaugu un tehnoloģiju izvēles, lai nodrošinātu zinātniski pamatotus secinājumus ieteikumu izstrādei nezāļu ierobežošanai atbilstoši integrētās augu aizsardzības (IAA) principiem ekonomiski nozīmīgāko laukaugu sējumos un stādījumos Latvijā. Monitoringa vietās nezāļu uzskaite veikta pēc A.Rasiņa izstrādātās sastopamības metodes⁷⁵. Uzskaite veikta vienreiz veģetācijas periodā (jūnija III dekāde – jūlija II dekāde), nosakot nezāļu populācijas sastāvu, dominējošās sugas un to izplatības līmeni dažādu laukaugu sējumos un stādījumos. Nezāles pēc iespējas identificētas līdz sugas līmenim, bet, kur tas nebija iespējams, līdz ģints līmenim.

⁷³ Mintāle Z., Vanaga I., Dudele I. (2014). Sējumu nezālainības pētījumi Latvijā.No: Līdzsvarota lauksaimniecība: LLU LF, LAB un LLMZA zinātniski praktiskās konferences Raksti (2014. gada 20.–21. februāris), Jelgava : LLU, 49.–54. lpp.

⁷⁴ Zemgale: https://lufb.llu.lv/conference/lidzsva_rakstu_krajums_2019-28-32.pdf

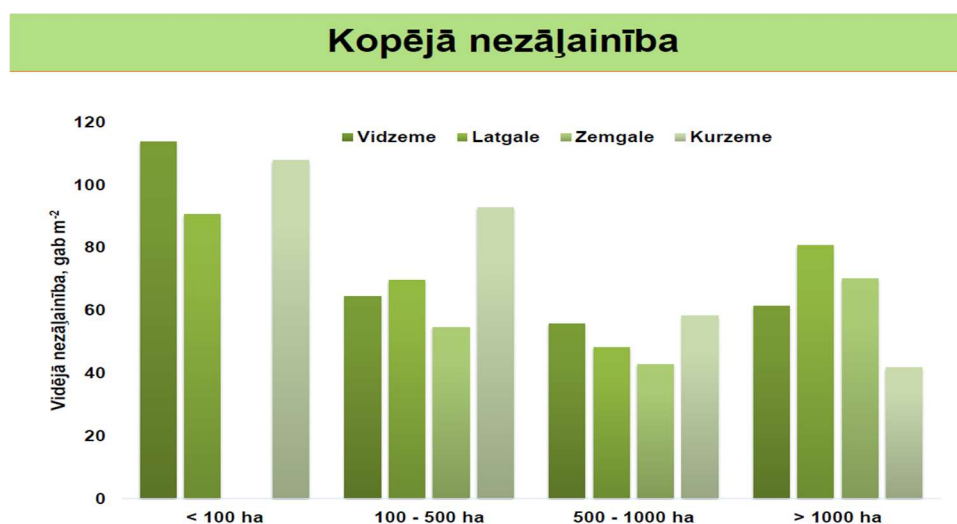
⁷⁵ Rasiņš A., Tauriņa M. (1982). Nezāļu kvantitātes uzskaites metodika Latvijas PSR apstākļos. Rīga: LM ZTIP, 24 lpp.

Nezāļu monitorings veikts 306 laukaugu sējumos un stādījumos visā Latvijas teritorijā



2. att. Monitoringā iekļauto saimniecību skaits pa lieluma grupām

2015.-2017. gados veiktā monitoringa laikā iegūtie dati tika pievienoti datu bāzei⁷⁶, kas tika izveidota iepriekšējā (2013.-2014. g.g.) monitoringa laikā, kas ļāva izsekot nezāļu sugu dinamikai piecu gadu periodā⁷⁷. Iegūtie dati liecināja, ka sējumu nezāļainība lielāka ir platības ziņā mazākajās saimniecībās (3.att.). Kopumā nezāļu mazāk Zemgales reģionā, kas izskaidrojams ar faktu, ka tajā, saskaņā ar datiem monitorēto saimniecību lauku vēsturēs, šajās saimniecībās vairāk tiek lietoti herbicīdi.



3.att. Sējumu nezāļainība atkarībā no saimniecību lieluma vidēji 2013.-2017.g.g.

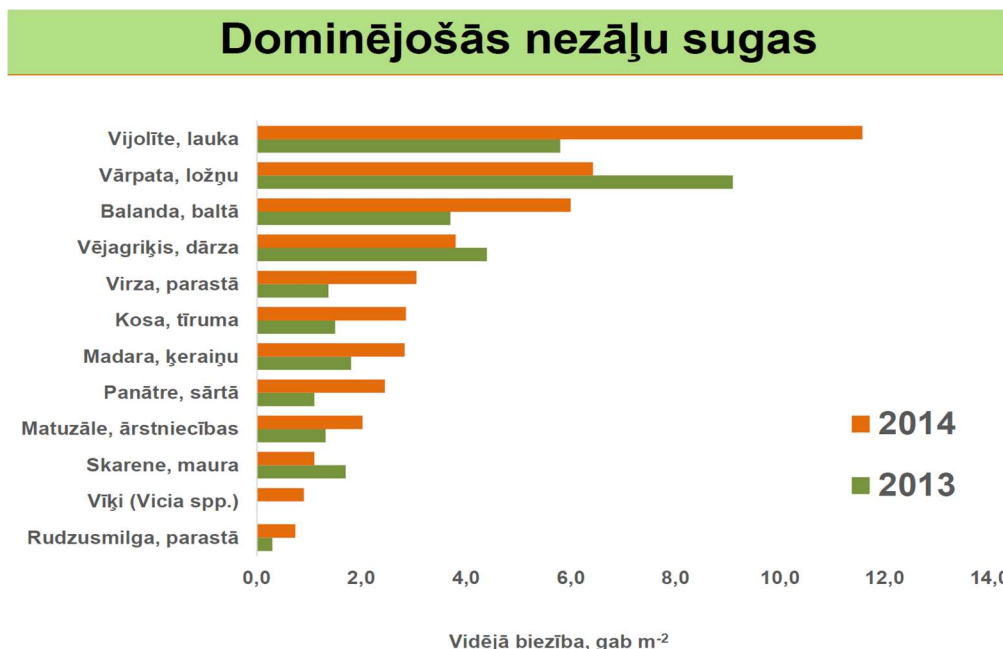
⁷⁶ https://llufb.llu.lv/conference/lidzsva_lauksaim/2016/Latvia-lidzsvarota-lauksaimnieciba201

⁷⁷

<https://www.lbtu.lv/sites/default/files/files/projects/Ieteikumu%20izstr%C4%81de%202018%20gala%20atskaite.pdf>

Visos reģionos visa veida saimniecībās dominēja īsmūža 2-dīgļlapju nezāles. Pēc skaita un sastopamības dominē lauku vijolīte, augsts piesārņojums ar balto balandu (*Chenopodium album* L), dārza vējgriķi un ķeraļu madaru. Ložņu vārpata fiksēta kā dominējošā viendīgļlapju nezāle, tīruma kosa sastopama praktiski visos sējumos visās saimniecību grupās. Tika konstatēts, ka pēdējos 20 gados palielinājies lācauzu ģints nezāļu sastopamība, tāpēc radusies nepieciešamība pēc citiem, piemērotiem herbicīdiem.

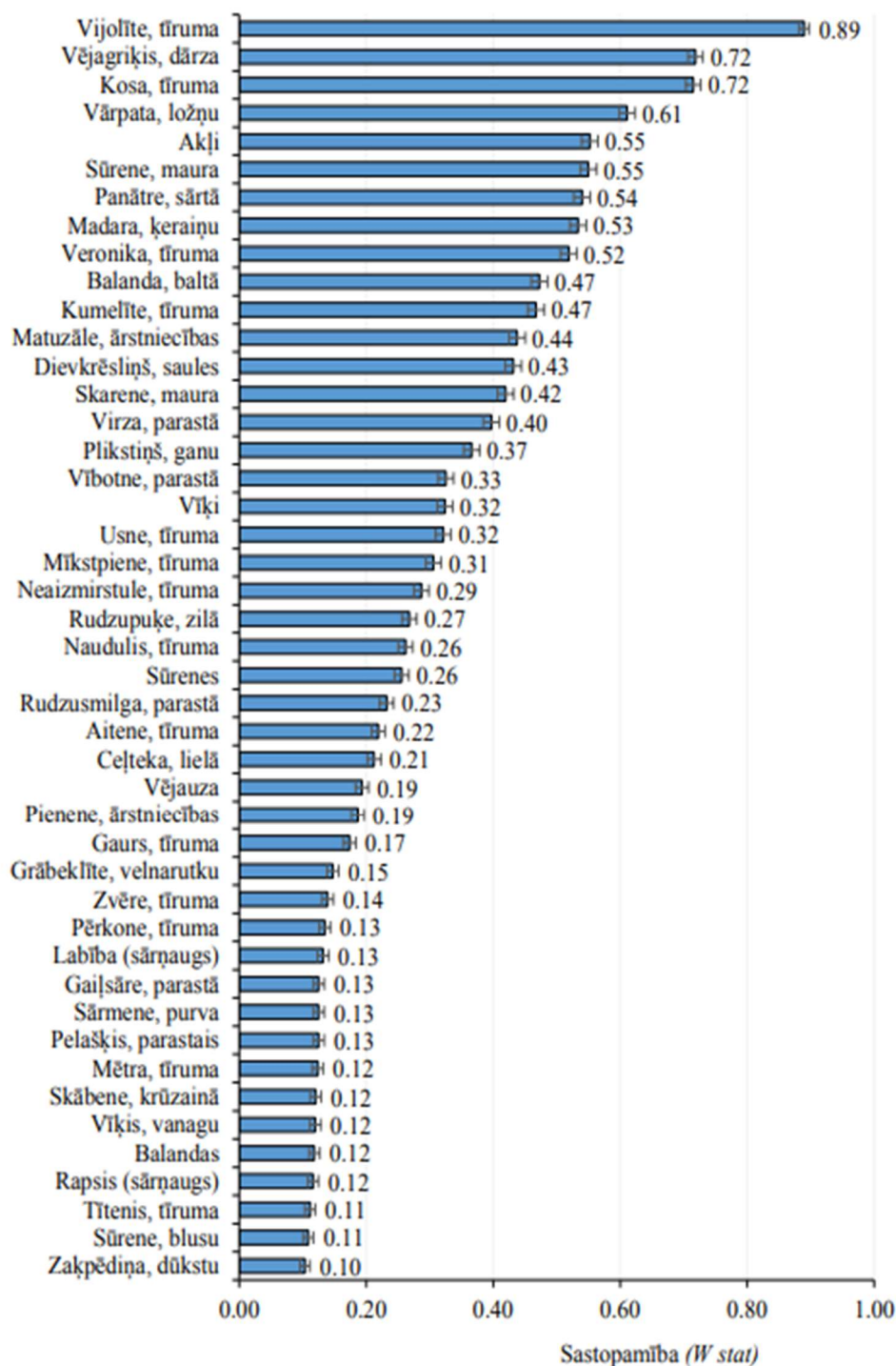
Monitorēšanas periodā iegūtie dati⁷⁸ liecināja, ka, neatkarīgi no saimniecības lieluma, sējumu struktūras un saimniecībā izmantotās tehnikas augsnes apstrādei un sējumu kopšanai, dominējošo nezāļu sugu sastāva izmaiņas ir nelielas (4. att.). Ja pirmajā monitorēšanas periodā sešu izplatītāko nezāļu sugu sastāvā bija lauka vijolīte, ložņu vārpata, baltā balanda, dārza vējgriķis, parastā virza (*Stellaria media* (L.) Vill.) un tīruma kosa, tad, summējot datus no turpmākā monitorēšanas perioda, izplatītāko vidū atkal bija četras no minētajām sešām. Tas norāda uz diviem iespējamiem scenārijiem: vai nu netiek izvēlēts pareizs herbicīds, vai arī tas nav pielietots agronomiski pareizajā laikā (visbiežāk nezāles jau pāraugušas izmēru, kad tās visjūtīgākās vai arī ir jau pamats aizdomēties, ka nezāles pie attiecīgās herbicīda darbīgās vielas jau “pieradušas” (tātad, kļūst rezistentas), kas, attiecīgi, būtu jāpārbauda. Bet, tā kā monitoringi pārtraukti, atbildes ar skaidrojumiem izpaliek.



4.att. Dominējošās nezāļu sugas un to biezība 2013.-2014. gada monitoringā.

⁷⁸ Lapiņš D., Bērziņš A., Koroļova J., Sprincina A. (2002). Nezāļu skaita un sugu sastāva dinamika vasarāju labību sējumos Kurzemē un Zemgalē. No: Agronomijas vēstis, Nr. 4, Jelgava : LLU, 97.–101. lpp

Pēc 2013.-2017. gadu nezāļu monitoringā iegūtajiem rezultātiem **Latvijā no 178 nezāļu sugām vai to ģintīm** sastopamība (W) deviņām sugām bija virs 50% no lauku kopskaita. Būtiski lielāka sastopamība par pārējām sugām bija lauka vijolītei (ar sastopamības līmeni piecos gados 89% no lauku kopskaita). Stablu vietu agrocenozēs ieņem arī dārza vējagriķis un tīruma kosa (72%), ložņu vārpata (61%), akļi (*Galeopsis* spp.) un maura sūrene (*Polygonum arenastrum* Boreau) (55%), sārtā panātre (*Lamium purpureum* L.) (54%), ķeraiņu madara (53%) un tīruma veronika (*Veronica arvensis* L.) (52%). Tika fiksēti arī sārņaugi - rapsis (*Brassica* spp.) (12%) un labība (13%). Šo sugu sastopamība var liecināt par nepietiekamu kultūraugu ražas novākšanas tehnoloģisko kvalitāti. Tipiski, ka labības kā sārņaugi lielākā skaitā sastopamas kultūraugu sējumos pēc labībām. Savukārt tīruma kosas augstā sastopamība (72%) jāuzskata par meliorācijas sistēmu zemo sakārtotības līmeni (5. att).



5. att. Nezāļu sugu sastopamība (vidējais $\pm$ standartklūda) Latvijas monitoringa saimniecību stacionāros uzskaites laukos no 2013. līdz 2017. gadam (*W stat.*- relatīvais nezāļu sugas vai grupas sastopamības indekss no lauku kopskaita)⁷⁹.

79

<https://www.lbtu.lv/sites/default/files/files/projects/Ieteikumu%20izstr%C4%81de%202018%20gala%20atskaite.pdf>

Nezāļu rezistence pret herbicīdiem⁸⁰

Latvijā pētījumus par nezāļu rezistenci pret herbicīdiem veic speciālisti no zinātniskām institūcijām un herbicīdu ražotājfirmu pārstāvji. **Saņemot informāciju par nezālēm, kuras, iespējams, ir rezistentas pret herbicīdiem, tiek veiktas ģenētiskās analīzes vai veģetācijas trauku izmēģinājumi siltumnīcas apstākļos rezistences apstiprināšanai.**

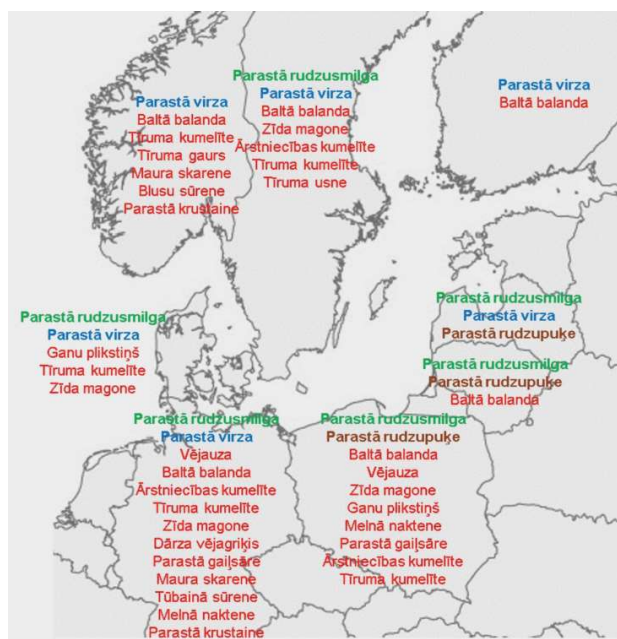
Kas liecina par rezistenci?⁸¹

Jāņem vērā, ka vizuāli rezistenci var konstatēt uz lauka tikai tad, kad vismaz 30 % no attiecīgās sugas populācijas jau ir rezidenta. Ja pēc apstrādes ar herbicīdu viss lauks ir nezāļains (lielā skaitā sastopamas dažādas nezāļu sugas), tad iemesls visticamāk pieļautas agronomiskas/tehniskas kļūdas izpildē. Ja nu tomēr visas citas nezāles ir aizgājušas bojā, bet viena suga, kuru šim herbicīdam vajadzēja ierobežot ļoti labi, tomēr ir izdzīvojusi un turpina vairoties, tas liecina, ka nezāļu sugas nepietiekamās ierobežošanas efektivitātes iemesls tiešām varētu būt rezistence. Vēl viens no rādītājiem, kas varētu liecināt par rezistenci, varētu būt tas, ka līdzās izdzīvojušiem konkrētās sugas augiem atrodami arī bojāgājuši īpatņi.

Latvijā fiksētas trīs herbicīdrezistentas nezāļu sugas. **Parastajai rudzusmilgai** (*Apera spica-venti* L) konstatēta rezistence pret A un B grupas darbīgajām vielām laukos, kur vairākus gadus pēc kārtas lietoti šo grupu herbicīdi. Rezistence apstiprināta veicot veģetācijas trauku izmēģinājumus IdentXX laboratorijā Vācijā. **Parastajai virzai** konstatēta rezistence pret B grupas darbīgajām vielām laukos, kuros ilgstoši lietotas šīs grupas darbīgās vielas un intensīvi audzēti ziemas kvieši. Arī **parastajai rudzupuķei** (*Centaurea cyanus* L) firma Bayer 2017. gadā apstiprinājusi rezistenci pret B grupas darbīgajām vielām laukā, kur ilgstoši lietotas šīs grupas darbīgās vielas. VAAD speciālisti uzsver, ka, ja rezistence pret herbicīdiem ir konstatēta, Latvijai ģeogrāfiski tuvākajās valstīs (ar līdzīgu saimniekošanas intensitāti un augu maiņas struktūru), šo sugu (6.att.) ierobežošanas procesam ir jāpievērš īpaša uzmanība.

⁸⁰ https://old.laapc.lv/wp-content/uploads/2018/05/Rezistence_pret_AAL_web_versija.pdf

⁸¹ Nečajeva, J Nezāļu rezistence pret herbicīdiem, Saimnieks, 21-06-2021



6. Herbicīdrezistentu nezāļu sugu sastopamība Baltijas jūras reģionā

Iepriekš pieminēto pēdējo divu projektu ietvaros monitoringu laikā dažos monitoringa punktos tika novērotas arī pazīmes, kas norādīja uz potenciālu nezāļu rezistenci pret herbicīdiem. Īpašu uzmanību pievērta tieši tām sugām, kurām Latvijā jau iepriekš konstatēta rezistence (parastā rudzuzmilga, parastā virza un parastā rudzupuķe). 2018. gadā ievāca trīs parastās rudzuzmilgas paraugus, divus vējauzas un vienu tīruma kumelītes paraugus laukos, kur šo augu ierobežošana ar herbicīdiem nebija pietiekami efektīva. Potenciāli pret herbicīdiem rezistentās parastās rudzuzmilgas lapu paraugus ievāca Daugavpils novadā divos laukos (7.att.); vienā no tiem bija audzēti vasaras, otrā – ziemas kvieši. Šajos laukos pavasarī veiktā apstrāde ar B grupas darbīgo vielu *Na-metiljodosulfuronu* vai *metiltribenuronu* nebija efektīva parastās rudzuzmilgas ierobežošanā. No lauka paņēma arī atsevišķus augus, lai iegūtu to sēklas laboratorijas apstākļos. No sēklām iegūtajiem augiem arī veica pārbaudi un rezistenci piešķirošām mutācijām. Šādā veidā ir iespējams pārbaudīt, vai rezistence pārmantojas arī nākamajā paaudzē. Vēl vienu parastās rudzuzmilgas sēklu paraugu ievāca ziemas kviešu sējumā Baldones novadā. Lai iegūtu materiālu ģenētiskai analīzei, sēklas diedzēja laboratorijā un ievāca pirmās īstās lapas.



7. Potenciāli herbicīdu rezistentu nezāļu sugu sēklu ievākšanas vietas.

Tīruma kumelītes lapu paraugus ievāca ziemas kviešu sējumā Jelgavas novadā. Vējauzas sēklu paraugus ievāca vasaras kviešu sējumos Baldones novadā un Jelgavas novadā. Lai iegūtu materiālu ģenētiskai analīzei, sēklas diedzēja laboratorijā un ievāca pirmās īstās lapas. Paraugi tika nosūtīti mērķa specifiskās rezistences mutāciju noteikšanai kompānijai IDENTXX (Vācija). Paraugos ar ģenētiskās analīzes metodi pārbaudīja mutācijas, kuras izraisa mērķa specifisko rezistenci pret acetolaktāta sintāzes inhibitoriem (B grupas herbicīdi pēc HRAC klasifikācijas), nosakot aminoskābes nomaiņu divos lokusus (Pro-197 un Trp-574) un AcetisKo-A karboksilāzes inhibitoriem (A grupa pēc HRAC klasifikācijas), nosakot aminoskābes nomaiņu piecos lokusus (Ile-1781; Trp-2027; Ile-2041; Asp-2078; Gly-2096).

Pēc ģenētiskās analīzes rezultātiem, visos Daugavpils novadā ievāktajos parastās rudzusalgas lapu paraugos konstatēja mutācijas, kuras nodrošina mērķa specifisko rezistenci pret B grupas herbicīdiem. Katrā no laukiem vismaz četrus gadus un vienā gadījumā četrus gadus pēc kārtas veica apstrādi ar B grupas darbīgās vielas saturošu herbicīdu. Analīzes, kuras veica no laukā ievāktu augu sēklām iegūtiem augu paraugiem (no abiem laukiem Daugavpils novadā), konstatēja 50% otrās paaudzes augiem tādu pašu mutāciju, kuru konstatēja vecākaugiem. Tas nozīmē, ka šī mutācija pārmantojās un lielai daļai no izdzīvojušo augu pēcnācējiem arī būs raksturīga rezistence pret B grupas herbicīdiem. Mutācija neizpaudās 100% pēcnācēju, jo tā ir heterozigotiskā stāvoklī un var būt pēcnācēji, kuri pārmanto tikai alēles bez mutācijas. Taču, ja laukā turpmāk būs lietoti B grupas herbicīdi, selekcijas process turpināsies un mutācija varēs pāriet homozigotiskā stāvoklī. Pēcnācējiem nekonstatēja mutācijas, kuras piešķir rezistenci pret A grupas herbicīdiem, tātad, tos var izmantot, lai

ierobežotu parasto rudzusmilgu, bet ir nepieciešams mainīt herbicīdus (izmantot produktus ar citām darbīgajām vielām).

Parastās rudzusmilgas un vējauzas paraugos, kurus ievāca Baldones novadā, nekonstatēja mutācijas, kuras piešķir rezistenci pret A vai B grupas herbicīdiem. Abos laukos sešu gadu laika posmā B grupas herbicīdus lietoja tikai divus gadus pēc kārtas graudaugu sējumos. Trīs gadu periodā ik pēc diviem gadiem audzēja galda bietes vai kartupeļus, lietojot citu grupu herbicīdus. Ir jāņem vērā, ka rezistenci pārbaudīja otrās paaudzes augiem, kas nozīmē, ka tie varēja būt īpatņi, kuri nepārmantoja mutantās alēles no vecākaugiem. Tomēr pārbaudīto augu skaits bija pietiekams, lai varētu konstatēt populācijā bieži izplatīto mutāciju. Rezistences novēršanai ir svarīgi, lai herbicīdi, kurus lieto, lai dažādotu darbīgo vielu iedarbības mehānismus, tomēr efektīvi ierobežotu laukā izplatītās nezāles. Nepietiekamai nezāļu ierobežošanas efektivitātei 2018. gadā varēja būt nevis rezistence, bet kāds cits iemesls – augu sadīgšana pēc apstrādes ar herbicīdu (ļoti liela varbūtība vējauzas gadījumā), vai arī nelabvēlīgi apstākļi herbicīda iedarbībai.

1.tabula

Daugavpils novadā apsektajos laukos 2014. - 2018. gadā audzētie kultūraugi, pielietoto herbicīdu darbīgās vielas un to piederība HRAC iedarbības mehānismu klasifikācijas grupām.

Gads	Kultūraugs	HRAC grupa	Darbīgās vielas
Daugavpils novads, 1. lauks			
2018.	Ziemas kvieši	B+B+B;O+B	piroksulams+florasulams + metil-tribenurons; 2.4-D+Na-metiljodosulfurons
2017.	Ziemas kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds
2016.	Ziemas kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds
2015.	Vasaras kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds
2014.	Vasaras rapsis	K3	metazahlor
Daugavpils novads, 2. lauks			
2018.	Vasaras kvieši	O+B;B	metil-halauksifēns+florasulams; metil-tribenurons
2017.	Ziemas kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds
2016.	Ziemas kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds
2015.	Vasaras rapsis	K3	metazahlor
2014.	Vasaras kvieši	B+B+O	piroksulams+florasulams+aminopiralīds

Vējauzas paraugā, ko ievāca Jelgavas novadā, mutācijas pret A vai B grupas herbicīdiem netika konstatētas. Tas var liecināt par to, ka lietoto herbicīdu darbīgo vielu dažādība novērsa rezistences izveidošanos un vējauzas izplatība ir bijusi saistīta ar citiem iemesliem. No otras

puses, nevar izslēgt metaboliskās rezistences^{82, 83} izveidošanās iespējas, kurā gadījumā konkrētās mutācijas arī nebūtu konstatētas. Arī tīrma kumelītes lapu paraugos, ko ievāca Jelgavas novadā, nekonstatēja mutācijas pret B grupas herbicīdiem. Visticamāk herbicīds, ar ko apstrādāja ziemas kviešus šajā gadījumā, nebija efektīvs tīrma kumelītes ierobežošanai.

KOPSAVILKUMS

Nezāļu rezistence pret herbicīdiem ir liela problēma, un prognozes, kuras var atrast zinātniskajos pētījumos, nav iepriecinošas – nezāļu rezistences gadījumu skaits turpina pieaugt. Šī problēma ir īpaši aktuāla, jo tradicionāli pielietotie herbicīdi kļūst mazāk efektīvi, un līdz ar to lauksaimniekiem ir jāpārdomā nezāļu kontroles stratēģijas. Tā kā herbicīdu rezistence rodas, kad nezāļu populācijas tiek atkārtoti pakļautas vienas un tās pašas darbības grupas herbicīdiem, kas veicina izturīgāku nezāļu īpatņu izdzīvošanu un vairošanos, jāpielieto citas nezāļu ierobežošanas stratēģijas. Pamatā tā ir integrētā nezāļu pārvaldība. Praksē jau ir gana daudz metožu, kas spētu nodrošināt efektīgu nezāļu menedžmentu, mazinot spiedienu uz atsevišķām nezāļu sugām. Rezistences izplatība apdraud kultūraugu ražu un paaugstina ražošanas izmaksas, jo lauksaimniekiem ir jāizmanto vairāk resursu nezāļu kontrolei. Viena no efektīvām pieejām, kas tiek analizēta pētījumos, ir dažādu nezāļu apkarošanas metožu apvienošana – piemēram, herbicīdu maiņa, mehāniska nezāļu kontrole, kultūraugu rotācija un dažādu agronomisko metožu pielietošana. Tas var palīdzēt samazināt rezistences attīstības risku un veicināt ilgtspējīgāku lauksaimniecības praksi. Ne visi rezistences gadījumi ir zināmi. Tas nozīmē, ka joprojām aktuāli ir pasākumi, kas vērsti uz rezistences novēršanu, t.sk., herbicīdu aktīvo vielu dažādošanu un arī alternatīvas herbicīdiem: regulāra augu maiņa, izmantot nezāļu apstrādes alternatīvās metodes.

Lai mazinātu vides riskus:

- 1) ir jāatsāk regulāri nezāļu monitoringi, tiem jābūt ilgtermiņa;
- 2) Ir jāveic/jāorganizē aptaujas par herbicīdu efektivitāti saimniecībās;
- 3) Ir vairāk jāskaidro potenciālie GMO un NGT tehnoloģiju aspekti.

⁸² https://old.laapc.lv/wp-content/uploads/2018/05/Rezistence_pret_AAL_web_versija.pdf

⁸³

<https://www.lbtu.lv/sites/default/files/files/projects/Ieteikumu%20izstr%C4%81de%202018%20gala%20atskaite.pdf>

Diemžēl tas, kas valstī līdz šim ir veikts nezāļu monitoringa jomā, nav apkopots. Ir jāatrod resursi šī darba veikšanai, kas ir svarīgi gan no vides risku aspekta, gan no zināšanu un valsts pārvaldības aspekta. Ir jābūt izvērtētai iespējamai neapzinātai ĢMO izplatībai Latvijas vidē, ir jābūt pieejamai informācijai par analīzes rezultātiem, par valstī pieejamām monitoringu programmām, kā arī jābūt izstrādātiem ieteikumiem esošo vides monitoringa programmu un arī sēklu/augu pavairošanas materiāla monitoringa programmas pielāgošanai ĢMO vispārīgās uzraudzības veikšanai saistībā ar vides riska novērtējumu un bāzes līniju noteikšanu.

AREI ir viena no institūcijām, kurā strādā kvalificēti nezāļu eksperti, pārstāvēt trīs Latvijas reģionus – Vidzemi Priekuļu PC, Kurzemi – Stendes PC, Latgali – Viļānu C. Viņu pieredze ĢMO novērtēšanas jomā krājusies kopš GMO problēmas izkristalizēšanās, jo institūta darbības vēsture sākusies vairāk kā pirms 100 gadiem. AREI selekcionāri pārzina augu ģenētiskos pamatprincipus, tāpēc var iesaistīties sabiedrības izglītošanā par GMO un NGT organismiem. Praktiska zinātnisko darbinieku dalība līdz šim veiktajos monitoringos saistīta ar profesionālajām zināšanām. Praktiskajā dzīvē AREI zinātniekiem visai bieži nākas saskarties ar «Aizdomīgo» situāciju analīzi, lūkojoties caur lauku vēsturu prizmu (kopā ar saimniekiem). Tāpat esošās zināšanas tiek papildinātas, piedaloties nezāļu jomai veltītās zinātniski praktiskajās konferencēs.

2.11. Ar gēnu noteikšanas metodēm nosakāmo indikatoru monitorings

Sagatavoja Dr. biol. Lelde Grantiņa-Ieviņa

I. Esošo monitoringa programmu uzskaitījums attiecīgās ekspertīzes jomā:

Vides monitoringa programma 2021.-2026. gadam (https://www.daba.gov.lv/lv/vides-monitoringa-programma?utm_source=https%3A%2F%2Fwww.google.lv%2F):

- 1) **Gaisa un klimata pārmaiņu monitoringa programma** – nav rādītāju, kurus būtu paredzēts noteikt ar gēnu noteikšanas metodēm;
- 2) **Ūdeņu monitoringa programma:**
 - a) Nodaļa 4.2.1. Jaunu svešzemju sugu introdukcija - gadījumā, ja paraugu analīzes laikā tiek konstatēta iepriekš nezināma suga, tā jānofotografē un jāfiksē turpmākām analīzēm, piem., 96% etanolā ģenētiskai analīzei;
 - b) Nodaļa 4.2.2. Naturalizējušos svešzemju sugu, kuras ievērojami palielina nelabvēlīgo ietekmi uz konkrētām sugu grupām vai dzīvotņu lieltipiem, skaitliskums un telpiskais sadalījums - papildus nozvejas reģistrēšanai plānots arī ievākt bioloģiskos krabju paraugus, lai reģistrētu to dzimumu, dzimumnobriešanu, morfoloģiskos parametrus (un ģenētisko materiālu).
- 3) **Zemes monitoringa programma** – nav rādītāju, kurus būtu paredzēts noteikt ar gēnu noteikšanas metodēm;
- 4) **Bioloģiskās daudzveidības monitoringa programma:**
 - a) **Natura 2000 vietu monitorings** - Pielikumā nr.2 "Natura 2000 monitoringa programma" attiecībā uz zivju monitoringu ir norādīts, ka 2022. g. tiks pabeigta metodikas izstrāde vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu monitoringā un veikta tās aprobācija. Ar vides DNS palīdzību nosakāmās sugas ir: platspīļu upesvēzis, Amerikas signālvēzis, dzeloņvaigu vēzis, kaze, rotans, pīkste, alata, Ziemeļu zeltainais akmeņgrauzis un salate⁸⁴. Pamatmetode ir šī: Zivju monitoringa metodika Natura 2000 teritorijās, Birzaks, Aleksejevs, 2013. Pēc abu metodiku izmaksu un efektivitātes salīdzinājuma monitorings tiks turpināts pēc efektīvākās metodes. Attiecībā uz lāču monitoringu viena no paredzētajām metodēm ir:

⁸⁴Vides DNS metodikas apraksts zivju, vēžu un nēģu monitoringā. Saskaņā ar līgumu Nr. 7.7/286/2019. Pieejams Dabas aizsardzības pārvaldes vietnē.

Metodika brūnā lāča monitoringam ar molekulārās ģenētikas metodēm, LVMI “Silava”, 2021.

b) **Valsts (fona) monitorings** – teikts, ka attīstot valsts (fona) monitoringa programmu, būtu “esošajās monitoringa metodikās jāintegre vai tās jāpapildina ar metodēm un rīkiem, kas vērsti uz sugu ģenētiskās daudzveidības noskaidrošanu un ģenētisko monitoringa metožu iekļaušanu esošajās metodikās. Ģenētiskās monitoringa metodes iepriekšējā monitoringa ciklā jau tika izmantotas, piemēram, abinieku un rāpuļu monitoringā, nosakot ezera vārdes klātbūtni un izplatību Daugavas un Lielupes baseinos un purva bruņurupuča klātbūtni 4 parauglaukumos ar vēsturiskiem vai neseniem šīs sugas novērojumiem, izmantojot vides DNS paraugu ievākšanu un analīzi. Pieejamo resursu un finansējuma efektīvas izmantošanas ziņā arī turpmāk pirms purva bruņurupuča populācijas monitoringa jaunu parauglaukumu noteikšanas, ir nepieciešams veikt sākotnējo monitoringu, izmantojot vides DNS. Vienlaikus, izmantojot šo metodi purva bruņurupuča klātbūtnes noteikšanai, iespējams ievākt papildus paraugus un noteikt invazīvā sarkanausu bruņurupuča (*Trachemys scripta elegans*) izplatību. Pēc vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu (tostarp invazīvo sugu) monitoringā metodikas izstrādes un tās aprobācijas ir veicams metodiku izmaksu un efektivitātes salīdzinājums un attiecīgi pielietoto metožu pilnīga vai daļēja aizstāšana”. Pielikumā nr. 3 “Valsts (fona) monitoringa programma” attiecībā uz zivju monitoringu upēs un ezeros ir norādīts, ka 2022.g. tiks pabeigta metodikas izstrāde vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu monitoringā un veikta tās aprobācija. Pamatmetode ir šī: Zivju monitoringa metodika Natura 2000 teritorijās, Birzaks, Aleksejevs, 2013. Pēc abu metodiku izmaksu un efektivitātes salīdzinājuma monitorings tiks turpināts pēc efektīvākās metodes. Attiecībā uz purva bruņurupuča monitoringu minēts, ka izmantojamās metodes ir murdi un vides DNS analīzes. Attiecībā uz lāču monitoringu viena no paredzētajām metodēm ir: Metodika brūnā lāča monitoringam ar molekulārās ģenētikas metodēm, LVMI “Silava”, 2021.

5) **Speciālais monitorings** – nav rādītāju, kurus būtu paredzēts noteikt ar gēnu noteikšanas metodēm;

6) **Invazīvo sugu monitorings** - Pielikumā Nr.5 "Invazīvo sugu monitoringa programma" attiecībā uz Vēžu un zivju sugu monitoringu ir teikts, ka pamatmetodes ir balstītas uz Zivju monitoringa metodika Natura 2000 teritorijās, Birzaks, Aleksejevs 2013. Plānots, ka 2022. g. tiks pabeigta metodikas izstrādes vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu monitoringā un veikta tās aprobācija. Pēc abu metodiku izmaksu un efektivitātes salīdzinājuma monitorings tiks turpināts pēc efektīvākās metodes. Tiek īstenots Latvijas Vides aizsardzības fonda finansēts projekts Invazīvo sugu monitorings Īpaši aizsargājamās dabas teritorijās (ĪADT), izmantojot vides DNS metodi (Nr.1-08/87/2023) (<https://lhei.lv/invazivo-sugu-monitorings-iadt-izmantojot-vides-dns-metodi-nr-1-08-87-2023/>). Projekta īstenošanas laiks 01.10.2023. - 30.09.2024. Vides DNS paraugu ievākšana plānota Rāznas Nacionālajā parkā, Slīteres Nacionālajā parka, Gaujas Nacionālajā parkā, Ķemeru Nacionālajā parkā, Teiču dabas rezervātā, Moricsalas dabas rezervātā, Aizsargājamo ainavu apvidū Augšdaugava, Ventas baseina pietekas ĪADT teritorijās, Gaujas baseina pietekas ĪADT teritorijās, Daugavas baseinā pietekas ĪADT teritorijās. Katrā vietā plānots ievākt vismaz 10 paraugus. Paraugos tiks noteiktas vismaz piecas invazīvās sugas: dzeloņvaigu vēzis *Orconectes limosus*, signālvēzis *Pacifastacus leniusculus*, rotans *Perccottus glenni*, saldūdens medūza *Craspedacusta sowerbii*, daudzveidīgā sēdgliemene *Dreissena polymorpha*.

Nacionālais meža monitorings:

Tika apskatītas visas Nacionālā meža monitoringa metodikas un attiecīgās atskaites (<https://silava.lv/petnieciba/nacionalais-meza-monitorings>):

- 1) Meža resursu monitoringa metodika;
- 2) Pirmā līmeņa gaisa piesārņojuma ietekmes novērtēšanas monitoringa metodika;
- 3) Otrā līmeņa gaisa piesārņojuma ietekmes novērtēšanas monitoringa metodika;
- 4) Mežsaimniecības biotisko riska faktoru monitoringa metodika;
- 5) Meža bioloģiskās daudzveidības monitoringa metodika.

Meža bioloģiskās daudzveidības monitoringa metodikā ir minēts, ka bioloģisko daudzveidību izvērtē trijos līmeņos:

1. ģenētiskā daudzveidība (augu, dzīvnieku, sēņu, mikroorganismu gēnu dažādība, kas novērojama vienas sugas robežās);
2. sugu daudzveidība;

3. ekosistēmu daudzveidība (dažādas ekosistēmas).

Meža bioloģiskās daudzveidības monitoringa informāciju iegūst:

1. ģenētiskā līmenī – ģenētisko resursu mežaudzēs un sēklu plantācijās;
2. sugu un ekosistēmu līmenī – meža resursu monitoringa (MRM) parauglaukumos;
3. ainavu līmenī – izmantojot attālās izpētes datus.

Meža bioloģiskās daudzveidības monitoringa ietvaros nodrošina šādu informāciju:

1. nedzīvās koksnes padziļināts novērtējums meža resursu monitoringa parauglaukumos;
2. meža veģetācijas novērtējums meža resursu monitoringa parauglaukumos, izmantojot uzskaites metodes;
3. ar kokiem saistīto mikrodzīvotņu novērtējums meža resursu monitoringa parauglaukumos, arī izmantojot uzskaites metodes;
4. ģenētisko resursu mežaudžu koku un sēklu plantāciju sēklu ražu ģenētiskās daudzveidības novērtējums.
5. meža ainavas raksta pārmaiņas (reizi piecos gados).

Ģenētisko resursu mežaudžu koku ģenētiskās daudzveidības novērtējums Latvijā tiek veikts 61 meža ģenētisko resursu (MĢR) audzē, pārstāvēt 9 meža koku sugas (parastā priede, parastā egle, āra bērzs, parastā apse, melnalksnis, liepa, ozols, osis, skābardis). No katras audzes ievāc 48 indivīdus, ievērojot minimālo parauglaukuma platību 4 ha. Vēlamais ievākšanas materiāls – lapas/skujas. Nepieciešamības gadījumā var arī koksnes paraugus (piem., ja lapas/skujas nav sasniedzamas). Ievākšanas laiks – 15. maijs–15. septembrim (lapu koku sugas). Skuju koku sugas var arī agrāk (iepriekšējo gadu skujas) vai vēlāk. Ievāktos paraugus saglabā uz ledus klučiem aukstumu kastē vai ledusskapī (+4°C). Paraugus nogādā LVMI Silava laboratorijā 2 dienu laikā. DNS genotipēšanu veic ar vismaz 12 mikrosatelītu marķieriem. Pēc iespējas atlasa informatīvus marķierus (ar lielāku atrasto alēļu skaitu, informācijas indeksu, un gēnu diversitāti (sagaidāmo heterozigositāti)). Ir ieteikts izmantot marķierus, kuri Latvijā un citās valstīs ir izmantoti citos pētījumos attiecīgajai sugai. Tas dos iespēju plašāk salīdzināt iegūtos rezultātus ar citiem pētījumiem. Ģenētiskās daudzveidības raksturošanai ĢRM tiek izmantoti sekojoši indikatori:

- 1) vidējais alēļu skaits analizētās audzēs/populācijās;

- 2) vidējais alēļu skaits ar frekvenci virs 5% (norāda reto alēļu skaitu ($f < 0,05$));
- 3) efektīvo alēļu skaits;
- 4) informācijas indekss;
- 5) vidējais unikālo alēļu skaits populācijās;
- 6) gēnu diversitāte (sagaidāmā heterozigositāte);
- 7) populāciju (audžu) diferenciācija.

MGR analīze dod pamatu koku sugu ģenētiskās daudzveidības un populācijas diferenciācijas noteikšanai, noskaidrojot, vai nepieciešams izdalīt papildus MGR audzes. Ģenētisko daudzveidību MGR audzēs var salīdzināt ar daudzveidību mežaudzēs, kuras atjaunotas ar selekcionētu reproduktīvo materiālu, raksturojot ģenētiskās daudzveidības izmaiņas selekcijas procesā.

Sēklu plantāciju sēklu ražas ģenētiskā daudzveidība Latvijā tiek noteikta 97 meža koku sugu sēklu plantācijās, pārstāvēt 8 meža koku sugas (parastā priede, parastā egle, āra bērzs, melnalksnis, liepa, lapegle, ozols). No katras sēklu plantācijas sēklu vidējā parauga izdiedzē sēklas, lai varētu izdalīt DNS no 192 paraugiem. Ģenētiskās daudzveidības monitoringā tiek izmantoti sekojoši indikatori:

- 1) vidējais alēļu skaits analizētās audzēs/populācijās;
- 2) vidējais alēļu skaits ar frekvenci virs 5% (norāda reto alēļu skaitu ($f < 0,05$));
- 3) efektīvo alēļu skaits;
- 4) informācijas indekss;
- 5) vidējais unikālo alēļu skaits populācijās;
- 6) gēnu diversitāte (sagaidāmā heterozigositāte);
- 7) radniecības pakāpe starp indivīdiem no vienas sēklu partijas;
- 8) noteiktais mātes koku skaits (salīdzināt ar sēklu plantāciju klonu skaitu).

Sēklu plantāciju analīze dod iespēju salīdzināt ģenētisko daudzveidību uzlabotā selekcijas materiālā ar meža ģenētisko resursu fonu. Salīdzinot dažādu ražas gadu sēklu partijas, kuras iegūtas no vienas sēklu plantācijas, iespējams noteikt vides un citu ārēju faktoru ietekmi uz sēklu plantāciju pēcnācēju ģenētisko daudzveidību. Atjaunoto audžu ģenētiskās daudzveidības analīze dod iespēju noteikt dažādu mežkopības paņēmieni ietekmi uz ģenētiskās daudzveidību (piemēram, meža atjaunošanās vai atjaunošana stādot vai sējot, un citi), kā arī noteikt selekcijas efektu un ģenētisko piesārņojumu (putekšņu fons, mežeņi utt.).

Meža kaitēkļu un slimību monitoringā DNS analīzes tiek izmantotas ozolu mūķenes *Lymantria* sugu noteikšanai feromonu slazdos. Ar DNS metodi ir iespējams identificēt šo kaitēkļu sugas un novērtēt ozolu mūķenes un egļu mūķenes proporciju.

Bišu veselības uzraudzība

Bišu veselības uzraudzības dati ES līmenī tiek vākti saskaņā ar Komisijas Regulu Nr. 87/2011, ar ko izraugās ES references laboratoriju bišu veselībai, un ar ko šai laboratorijai nosaka, papildu pienākumus un uzdevumus. Tā ir ANSES Francijā. 2015. gadā, piemēram, tika publicēts Viseiropas epidemioloģiskais pētījums par medus bišu saimju zaudējumiem (EPILOBEE, 2015).

Zinātniskais institūts BIOR savukārt ir Nacionālā references laboratorija (NRL) par bišu veselību. NRL Bišu veselības jomā koncentrē savu darbību uz nozīmīgāko bišu patogēnu izpēti, lai apzinātu to sastopamību Latvijas bitēs, kā arī, uz vides faktoru ietekmes izpēti. NRL Bišu veselības jomā pastiprinātu uzmanību pievērš zemāk minētajiem patogēniem:

- Mazā stropu vabole (*Aethina tumida*);
- Dažādas ērces (*Varroa destructor*, *Acarapis woodi* un citas, *Tropilaelaps* sp.);
- Parazītiskie vienšūņi – *Nosema* spp.;
- Amerikas (*Paenibacillus larvae*) un Eiropas (*Melissococcus plutonius*) peru puves ierosinātāji;
- Dažādi patogēnie vīrusi (t.sk. akūtas paralīzes vīruss, hroniskās paralīzes vīruss, deformēto spārnu vīruss, bišu māšu melno kannu vīruss);
- Pesticīdu ietekme uz bišu veselību.

Vairāki no šiem rādītājiem tiek noteikti, izmantojot molekulārās bioloģijas metodes:

- *Nosema apis* un *Nosema ceranae* sugu diferenciālā diagnostika (OIE Terrestrial Manual, Chapter 3.2.4., PCR);
- Amerikas peru puves ierosinātāja *P. larvae* specifiskā ģenētiskā materiāla diagnostika (OIE Terrestrial Manual, Chapter 2.2.2., PCR);
- Eiropas peru puves ierosinātāja *M. plutonius* specifiskā ģenētiskā materiāla diagnostika (OIE Terrestrial Manual, Chapter 2.2.3., PCR);

- Deformēto spārnu slimība, akūtā bišu paralīze, bišu māšu melno kannu slimība un maisīņu peru slimības ierosinātāja noteikšana un kvantificēšana (Standard operating procedure: Detection and quantification of the Acute Bee Paralysis Virus (ABPV), Black Queen Cell Virus (BQCV), Deformed Wing Virus (DWV–A & DWV–B), and Sacbrood Virus (SBV) by real–time RT–PCR) (ANSES/SOP/ANA–I1.MOA.3900 –Version 3 September,2019), Sophia Antipolis Laboratory, EURL– Honey Bee Health);
- Hroniskā bišu paralīzes ierosinātāja vīrusa specifiskā ģenētiskā materiāla diagnostika (Detection and quantification of the chronic bee paralysis virus (CBPV) (EURL validated method; reference to EURL validated method ANSES/SOP/ ANA–I1.XX, Rev.1) (rt RT–PCR);
- Mazās stropu vaboles *Aethina tumida* identifikācija ar molekulārās bioloģijas metodēm (Identification of small hive beetle *Aethina tumida* using real time PCR (in–house method); reference to EURL validated method ANSES/SOP/ANA–I1.MOA.3700, Rev.:01, 06, June, 2016) (BIOR, 2022).

II. Citi valsts nozīmes pasākumi, no kuriem var iegūt datus attiecībā uz konkrētiem indikatoriem

Dabas skaitīšanas projekts (<https://www.daba.gov.lv/lv/projekts/dabas-skaitisana>) - Biotopu apsekošanu Dabas aizsardzības pārvaldes uzdevumā veica eksperti, kuri dabā apsekoja teritoriju, aizpildīja speciālu apsekojuma anketu un kartē iezīmēja precīzu konstatētā biotopa robežu. Katram ekspertam apsekojama laikā līdzī bija jābūt globālās pozicionēšanas sistēmai (GPS), kas fiksēja arī eksperta pārvietošanās maršrutu, lai šaubu gadījumā būtu iespējams veikt kvalitātes pārbaudi. Biotopu inventarizācija netika veikta intensīvi apsaimniekotās lauksaimniecības zemēs (aramzemes, augļu dārzi, meliorētas teritorijas ārpus īpaši aizsargājamām dabas teritorijām un mikroliegumiem), apdzīvotās vietās, teritorijās, kur pēdējo 3 gadu laikā jau ir veikti izpētes darbi, izsniegti saskaņojumi un atļaujas dažādu darbību veikšanai (karjeri, kūdras ieguves platības) u.c. Tā kā galvenā metodika bija biotopu apsekojumi dabā un to kartēšana, tad gēnu noteikšanas metodes netika izmantotas.

Valsts augu aizsardzības dienesta mājaslapā ir sadaļa “Integrētā augu audzēšana un kaitīgo organismu monitorings” (<https://noverojumi.vaad.gov.lv/>). VAAD uztur Kaitīgo organismu datu bāzi (https://registri.vaad.gov.lv/reg/kaitigie_organismi.aspx). VAAD mājaslapā ir sadaļa “Eiropas Savienības karantīnas organismi” (<https://www.vaad.gov.lv/lv/eiropas-savienibas->

[karantīnas-organismi](#)). Ir doti Eiropas Savienības karantīnas organismu apraksti, kas saistoši Latvijas teritorijai, ar saitēm uz Eiropas un Vidusjūras augu aizsardzības organizācijas (EPPO) datu bāzi. Daudzi no šiem kaitīgajiem organismiem tiek identificēti, izmantojot molekulārās bioloģijas metodes (1. tabula). Informācija par rādītājiem, kas tiek noteikti ar molekulārās bioloģijas metodēm, ir atrodama VAAD cenrādī: <https://likumi.lv/ta/id/250279-valsts-augu-aizsardzibas-dienesta-maksas-pakalpojumu-cenradis#piel2> (2. tabula).

1. tabula

Eiropas Savienības karantīnas organismi, kas saistoši Latvijas teritorijai, un kuri tiek noteikti ar molekulārās bioloģijas metodēm

Karantīnas organisms	Noteikšanas metodes
Baktērijas	
Kartupeļu gaišā gredzenpuve <i>Clavibacter sepedonicus</i> (sin. <i>Clavibacter michiganensis subsp. sepedonicus</i>)	Imūnfluorescences metodes, konvencionālā un reālā laika PĶR
Kartupeļu tumšā gredzenpuve <i>Ralstonia solanacearum</i>	Ir pieejama virkne skrīninga testu, kas ietver izolēšanu uz daļēji selektīvām un elektīvām barotnēm, imunofluorescences mikroskopiju un virkni uz DNS balstītu testu, kas ietver parasto PCR, reālā laika PCR un LAMP testus.
Bakteriālā vīte, Stevarta slimība <i>Pantoea stewartii subsp. stewartii</i> (sin. <i>Erwinia stewartii</i>)	IF (imūnfluorescences šūnu krāsošana), ELISA (ar enzīmu saistīts imūnsorbcijas tests), molekulārie testi (konvencionālā un reālā laika PĶR, <i>barcoding</i>) un taukskābju profilēšana
Bakteriālais lapu apdegums, Pīrsa slimība (vīnogulājiem) <i>Xylella fastidiosa</i>	Seroloģiskās metodes, PĶR un septiņu housekeeping gēnu fragmentu sekvenēšana ar Sangera sekvenēšanas metodi, reālā laika PĶR metode insektu vektoru testēšanai
Sēnes un oomicētes	
<i>Bretziella fagacearu</i> (sin. <i>Ceratocystis fagacearum</i>)	Nested PĶR, reālā laika PĶR ar TaqMan zondi.
<i>Phytophthora ramorum</i> (ne Eiropas izolāti)	Patogēna identificēšana ir iespējama, izmantojot morfoloģiskās metodes apvienojumā ar augšanas īpašībām barotnē vai uz DNS balstītām metodēm. Ir iespējams izmantot arī DNA <i>barcoding</i> .
Kartupeļu vēzis <i>Synchytrium endobioticum</i>	Dažādas molekulārās metodes
Kukaiņi un ērces	
Citrusu ūsainis <i>Anoplophora chinensis</i>	DNA <i>barcoding</i>

Karantīnas organisms	Noteikšanas metodes
Āzijas ūsainis <i>Anoplophora glabripennis</i>	DNA <i>barcoding</i>
Koksngrauzis <i>Aromia bungii</i>	PĶR, COI ⁸⁵ gēna sekvenēšana
Bārkstlapblusiņa <i>Bactericera cockerelli</i>	Reālā laika PĶR
Kartupeļu spradži <i>Epitrix spp.</i> (<i>Epitrix cucumeris</i> , <i>E. papa</i> , <i>E. subcrinita</i> , <i>E. tuberis</i>)	COI gēna <i>barcoding</i>
Ķiršu augļu tinējs <i>Grapholita packardii</i>	Dažādas molekulārās metodes
Alotājmuša <i>Liriomyza sativae</i>	COII gēna PĶR RFLP, COI gēna detekcija ar konvencionālu multiplex PĶR, LAMP testi, multiplex reālā laika PĶR, COI gēna <i>barcoding</i> , molekulāra identifikācija izmantojot NGS
Smecernieks <i>Naupactus leucoloma</i>	Dažādas molekulārās metodes
Gremzdgrauzis <i>Polygraphus proximus</i>	COI gēna <i>barcoding</i>
Japānas vabole <i>Popillia japonica</i>	DNA <i>barcoding</i> , konvencionālā PĶR
Nematodes	
Bālā kartupeļu nematode <i>Globodera pallida</i>	Tiek rekomendēts kombinēt morfoloģiskās un molekulārās identifikācijas metodes. Ir ieteiktas PCR, reālā laika PCR, NGS vai Sangera sekvenčēšana.
Zeltainā kartupeļu nematode <i>Globodera rostochiensis</i>	Tiek rekomendēts kombinēt morfoloģiskās un molekulārās identifikācijas metodes. Ir ieteiktas PCR, reālā laika PCR, NGS vai Sangera sekvenčēšana.
Kolumbijas sakņu - pangu nematode <i>Meloidogyne chitwoodi</i>	Daudzas molekulārās metodes ir tikušas izmantotas šo abu sugu atšķiršanai: PĶR, PĶR RFLP, AFLP, SCAR, reālā laika TaqMan PĶR, RAPD, satDNA, LAMP, HRCM.
Neīstā Kolumbijas sakņu - pangu nematode <i>Meloidogyne fallax</i>	
Vīrusi, viroīdi un fitoplazmas	
Vīnogulāju flavescence dorée fitoplazma (Grapevine flavescence dorée phytoplasma)	PĶR un genotipēšana
Tomātu lapu čokurošanās Deli vīruss <i>Begomovirus solanumdelhiense</i> (Tomato leaf curl New Delhi virus)	Ar molekulārajām metodēm analizē ELISA pozitīvos paraugus. Vīrusa celma identificēšanai nepieciešams iegūt visu DNS-A genoma sekvenci.
Tomātu gredzenplankumainības vīruss <i>Nepovirus lycopersici</i> (Tomato ringspot virus)	RT-PĶR papildus seroloģiskajām metodēm, kā arī vīrusa genoma sekvenčēšana.
Tomātu brūnplankumainības vīruss <i>Tobamovirus fructirugosum</i> (Tomato brown rugose fruit virus)	RT-PĶR papildus seroloģiskajām metodēm, kā arī vīrusa genoma sekvenčēšana.

⁸⁵ mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1

2. tabula

Rādītāji, kas tiek noteikti ar molekulārās bioloģijas metodēm, atbilstoši VAAD
cenrādim

Nr. p. k.	Pakalpojuma veids	Mērvienība	Cena bez PVN (euro)	PVN (euro)	Cena ar PVN (euro)
9.	Parauga ņemšana un analīze				
9.3.	kartupeļu gaišās gredzenpuves noteikšanai	1 paraugs	35,57	0,00	35,57
9.4.	kartupeļu tumšās gredzenpuves noteikšanai	1 paraugs	35,57	0,00	35,57
9.5.	sešu nekarantīnas vīrusu (PVX, PVY, PVM, PVS, PLRV, PVA) (ja testēšanā lieto ELISA metodi) un viroīda (PSTVd) noteikšanai (ja testēšanā lieto molekulāro metodi) kartupeļu sēklas materiāla sertifikācijai	1 paraugs	225,43	0,00	225,43
9.7.	divu nekarantīnas vīrusu (PVY, PLRV) (ja testēšanā lieto ELISA metodi) un viroīda (PSTVd) noteikšanai (ja testēšanā lieto molekulāro metodi) kartupeļu sēklas materiāla sertifikācijai	1 paraugs	136,53	0,00	136,53
10.	Parauga analīze				
10.12.	nematožu un sēņu noteikšanai (ja testēšanā lieto molekulāro metodi)	1 paraugs	36,35	0,00	36,35

III. Pieredze no citu valstu pētījumiem zinātniskajās publikācijās un dažādu aģentūru ziņojumos

Šis ir ļoti plašs jautājums attiecībā uz indikatoriem, kas nosakāmi ar ģenētiskajām metodēm. Ņemot par pamatu EFSA (EFSA, 2011) indikatoru piemērus noteiktajiem aizsardzības mērķiem (1. tabula), tika apskatīti sekojoši aspekti: hibrīdi ar savvaļas sugām un izmaiņas augsnes mikroorganismu sabiedrībās.

Hibrīdi ar savvaļas sugām

Pirmais nosacījums, lai notiktu krusteniskā apaugļošana (*cross-fertilization*), ir vienlaicīga kultūrauga un tā savvaļas radnieka ziedēšana, kas var novest pie dažādu sugu ziedputekšņu un drīksnas kontakta. Ziedu skaits, kas ir pakļauti krusteniskajai apaugļošanai, pieaug līdz ar to dienu skaitu, kad abu sugu ziedēšanas periodi pārklājas. 90.-jos gados tika secināts, ka ir pārāk maz datu par savvaļas sugu fenoloģiju. Pārsvarā bija zināms ziedēšanas periods konkrētā valstī, bet nebija atsevišķu datu par dažādiem biotopiem, ģenētisko variabilitāti un lielākoties trūka kvantitatīvu datu (Darmency, 1994).

Nākamie soļi transgēnu introgresijai savvaļas sugas genofondā (*gene pool*) ir saistīti ar hibrīdas sēklas veidošanos un hibrīda izdzīvošanu. Var būt problēmas ar hibrīda neauglību, kas rada nepārvaramu barjeru tālākai transgēna transmisijai nākamajās paaudzēs. Ja starpsugu hibrīdi ir auglīgi, tālāk tiem augot līdzās savvaļas vecākiem, spontāna krustošanās frekvence ir zema un var variēt atkarībā no savvaļas sugas (Darmency, 1994).

Faktori, kas var noteikt transgēna izplatību:

- 1) Transgēna veids;
- 2) Atrašanās vieta hromosomā, kas var izraisīt iepriekš neparedzamas izmaiņas gēnu regulācijā un gēnu saistītā pārmantojamībā (*linkage*);
- 3) Jaunās adaptīvās īpašības, kas varētu būt hibrīdam – rezistence pret herbicīdiem varētu piešķirt priekšrocības teritorijās, kur herbicīdi tiek pielietoti, bet ne teritorijās, kur tie netiek izmantoti. Īpaši noderīgas savvaļas augu hibrīdiem varētu būt īpašības, kas saistītas ar izturību pret slimībām un kaitēkļiem. Vēl būtiskāka ietekme uz sēklu dzīvotspēju un evolūcijas procesiem varētu būt tādām īpašībām kā vīrišķo īpatņu sterilitāte un apogāmija.

- 4) Biotopa īpašības, kurā notiek introgresija – lauksaimniecības zemes salīdzinājumā ar savvaļas biotopiem;
- 5) Recipienta savvaļas populācijas ģenētiskā struktūra un lielums (Darmency, 1994).

3. tabula

Faktori, kas nosaka iespējamību, ka starp kultūraugu un radniecīgu sugu izveidosies hibrīds, kas ieviesīsies lauksaimnieciskā vai dabiskā dzīvotnē (Dale, 1994)

Npk.	Faktors
Dzīvotspējīgas hibrīdās sēklas veidošanās	
1	Abu vecāku genomu saderība (mitotiskā un ģenētiskā stabilitāte)
2	Endospermas spēja atbalstīt hibrīdā embrija attīstību
3	Krustošanās virziens: vien no vecākiem var labāk atbalstīt embrija un sēklas veidošanos nekā otrs
4	Hibrīdo sēklu skaits un dzīvotspēja
Hibrīdo augu nostiprināšanās augsnē	
5	Sēklu miera stāvoklis
6	Hibrīdā auga vitalitāte
7	Krustošanās virziens: mātes auga ietekme uz sēklas vitalitāti
8	Dzīvotnes īpašības: savvaļas, daļēji savvaļas vai lauksaimniecības
9	Konkurences īpatnības ar citiem augiem
10	Kaitēkļu, slimību un zālēdāju ietekme
Hibrīda spējas vairoties veģetatīvi un dzimumceļā	
11	Veģetatīvās vairošanās metode
12	Veģetatīvo auga daļu saglabāšanās lauksaimniecības vidē
13	Veģetatīvo daļu izplatīšanās
14	Veģetatīvo daļu invazivitāte dabiskās dzīvotnēs
15	Dzimumvairošanās sistēma: krusteniskā savietojamība, pašapputē, spēja krustoties ar ikvienu no vecāku sugām
16	Vīrišķo un sievišķo īpatņu auglība: meiotiskā stabilitāte un hromosomu atbilstība
17	Sēklu skaits un dzīvotspēja
18	Sēklu miera stāvoklis
19	Dzīvotnes īpašības: savvaļas, daļēji savvaļas vai lauksaimniecības
20	Konkurences īpatnības ar citiem augiem
21	Kaitēkļu, slimību un zālēdāju ietekme

Savvaļas *Brassicaceae* dzimtas sugām ir raksturīgas pašnesaderības (self-incompatibility) sistēmas, kas ļauj transgēnam ātri izplatīties populācijā. Ir jāņem vērā arī gēnu plūsma un gēnu drifts. Izplatība uz nākamajām populācijām ir atkarīga no attāluma starp tām, augu blīvuma, apputeksnēšanās veida, apputeksnētāju klātbūtnes, populācijas lieluma un genotipiskā sastāva (Darmency, 1994).

Kā jau tika minēts svarīgs solis transgēnu introgresijai savvaļas sugu genofondā, ir hibrīdās sēklas veidošanās un hibrīda izdzīvošana. 90.-os gados veiktā eksperimentā krustojot lauka sinepi (*Brassica rapa*) ar ģenētiski modificētu rapsi (*Brassica napus*) T.151 un T152, kam bija izturība pret glufosināta herbicīdiem, tika iegūtas tikai 98 hibrīdas sēklas no 2000 apputeksnētu ziedu, ko autori uzskatīja par relatīvi augstu skaitu – apmēram viena hibrīda sēkla uz katriem 25 apputeksnētiem ziediem. No šīm sēklām iegūtie augi 97 % bija izturīgi pret attiecīgo herbicīdu, bet tikai divi no šiem pēcnācējiem (apm. 2 %) bija spējīgi izveidot sēklas, kas bija spējīgas uz pašapputi, bet varēja arī sekmīgi apputeksnēties gan ar lauka sinepi, gan rapsi (Brown and Brown, 1996).

Viens no pirmajiem gadījumiem pasaulē, kad ir tikusi konstatēta ruderālu rapša populāciju krustošanās ar ĢM rapsi un ilgstoši novērota 10 gadu laikā, ir konstatēts Japānā. Ruderālajiem rapša augiem šosejas malā bija izturība gan pret glifosātu, gan pret glufosinātu. Pēcnācēji no augiem, kuru sēklas tika ievāktas šosejas malā, bija izturīgi pret šiem herbicīdiem, kā arī tajos tika konstatētas ĢM rapsim atbilstošas sekvenses ar augstu līdzību ar zināmām ĢM rapša sekvencēm - *cp4 epsps* un *bar* (Aono et al., 2006; Nakajima et al., 2020; Sohn et al., 2021). Otrs labi dokumentēts gadījums ir aprakstīts Kanādā (Warwick et al., 2008; Sohn et al., 2021), kur ir pierādīta herbicīdu tolerances introgresija *Brassica rapa* (Laforest et al., 2022). Vēl citi ĢM rapša augšanas gadījumi vidē dokumentēti ASV, Šveicē un Argentīnā laika periodā no 2008. līdz 2012. gadam (Sohn et al., 2021). Pret kukaiņiem rezistenta rapša *Brassica napus*, kas saturēja (Bt Cry1Ac) un *B. rapa* hibrīdi ir iegūti mezokosma pētījumā ASV (Sagers et al., 2015).

Ģenētiski modificētu augu un nemodificētu augu hibrīdiem var būt paaugstinātas fitnesa īpašības. Fitness ir termins, kuru lieto evolucionārajā bioloģijā, un tas nozīmē, kāda organisma paaugstinātas spējas izdzīvot un vairoties (Bauer-Panskus et al., 2020).

Izmaiņas augsnes mikroorganismu sabiedrībās

ĢM augu ietekme uz augsnes mikroorganismu sabiedrībām

Saskaņā ar ISAAA apkopotajiem datiem 2019. gadā pasaulē visvairāk kultivētie transgēnie augi bija tie, kuriem bija vairākas pazīmes ar insektu rezistenci un herbicīdu toleranci, kā arī herbicīdu izturīgi un pret kukaiņiem izturīgi kultūraugi, kas aizņēma 45%, 43% un 12% no pasaules biotehnoloģisko kultūraugu platības, attiecīgi. Visas pārējās ĢM kultūras

— pret vīrusiem izturīgi vai pret sāli izturīgi augi, rapsis ar modificētām eļļām, zema gosipola kokvilna utt. — veidoja mazāk nekā 0,5% no pasaules biotehnoloģiju kultūru platības. Neskatoties uz to, ka audzēšanā dominē pret herbicīdiem izturīgi kultūraugi, lielākā daļa pētījumu par ĢM augu ietekmi uz augsni ir tikuši veikti ar pret kukaiņiem izturīgiem augiem, jo tie ražo toksiskos Bt proteīnus (Lebedev et al., 2022).

Augsnes mikroorganismus var ietekmēt ĢM augu jaunveidotie proteīni. Liela ietekme varētu būt insekticīdajiem proteīniem (tādiem kā Bt toksīnam), kas ilgstoši var saglabāties augsnē. Otrs augsnes mikroorganismus ietekmējošais mehānisms varētu būt horizontālā gēnu pārnese (Guan et al., 2016). Citi autori izdala trīs ietekmējošo faktoru grupas: (1) tieša iedarbība, ko izraisa jaunās ĢM augu ražotās vielas, piemēram, *Bacillus thuringiensis* (Bt) toksīni; 2) netieša ietekme, ko izraisa plānotas vai neparedzētas augu metabolisma izmaiņas, kas maina sakņu eksudātu kvalitāti un daudzumu vai augsnes mikroorganismu biomasas sastāvu un daudzumu jeb ar augiem saistītos augsnes mikroorganismus; (3) izmaiņas apsaimniekošanas sistēmās, kas saistītas ar ĢM kultūru ieviešanu, piemēram, izmaiņas herbicīdu izmantošanā (Lebedev et al., 2022; Pepoyan and Chikindas, 2020). Nesenā pētījumā Cry1Ac proteīnam, kas ir viens no biežāk izmantotajiem Bt proteīniem, nebija negatīvas ietekmes uz augsnes mikroorganismu populācijām (Zhaolei et al., 2018).

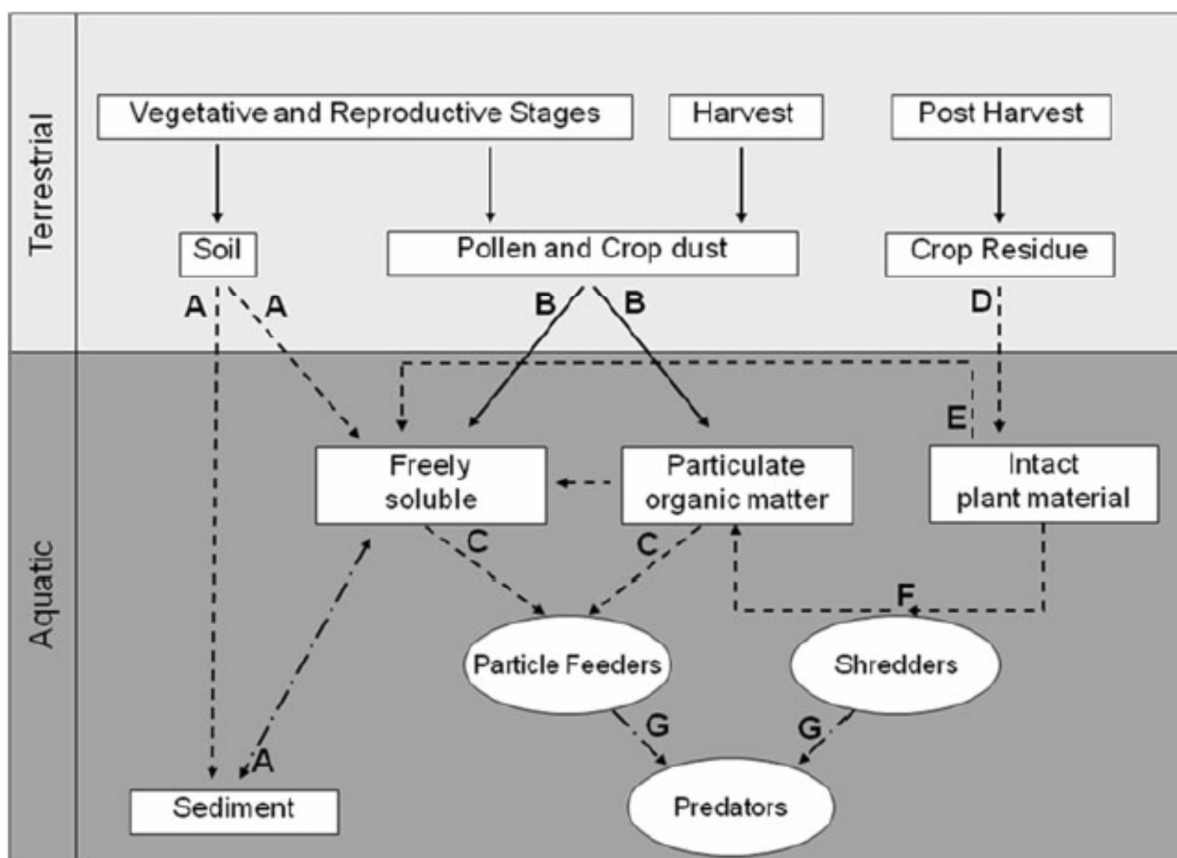
Sākotnēji pirmās paaudzes ĢM augi bieži vien saturēja antibiotiku rezistences gēnus kā selekcijas marķierus. Tā kā tas tiek uzskatīts par antimikrobiālās rezistences izplatīšanas mehānismu un veselības draudu cilvēkiem, tad zinātnieki strādāja pie alternatīvām sistēmām. Tika izveidoti ĢM augi, kas satur gēnu slāpēšanas konstruktus (*gene silencing constructs*). Gēnu slāpēšanas konstrukcijas kodē mazas interferences RNS (siRNS) molekulas jeb divpavediena RNS molekulas, kas apklusina vai paaugstina vēlamo fenotipu, samazinot kurjerRNS (*messenger RNA*, mRNS) sekvenču transkripciju vai translāciju gēnu ekspresijas laikā. Līdz ar to sveši transgēni nav nepieciešami vispār vai tie ir nepieciešami samazinātā apjomā. Šī tehnoloģija ir tikusi izmantota kukurūzai, ābelēm, kartupeļiem un tomātiem. Tomēr šo gēnu slāpēšanas konstruktu izmantošana tiek vērtēta pretrunīgi. Iespējamā negatīvā ietekme ietver gēnu slāpēšanu nemērķa organismos un atsevišķu mikroorganismu vielmaiņas ceļu vai funkciju zudumu (Un Jan Contreras and Gardner, 2022). Antibiotiku rezistences gēni no ĢM augiem var nonākt no cilvēka zarnu trakta notekūdeņu attīrīšanas iekārtās (Gardner et al., 2018).

Kā būtiskākie augsnes izmaiņu indikatori tiek uzskatīti sekojoši rādītāji: augsnes fizikāli ķīmiskās īpašības, augsnes enzīmu aktivitāte un mikrobiālā biomasa. Šie rādītāji ļauj novērtēt gan transgēno augu kultivēšanas īstermiņa, gan ilgtermiņa ietekmi (Lebedev et al., 2022).

Pirms apmēram 10 gadiem Itālijā tika īstenots Life + projekts (MAN-GMP-ITA)⁸⁶. Daudznozaru grupas, kas iesaistījās LIFE+ projektā, mērķis bija apstiprināt (validēt) un uzlabot esošo vides riska novērtējuma (ERA) metodoloģiju attiecībā uz ĢM augiem Eiropas tiesiskajā regulējumā par ĢMO. Šī pētījuma specifiskais mērķis bija ieviest riska pārvaldības instrumentus, kas izstrādāti, lai novērtētu iespējamo ģenētiski modificēto kultūru iedarbību uz vidi, ņemot vērā iespējamās izmaiņas augsnes mikroskopisko sēņu bioloģiskajā daudzveidībā, augsnes auglībā, simbiotisko populāciju struktūrā un rizosfērā, tostarp bāzes līnijas rapšu šķirņu iespējamās ietekmes uz augsnes kvalitāti un mikroorganismu kopienas bioloģisko daudzveidību noteikšanai. Pētījumā tika iekļauti trīs Itālijas reģioni (Emilia-Romagna, Lazio un Puglia/Basilicata), kas bija deklarējuši sevi par no ĢMO brīviem reģioniem. Projekta mērķa teritorijas pārstāvēja ne tikai trīs makroreģionus – ziemeļus, centru un dienvidus, bet arī valsts teritorijas daudzveidību vides apstākļu, augkopības sistēmu, biocenozes un apkārtējo biotopu atbilstības ziņā, turklāt šie reģioni tika uzskatīti par potenciālu “uztverošo vidi” izvēlētajām GMP sugām. Turklāt viena no divām valsts vietām, kas bija atļautas eksperimentālai GMP izplatīšanai vidē, atradās netālu no SCI Costa Ionica-Foce Bradano (Basilicata reģionā), kur notika daļa no pētījuma. Pētījumā netika izmantoti ĢM augi, bet gan nemodificēta rapša šķirnes kā modeļorganismi. Rezultāti parādīja, ka augu identitāte un augšana, augsnes īpašības un lauka vietas klimatiskie parametri ir galvenie faktori, kas veicina mikrobu kopienas struktūras un daudzveidības atšķirības (Canfora et al., 2014).

ĢM augu atliekas un proteīni no sakņu eksudātiem veģetācijas sezonas laikā nonāk uz augsnes daļiņām (3. attēls). Cry proteīni augsnē ātri degradējas un piesaistās pie augsnes daļiņām. No augsnes tie tālāk ar lietuvu ūdens palīdzību var nonākt ūdens ekosistēmās, tomēr tiek uzskatīts, ka ūdens vides organismiem potenciālā ekspozīcija ir minimāla. Insekticīdie proteīni var nonākt ūdens vidē arī ar ziedputekšņiem un putekļiem ražas novākšanas laikā (Carstens et al., 2012).

⁸⁶ <https://www.isprambiente.gov.it/en/projects/biodiversity/life-man-gmp-ita>



3.attēls. Konceptuāls modelis, kas apraksta ceļus, pa kuriem Bt kukurūzas audi vai tīrs Bt proteīns var iekļūt ūdens vidē, un potenciālie ceļi, pa kuriem nemērķa organismi var tikt pakļauti stresam. Nepārtrauktā bultiņa apzīmē iespējamo ceļu; pārtrauktā bultiņa apzīmē ticamu ceļu, pa kuru ir iespējama olbaltumvielu sadalīšanās; punktveida bultiņa apzīmē maz ticamu iedarbības ceļu (Carstens et al., 2012).

Augsnes mikroorganismu populāciju izpētes metodes

Kopš 1994. gada ir izstrādātas un apstiprinātas vairākas ISO standartmetodes augsnes mikrobioloģijas jomā, no kurām vairākas bija balstītas uz augsnes mikrobiālo elpošanu, augsnes dehidrogenāzes un citu enzīmu aktivitāti, kā arī mikroorganismu daudzveidības noteikšanu ar fosfolipīdu taukskābju profila analīzes (PFLA) metodi. 2020. gadā ir apstiprināts viens ISO standarts attiecībā uz molekulārajām metodēm, pie kura tika strādāts jau kopš 2011. gada. Savukārt 2016. gadā ir apstiprināta standarta metode, lai kvantitatīvi noteiktu mikroorganismu kopienu sastopamību augsnes DNS ekstraktos (3. tabula). Šī standartmetode ir balstīta uz kvantitatīvu reālā laika PĶR metodi.

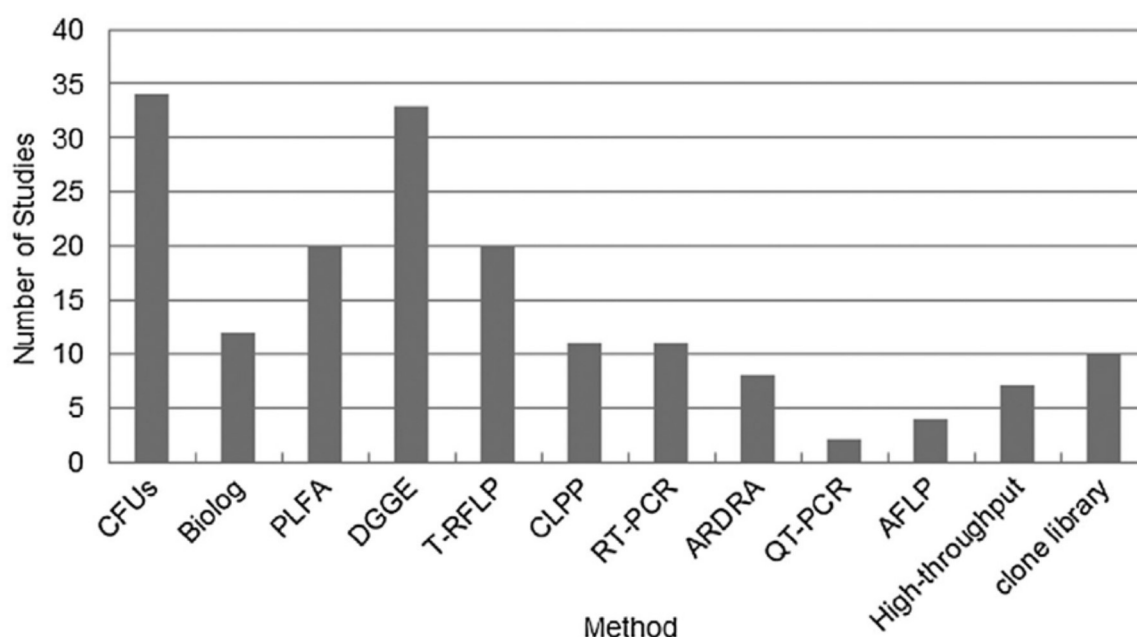
4. tabula

Standartizētas ISO metodes augsnes mikrobioloģijā (Philippot et al., 2012; Römbke et al., 2018; Thiele-Bruhn et al. 2020)

Gads	Metode	ISO reference
1994	Guidance on laboratory testing for biodegradation of organic chemicals in soil under aerobic conditions – standarts satur vadlīnijas metožu izvēlei, bet nesatur konkrētas metodes.	ISO 11266
1997	Determination of soil microbial biomass – part 1: substrate-induced respiration method	ISO 14240-1
1997	Determination of soil microbial biomass – part 2: fumigation-extraction method	ISO 14240-2
1997	Determination of nitrogen mineralization and nitrification in soils and the influence of chemicals on these processes	ISO 14238
2002	Determination of abundance and activity of soil microflora using respiration curves	ISO 17155
2002	Soil quality – guidance on laboratory testing for biodegradation of organic chemicals in soil under anaerobic conditions	ISO 15473
2002	Laboratory methods for determination of microbial soil respiration	ISO 16072
2004	Determination of potential nitrification and inhibition of nitrification – rapid test by ammonium oxidation	ISO 15685
2005	Determination of dehydrogenase activity in soils – part 1: method using triphenyltetrazolium chloride (TTC)	ISO 23753-1
2005	Determination of dehydrogenase activity in soils – part 2: method using iodotetrazolium chloride (INT)	ISO 23753-2
2009	Effects of pollutants on mycorrhizal fungi -- Spore germination test	ISO 10832
2010	Measurement of enzyme activity patterns in soil samples using fluorogenic substrates in micro-well plates	ISO 22939
2010	Determination of soil microbial diversity – part 1: method by PLFA analysis and PLEL analysis	ISO 29843-1
2011	Determination of soil microbial diversity – part 2: method by PLFA analysis using the 'simple PLFA extraction method'	ISO 29843-2
2016	Method to quantify the abundance of microbial communities from soil DNA extracts	ISO 17601
2017	Laboratory incubation systems for measuring the mineralisation of organic chemicals in soil under aerobic conditions	ISO 14239
2018	Measurement of enzyme activity patterns in soil samples using colorimetric substrates in microwell plates	ISO 20130
2018	Assessment of the capacity of soils to reduce N ₂ O – Part 1: Soil denitrifying enzyme activities	ISO 20131-1
2018	Assessment of the capacity of soils to reduce N ₂ O - Part 2: Assessment of the capacity of soils to reduce N ₂ O	ISO 20131-2
2018	Test for measuring organic matter decomposition in contaminated soil (degradation of cellulose under laboratory conditions)	ISO/CD 23265
2019	Guidance on methods for measuring greenhouse gases (CO ₂ , N ₂ O, CH ₄) and ammonia (NH ₃) fluxes between soils and the atmosphere	ISO 20951

Gads	Metode	ISO reference
2020	Method to directly extract DNA from soil samples (izstrāde sāka 2011. gadā)	ISO 11063

Biežāk zinātniskajos pētījumos izmantotās augsnes mikroorganismu izpētes metodes līdz 2016. gadam bija koloniju veidojošo vienību skaits (CFUs), Biolog mikroplates oglekļa substrāta katabolisma noteikšanai, fosfolipīdu taukskābju profila noteikšana (PLFA), denaturējošā gradienta gēla elektroforēze (DGGE) un terminālā restrikcijas fragmenta garuma polimorfisms (T-RFLP). Jaunās paaudzes sekvenčēšanas metodes pētījumos, kas saistīti ar ĢM augu ietekmi, tikušas izmantotas samērā reti (Guan et al., 2016) (4. attēls).

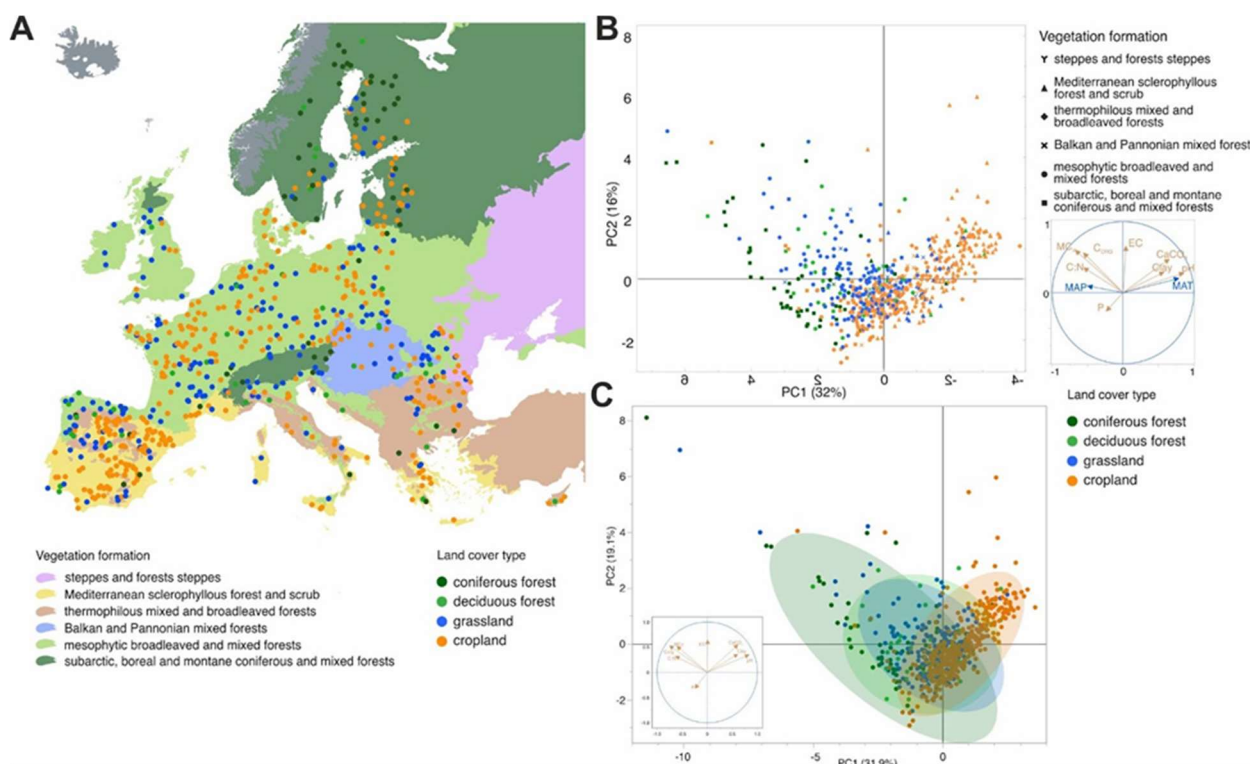


4.attēls. Biežāk izmantotās augsnes mikroorganismu izpētes metodes līdz 2016. gadam kontekstā ar ĢM augu ietekmi (Guan et al., 2016).

Arī vēlākā laika periodā (2017 – 2019) zinātnieki ir turpinājuši lietot iepriekš minētās biežāk izmantotās metodes, un tās nav pārliecinoši tikušas aizstātas ar jaunās paaudzes sekvenčēšanas metodēm, jo joprojām tiek izmantotas tādas metodes kā mikroorganismu KVV skaita noteikšana (CFU/g) un BIOLOG plates (Mandal et al., 2020). Tomēr ir apstiprināti divi ISO standarti attiecībā uz molekulārajām metodēm: ISO 11063:2020(en) Soil quality — Direct extraction of soil DNA un ISO 17601 Method to quantify the abundance of microbial communities from soil DNA extracts.

Citās radniecīgās jomās kā, piemēram, pētījumos par augu un augsnes mikroorganismu mijiedarbību, vairāk tiek izmantotas dažādas omikas metodes – jaunās paaudzes

sekvencēšana (Next-generation sequencing, NGS), visa augsnes metagenoma Shotgun sekvencēšana, metatranskriptomika, metaproteomika un metabolomika (Gamalero et al., 2022). DNS metagenomikas pieeja ir izmantota arī tādā pētījumā kā augsnē sastopamo mikroorganismu antibiotiku rezistences gēnu daudzveidība un antibiotiku biosintēzes gēnu daudzveidība, kura ietvaros ir analizēti arī paraugi no Latvijas (5. attēls) (Dulya et al., 2024).



5.attēls. Paraugu ieguves vietas pētījumā par augsnē sastopamo mikroorganismu antibiotiku rezistences gēnu daudzveidību un antibiotiku biosintēzes gēnu daudzveidību. (A) Paraugu ņemšanas vietu sadalījums četros zemes seguma veidos pa galvenajiem veģetācijas veidiem. (B) Augsnes paraugu izkārtojums pa divām pirmajām PCA asīm, kas izriet no vides mainīgajiem lielumiem (brūns - edafisks, zils - klimatisks). (C) Augsnes paraugu izkārtojums pa divām pirmajām PCA asīm, kas izsecinātas no edafiskajiem mainīgajiem, ar 90% ticamības elipsēm. Jo īpaši aramzemes paraugiem ir vismazākā edafisko īpašību atšķirība, salīdzinot ar citiem zemes seguma veidiem (Dulya et al., 2024).

Atbilstoši informācijai Latvijas Akreditācijas biroja LATAK mājaslapā (<https://ai.latak.gov.lv>) esošajai informācijai, neviena laboratorija Latvijā nav akreditējusi metodes augsnes mikrobioloģiskās aktivitātes noteikšanai vai augsnes mikroorganismu populāciju raksturošanai.

Zinātnisko publikāciju datu bāzēs atrodamas Latvijas Valsts mežzinātnes institūta “Silava” publikācijas saistībā ar meža augšņu mikroorganismu sabiedrībām meža augšņu notecēs (Bitenieks et al., 2022) un augsnes sēņu sabiedrībām (Kļaviņa et al., 2022).

Secinājumi:

1. Gēnu noteikšanas jeb molekulārās metodes ir tikušas izmantotas vai tiek plānotas izmantot tikai saistībā ar iepriekš nezināmām sugām un krabjiem ūdeņu monitoringa ietvaros, kā arī zivju, vēžu un nēģu monitoringā, kas iekļauts Natura 2000 vietu monitoringā.
2. Šīs metodes ir tikušas izmantotas arī abinieku un rāpuļu monitoringā, nosakot ezera vārdes klātbūtni un izplatību Daugavas un Lielupes baseinos un purva bruņurupuča klātbūtni, izmantojot vides DNS paraugu ievākšanu un analīzi Valsts (fona) monitoringā. Šajā monitoringa programmā arī zivju, vēžu, nēģu (tostarp invazīvo sugu), purva bruņurupuča, sarkanausu bruņurupuča un brūnā lāča monitoringā nākotnē varētu tikt izmantotas gēnu noteikšanas metodes.
3. Vides DNS izmantošanai zivju, vēžu un nēģu monitoringā nākotnē tiek plānota arī Invazīvo sugu monitoringa programmas ietvaros. Pašlaik vienu gadu ilga projekta ietvaros tiek noteiktas vismaz piecas invazīvās sugas: dzeloņvaigu vēzis *Orconectes limosus*, signālvēzis *Pacifastacus leniusculus*, rotans *Perccottus glenni*, saldūdens medūza *Craspedacusta sowerbii*, daudzveidīgā sēdgliemene *Dreissena polymorpha*.
4. Nevienā no monitoringa programmām netiek plānots izmantot gēnu noteikšanas metodes citām organismu grupām, piemēram, augiem, kukaiņiem un citiem dzīvniekiem.
5. Gēnu noteikšanas metodes ir iekļautas Nacionālajā meža monitoringā ģenētisko resursu mežaudžu koku ģenētiskās daudzveidības novērtējumā, sēklu plantāciju sēklu ražas ģenētiskās daudzveidības noteikšanā, un meža kaitēkļu un slimību monitoringā DNS analīzes tiek izmantotas ozolu mūķenes *Lymantria* sugu noteikšanai feromonu slazdos.
6. Molekulārās bioloģijas metodes tiek izmantotas augu veselības un bišu veselības uzraudzības jomās.
7. Nākotnē būtu iespējams izmantot molekulārās bioloģijas metodes gan ĢM augu hibridizācijas ar savvaļas augu vai kultivēto augu šķirņu noteikšanai, kā arī augsnes mikroorganismu populāciju raksturošanai.

Izmantotā literatūra

1. Aono, M., Wakiyama, S., Nagatsu, M., Nakajima, N., Tamaoki, M., Kubo, A., & Saji, H. (2006). Detection of feral transgenic oilseed rape with multiple-herbicide resistance in Japan. *Environmental Biosafety Research*, 5(2), 77-87.
2. Bauer-Panskus, A., Miyazaki, J., Kwall, K., & Then, C. (2020). Risk assessment of genetically engineered plants that can persist and propagate in the environment. *Environmental Sciences Europe*, 32(1), 32.
3. BIOR, 2022. Atskaite par references funkciju izpildi.
4. Bitenieks, K., Bārdule, A., Eklöf, K., Espenberg, M., Ruņģis, D. E., Kļaviņa, Z., ... & Lībiete, Z. (2022). The Influence of the degree of forest management on methylmercury and the composition of microbial communities in the sediments of boreal drainage ditches. *Microorganisms*, 10(10), 1981.
5. Brown, J., & Brown, A. P. (1996). Gene transfer between canola (*Brassica napus* L. and *B. campestris* L.) and related weed species. *Annals of Applied Biology*, 129(3), 513-522.
6. Canfora, L., Sbrana, C., Avio, L., Felici, B., Scatà, M. C., Neri, U., & Benedetti, A. (2014). Risk management tools and the case study *Brassica napus*: Evaluating possible effects of genetically modified plants on soil microbial diversity. *Science of the total environment*, 493, 983-994.
7. Carstens, K., Anderson, J., Bachman, P., De Schrijver, A., Dively, G., Federici, B., ... & Waggoner, A. (2012). Genetically modified crops and aquatic ecosystems: considerations for environmental risk assessment and non-target organism testing. *Transgenic research*, 21, 813-842.
8. Darmency, H. (1994). The impact of hybrids between genetically modified crop plants and their related species: introgression and weediness. *Molecular Ecology*, 3(1), 37-40.
9. Dulya, O., Mikryukov, V., Shchepkin, D. V., Pent, M., Tamm, H., Guazzini, M., ... & Tedersoo, L. (2024). A trait-based ecological perspective on the soil microbial antibiotic-related genetic machinery. *Environment International*, 190, 108917.
10. EPILOBEE, 2015. A pan-European epidemiological study on honeybee colony losses
11. 2012-2014. Version 2 (from 15th. September 2015)
12. Gamalero, E., Bona, E., & Glick, B. R. (2022). Current techniques to study beneficial plant-microbe interactions. *Microorganisms*, 10(7), 1380.

13. Gardner, C. M., Gwin, C. A., & Gunsch, C. K. (2018). A survey of crop-derived transgenes in activated and digester sludges in wastewater treatment plants in the United States. *Water Science and Technology*, 77(7), 1810-1818.
14. Guan, Z. J., Lu, S. B., Huo, Y. L., Guan, Z. P., Liu, B., & Wei, W. (2016). Do genetically modified plants affect adversely on soil microbial communities?. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 235, 289-305.
15. Klavina, D., Tedersoo, L., Agan, A., Adamson, K., Bitenieks, K., Gaitnieks, T., & Drenkhan, R. (2022). Soil fungal communities in young Norway spruce-dominant stands: footprints of former land use and selective thinning. *European Journal of Forest Research*, 141(3), 503-516.
16. Laforest, M., Martin, S., Soufiane, B., Bisailon, K., Maheux, L., Fortin, S., ... & Simard, M. J. (2022). Distribution and genetic characterization of bird rape mustard (*Brassica rapa*) populations and analysis of glyphosate resistance introgression. *Pest management science*, 78(12), 5471-5478.
17. Lebedev, V., Lebedeva, T., Tikhonova, E., & Shestibratov, K. (2022). Assessing impacts of transgenic plants on soil using functional indicators: twenty years of research and perspectives. *Plants*, 11(18), 2439.
18. Mandal, A., Sarkar, B., Owens, G., Thakur, J. K., Manna, M. C., Niazi, N. K., ... & Patra, A. K. (2020). Impact of genetically modified crops on rhizosphere microorganisms and processes: A review focusing on Bt cotton. *Applied Soil Ecology*, 148, 103492.
19. Nakajima, N., Nishizawa, T., Aono, M., Tamaoki, M., & Saji, H. (2020). Occurrence of spilled genetically modified oilseed rape growing along a Japanese roadside over 10 years. *Weed Biology and Management*, 20(4), 139-146.
20. Pepoyan, A. Z., & Chikindas, M. L. (2020). Plant-associated and soil microbiota composition as a novel criterion for the environmental risk assessment of genetically modified plants. *GM crops & food*, 11(1), 47-53.
21. Philippot, L., Ritz, K., Pandard, P., Hallin, S., & Martin-Laurent, F. (2012). Standardisation of methods in soil microbiology: progress and challenges. *FEMS Microbiology Ecology*, 82(1), 1-10.
22. Römbke, J., Bernard, J., & Martin-Laurent, F. (2018). Standard methods for the assessment of structural and functional diversity of soil organisms: a review. *Integrated Environmental Assessment and Management*, 14(4), 463-479.

23. Sagers, C. L., Londo, J. P., Bautista, N., Lee, E. H., Watrud, L. S., & King, G. (2015). Benefits of transgenic insect resistance in Brassica hybrids under selection. *Agronomy*, 5(1), 21-34.
24. Sohn, S. I., Pandian, S., Oh, Y. J., Kang, H. J., Ryu, T. H., Cho, W. S., ... & Shin, K. S. (2021). A review of the unintentional release of feral genetically modified rapeseed into the environment. *Biology*, 10(12), 1264.
25. Thiele-Bruhn, S., Schloter, M., Wilke, B. M., Beaudette, L. A., Martin-Laurent, F., Cheviron, N., ... & Römcke, J. (2020). Identification of new microbial functional standards for soil quality assessment. *Soil*, 6(1), 17-34.
26. Un Jan Contreras, S., & Gardner, C. M. (2022). Environmental fate and behaviour of antibiotic resistance genes and small interference RNAs released from genetically modified crops. *Journal of Applied Microbiology*, 133(5), 2877-2892.
27. Warwick, S. I., Legere, A., Simard, M. J., & James, T. (2008). Do escaped transgenes persist in nature? The case of an herbicide resistance transgene in a weedy Brassica rapa population. *Molecular ecology*, 17(5), 1387-1395.
28. Zhaolei, L., Naishun, B., Xueping, C., Jun, C., Manqiu, X., Zhiping, S., ... & Changming, F. (2018). Soil incubation studies with Cry1Ac protein indicate no adverse effect of Bt crops on soil microbial communities. *Ecotoxicology and environmental safety*, 152, 33-41.

2.12. Sēklu un augu pavairošanas materiāla monitoringa programma un rekomendācijas nepieciešamajiem uzlabojumiem

Sagatavoja Dr. biol. Lelde Grantīņa-Ieviņa

Sēklu un augu pavairošanas materiāla monitorings notiek atbilstoši Ministru kabineta rīkojums Nr. 525, Rīgā 2019. gada 22. oktobrī (prot. Nr. 49 38. §) Par Nacionālās bioloģiskā drošuma sistēmas attīstības plānu 2020.-2026. gadam. Paraugu ņemšana un molekulāri bioloģiskie izmeklējumi notiek Valsts Augu aizsardzības dienesta (VAAD) valsts budžeta apakšprogrammas "Augu veselība un augu aprites uzraudzība" prioritārā pasākuma "Augu veselības un augu uzraudzības nodrošināšana" ietvaros. Tas attiecas uz uzdevumu "Bioloģiskās daudzveidības nodrošināšana, tostarp ģenētiski modificēto organismu nenonākšana apkārtējā vidē (ĢMO uzraudzība)". Plānā ir paredzēts katru gadu veikt 40 pārbaudes, ņemot 40 sēklu paraugus un pasūtīt analīzes BIOR. Kopējie izdevumi ir 8680 EUR gadā.

Metodika šīs monitoringa programmas īstenošanai tika izstrādāta LAD finansēta projekta „Ģenētiski modificētu augu sēklu un pavairojamā materiāla iespējamo risku zinātniskā riska novērtēšana Latvijas teritorijā un risku vadības rekomendāciju izstrāde atbilstoši Latvijas agroekonomiskajiem apstākļiem” ietvaros 2016.-2018. gadā. Izstrādātā dokumenta nosaukums “Ģenētiski modificētu augu sēklu un pavairojamā materiāla riska vadības rekomendācijas atbilstoši Latvijas agroekonomiskajiem apstākļiem”.

Riska vadības rekomendācijas ietvēra, pirmkārt, prioritāro augu sugu sarakstu (rapsis, kukurūza, soja), otrkārt metodiku paraugu ņemšanai un testēšanai. Paraugu ņemšanas metodika ir balstīta uz Starptautiskās Sēklu testēšanas asociācijas (International Seed Testing Association (ISTA)) vadlīnijām. Sēklu testēšanas metodika ir balstīta gan uz ISTA vadlīnijām, gan uz Eiropas Savienības References laboratorijas par Pārtiku un barību (EURL GMFF) apstiprinātajām ĢM augu testēšanas metodēm.

Sēklu un augu pavairošanas monitorings tiek sekmīgi īstenots kopš 2017. gada, sākotnēji projekta ietvaros, bet pēc projekta beigām - VAAD valsts budžeta apakšprogrammas ietvaros. Eiropas Komisija sadarbībā ar dalībvalstu ekspertiem 2019. gadā izstrādāja sēklu testēšanas konverģences dokumentu⁸⁷, jo iepriekš ES nebija vienotas pieejas sēklu testēšanā. Arī BIOR

⁸⁷ https://food.ec.europa.eu/system/files/2020-07/reg-com_2001-18-ec_20200604_result_seed-testing-convergence.pdf

eksperti piedalījās šī dokumenta izstrādē. Šajā dokumentā ir dotas vispārīgas norādes. Līdz ar to iepriekš sagatavoto metodiku, kas bija iekļauta riska vadības rekomendācijās nav nepieciešams būtiski mainīt, bet tomēr daži precizējumi un papildinājumi ir nepieciešami:

- 1) Sēklu testēšanas konverģences dokumentā ir precizēts paraugu lielums. Darba paraugam (paraugam, ko izmanto testa porcijas pagatavošanai) jā sastāv no 3000 sēklām. Sēklas kartupeļiem, darba paraugam jā sastāv no 200 bumbuļiem; no katra bumbuļa jāņem neliela līdzīga svara daļa (piemēram, 1 g). Jāpiebilst, ka 3000 sēklas bija paredzētas kā minimālais sēklu parauga lielums arī Latvijā 2018. gadā izstrādātajās riska vadības rekomendācijās. Šis lielums tika noteikts tā, lai varētu sasniegt analītisko metožu detekcijas limitu (LOD) vismaz 0,1 %. Kartupeļu pavairojamais materiāls nebija starp prioritārajām augu sugām Latvijā, kuras būtu jāpārbauda ĢMO piesārņojuma kontekstā, līdz ar to, kartupeļu pavairojamais materiāls līdz šim nav ticis pārbaudīts.
- 2) Sēklu testēšanas konverģences dokumentā ir minēti parauga lieluma izņēmumi augstvērtīgām sēklām vai nelielām sēklu partijām. Lai ņemtu paraugus no augstvērtīgām sēklām vai nelielām sēklu partijām, mazāks parauga lielums būtu jākompensē ar citām pārbaudēm (piemēram, operatora ražošanas procesa izvērtējums, segregācija, izsekojamība, vecāku augu materiāla pārbaude utt.).
- 3) Pēc jaunā NGT regulējuma Eiropas Savienībā apstiprināšanas, varētu būt nepieciešams aktualizēt sēklu un augu pavairošanas materiāla monitoringa programmu.
- 4) BIOR laboratorija, uzkrājot pieredzi vairāku gadu garumā, ir veikusi atsevišķas izmaiņas paraugu testēšanā:
 1. Praktisku apsvērumu dēļ, metode augu hloroplastu introna gēna *trnL* amplificēšanai atbilstoši ISO 21569:2005 pielikumam A.2. „Augu hloroplastu daudzkopiju gēna (*trnL* introna) sekvenču noteikšana”, kas parāda, vai paraugā ir amplificējama augu DNS, tiek aizstāta ar konkrētajam augu taksonam specifiska gēna amplifikāciju. Sēklu materiāla testēšanā tagad tiek izmantoti sekojoši augu taksonam specifiskie gēni - *hmg* (high mobility group gēns kukurūzai), *cruA* (kruciferīna A gēns rapsim), *Lec* (lektīna gēns sojai) atbilstoši GMOMETHODS: EU Database of Reference methods <https://gmocrl.jrc.ec.europa.eu/gmomethods/>.
 2. Ir veiktas izmaiņas ĢMO skrīninga metožu izvēlē. Divi skrīninga elementi (*bar* gēns un *nptII* gēns) ir aizvietoti ar diviem citiem skrīninga elementiem (tE9 terminatoru un *Cry1Ab/Ac* gēnu). Jaunizveidotā skrīninga pieeja atbilst JRC 2021. gada

rekomendācijām⁸⁸ un sniedz labu ĢMO notikumu pārklājumu. Terminators tE9 ir zirņu ribulozes-1,5-bifosfāta karboksilāzes mazās subvienības (*rbcS*) gēna E9 terminators, kas ir izmantots vairākām ģenētiski modificētu augu līnijām. Tiek analizēts atbilstoši metodei GMO Methods: EU database of reference methods. Qualitative PCR method for detection of tE9 terminator (2016). Gēns *cry1Ab/Ac* ir modificēts gēns no baktērijas *Bacillus thuringiensis*, kas kodē insektu rezistences proteīnu. Gēna *cry1Ab/Ac* klātbūtni testē atbilstoši GMO Methods: EU database of reference methods, Qualitative PCR method for detection of cry1Ab/Ac gene (2017).

3. Papildus šiem skrīninga gēniem visi rapša sēklu paraugi tiek pārbaudīti uz ĢM rapša notikumam DP-073496-4 specifiska ģenētiskā materiāla klātbūtni, jo šīm rapša notikumam nav neviena skrīninga gēna. Testēšana tiek veikta atbilstoši metodei: Jacchia S., Bogni A., Mazzara M., Kreysa J.; "Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape DP-073496-4 Using Real-time PCR - Validation Report and Protocol - Sampling and DNA Extraction from Oilseed Rape"; Online Publication (2014). Kopš 2024. gada laboratorijā ir ieviesta metode rapša MON 94100 testēšanai atbilstoši metodei "Event-specific Method for the Quantification of Oilseed Rape MON 94100 Using Real-time PCR - Validation Report", kas publicēta 2022. gadā. Šim rapša notikumam arī nav neviena skrīninga gēna. Rapsis MON 94100 ir autorizēts ES 2023. gada 22. februārī. Savukārt katrs sojas sēklu paraugs atsevišķi jātestē uz sojas 305423 un CV127 klātbūtni, bet kukurūzas sēklu paraugi uz kukurūzas DAS-40278-9 klātbūtni, attiecīgi ar sekojošām metodēm: Quantitative PCR method for detection of soybean event DP-305423-1 (Mazzara et al., 2013) JRC Compendium of Reference Methods for GMO Analysis; EURL-GMFF Event-specific method for the quantification of soybean event CV127 using real-time PCR (EURL GMFF, 2011); Quantitative PCR method for detection of maize event DAS-40278-9 (Savini et al., 2012) GMO methods: EU Database of Reference Methods.
4. Kopš 2018. gada ir notikušas izmaiņas JRC piegādātajām gatavajām 96-bedrīšu reakciju platēm. Paraugi, kuriem skrīningā konstatēta kāda no skrīninga elementiem klātbūtne, tālāk tiek izmeklēti izmantojot JRC piegādātas gatavas 96-bedrīšu reakciju plates Event-specific Pre-Spotted Plates (Eve-PSP), ar kurām var noteikt 21 ģenētiski

⁸⁸ - "In Silico Proposal of Screening Strategies for Detecting EU Authorised GMOs", published on the EURL GMFF website at the end of October 2021 (https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/doc/FinalWebScreening_V10.pdf)

modificētas kukurūzas līniju (PSP-MAI-1-A) (1. attēls) un 15 sojas līnijas (PSP-SOY-1-A) (2. attēls). Rapsim šādas plates JRC pašlaik neražo. Nepieciešamības gadījumā tiek veiktas atsevišķas reakcijas ar ĢM notikumiem specifiskām metodēm.

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Sample 1	A	HMG	3272	5307	98140	BT11	Bt176	DAS 40278	DAS 59122	GA21	LY038	MIR 162	MIR 604
	B	MON 810	MON 863	MON 87427	MON 87460	MON 88017	MON 89034	NK603	T25	TC 1507	VCO 01981-5		
Sample 2	C	HMG	3272	5307	98140	BT11	Bt176	DAS 40278	DAS 59122	GA21	LY038	MIR 162	MIR 604
	D	MON 810	MON 863	MON 87427	MON 87460	MON 88017	MON 89034	NK603	T25	TC 1507	VCO 01981-5		
Sample 3	E	HMG	3272	5307	98140	BT11	Bt176	DAS 40278	DAS 59122	GA21	LY038	MIR 162	MIR 604
	F	MON 810	MON 863	MON 87427	MON 87460	MON 88017	MON 89034	NK603	T25	TC 1507	VCO 01981-5		
Sample 4	G	HMG	3272	5307	98140	BT11	Bt176	DAS 40278	DAS 59122	GA21	LY038	MIR 162	MIR 604
	H	MON 810	MON 863	MON 87427	MON 87460	MON 88017	MON 89034	NK603	T25	TC 1507	VCO 01981-5		

1.attēls. Kukurūzas Pre-Spotted Plates PSP-MAI-1-A izkārtojums.

	Sample 1		Sample 2		Sample 3		Sample 4		Sample 5		Sample 6	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	Lec	DP 356043	Lec	DP 356043	Lec	DP 356043	Lec	DP 356043	Lec	DP 356043	Lec	DP 356043
B	A2704	FG72	A2704	FG72	A2704	FG72	A2704	FG72	A2704	FG72	A2704	FG72
C	A5547	GTS 40-3-2	A5547	GTS 40-3-2	A5547	GTS 40-3-2	A5547	GTS 40-3-2	A5547	GTS 40-3-2	A5547	GTS 40-3-2
D	CV 127	MON 87701	CV 127	MON 87701	CV 127	MON 87701	CV 127	MON 87701	CV 127	MON 87701	CV 127	MON 87701
E	DAS 44406	MON 87705	DAS 44406	MON 87705	DAS 44406	MON 87705	DAS 44406	MON 87705	DAS 44406	MON 87705	DAS 44406	MON 87705
F	DAS 68416	MON 87708	DAS 68416	MON 87708	DAS 68416	MON 87708	DAS 68416	MON 87708	DAS 68416	MON 87708	DAS 68416	MON 87708
G	DAS 81419	MON 87769	DAS 81419	MON 87769	DAS 81419	MON 87769	DAS 81419	MON 87769	DAS 81419	MON 87769	DAS 81419	MON 87769
H	DP 305423	MON 89788	DP 305423	MON 89788	DP 305423	MON 89788	DP 305423	MON 89788	DP 305423	MON 89788	DP 305423	MON 89788

2. attēls. Sojas Pre-Spotted Plates PSP-SOY-1-A izkārtojums.

2.13. ĢMO un NGT augu vides monitorings attiecībā uz to spēju hibridizēties ar savvaļas augu sugām

Sagatavoja Dr. biol. Nils Rostoks

Darba mērķi, informācijas avoti un izvēlēta stratēģija

Dotā apskata **mērķis** ir izvērtēt jaunāko informāciju attiecībā ĢM augu, kā arī ar NGT iegūtu augu spēju hibridizēties ar savvaļas sugām, vai radniecīgām lauksaimniecības augu sugām, kas nav ģenētiski modificētas. Apskats fokusējas uz informāciju par šādiem gadījumiem ES, lai gan pieejama plaša informācija par līdzīgiem notikumiem arī citviet pasaulē. Apraksta sagatavošanā izmantotas 4 pieejas:

1. Par pamatu izmantojot 2019. g. autoru sagatavoto apskata rakstu par ĢM sēklu iespējamo izplatību (Rostoks et al. 2019).
2. Ekspertu pieredzi Eiropas pārtikas nekaitīguma iestādes (angl. *European Food Safety Authority*, EFSA) darbā, galvenokārt koncentrējoties uz Spānijas teosintes gadījumu.
3. Zinātniskās literatūras analīzi publiski pieejamās datubāzēs par ĢM un NGT augu spēju krustoties ar savvaļas augu sugām, vai radniecīgām lauksaimniecības kultūrām.
4. Ekspertu pieredzi institūta "BIOR" realizētajos projektos.

Papildus zinātniskajai literatūrai, plaši izmantoti dažādi EFSA dokumenti, tai skaitā vadlīnijas un zinātniskie atzinumi. ĢM augi un tai skaitā NGT augi atbilst Direktīvā 2001/18/EC noteiktajiem kritērijiem. Ņemot vērā iespējamus riskus saistībā ar transgēnu iespējamu izplatīšanos vidē, būtisks risku vadības aspekts attiecībā uz ģenētiski modificētiem organismiem (ĢMO) ir vides monitorings pēc produktu laišanas tirgū (angl. *post-market environmental monitoring*, PMEM). ĢM augu vides riska novērtējumu ES nosaka vairāki likumdošanas akti (Molitorisová et al. 2024), kā arī EFSA vadlīnijas⁸⁹. Tāpat būtiska autorizācijas sastāvdaļa ir produkta monitorings pēc tā autorizācijas PMEM. Jauno genoma tehnoloģiju (angl. *new genomic techniques*, NGT) pielietojums rada papildus izaicinājumus PMEM veikšanai (Dolezel et al. 2024).

⁸⁹ <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.2903/j.efsa.2010.1879>

Ievads

Viens no būtiskākajiem vides riska novērtējuma aspektiem attiecībā uz ĢM augiem ir to spēja izplatīties vidē, tai skaitā pārnest gēnus uz mikroorganismiem (*plant – to – microorganism gene transfer*) vai uz radniecīgiem kultūraugiem un savvaļas augiem (*plant – to – plant gene transfer*)⁹⁰. Šajā ziņojumā apskatīta tikai vertikālā gēnu pārnese no auga uz augu. Transgēnu DNS sekvenču izplatīšanās vidē un savvaļas populācijās ir iespējama, un tās potenciālā ietekme jau sen tiek rūpīgi izvērtēta dažādās kategorijās, piemēram, skat. pētījumu Lielbritānijā 1993. g. (Raybould and Gray 1993), kas izšķir 3 galvenos transgēnu izplatības veidus: 1) paša ĢM auga saglabāšanās vidē, piemēram, kā nezālei; 2) transgēna pārnese uz radniecīgu lauksaimniecības augu, kas var saglabāties vidē; 3) transgēna pārnese uz radniecīgu savvaļas augu, kas var saglabāties vidē. Dotais apskats fokusēsies uz 2. un 3. izplatības iespēju gan transgēniem, gan ar NGT iegūtiem augiem. Tāpat tiek izdalīta vertikālā un horizontālā gēnu pārnese, bet šis apskats fokusēsies uz vertikālo gēnu pārnesi (skat. 1. attēlu).

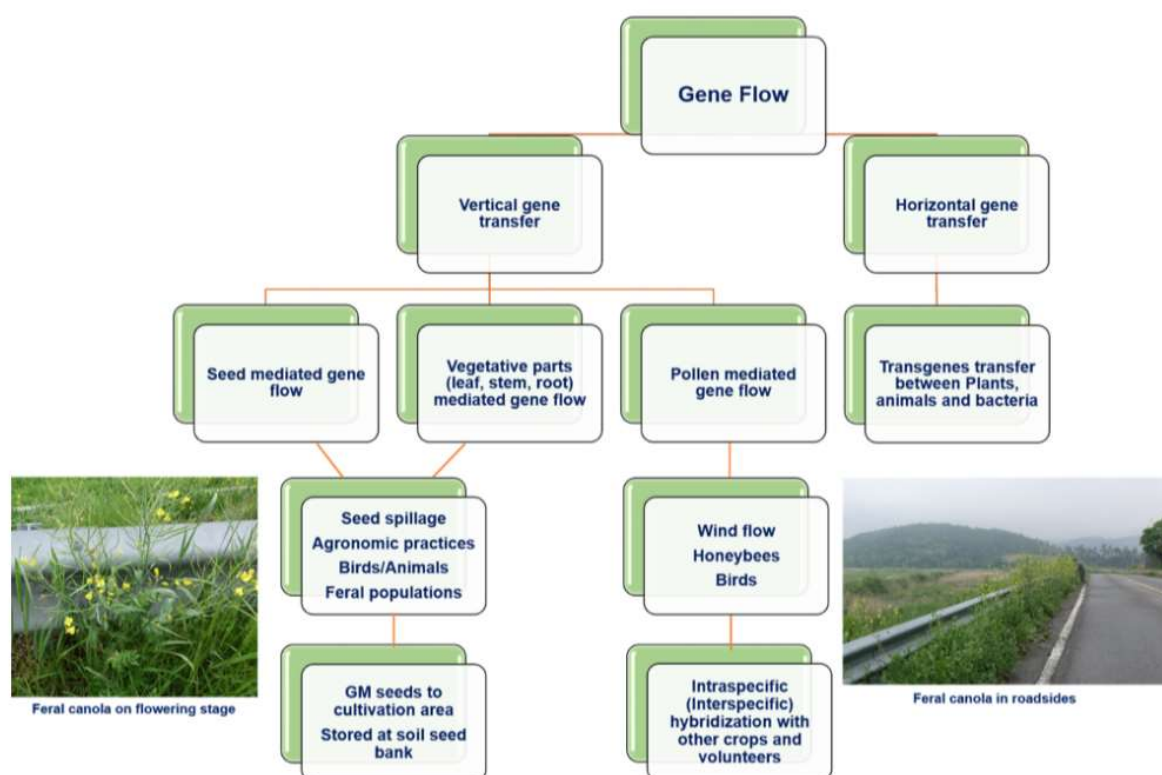


Figure 3. Overview of various methods of gene flow from GM crops.

1. attēls. Apkopojums par dažādiem iespējamiem transgēnu pārneses veidiem, kā piemēru izmantojot rapsi (Sohn et al. 2021).

⁹⁰ <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/ALL/?uri=celex%3A32013R0503>

Jāatzīmē, ka labi dokumentētu, zinātniskajā literatūrā aprakstītu transgēnu pārnesi ar putekšņiem uz savvaļas augiem nav daudz. Kā piemēru var minēt cp4 *EPSPS* gēna (glifosāta tolerance) pārnesi no ģenētiski modificētas ložņu smilgas (*Agrostis stolonifera*) uz savvaļas graudzālēm ASV (Reichman et al. 2006; Watrud et al. 2004). Šajā gadījumā transgēna klātbūtne tika konstatēta pat 10 – 15 jūdžu attālumā no ložņu smilgas lauka⁹¹. Šo gēnu plūsmu neapšaubāmi veicināja ložņu smilgas bioloģiskās īpatnības (vēja veikta svešappute), kā arī krustoties spējīgu graudzāļu klātbūtne savvaļā. Minētie transgēnu izplatīšanās veidi ir samērā vienkārši kontrolējami un pārbaudāmi, it īpaši ņemot vērā ierobežoto ĢM augu sugu skaitu, to nepiemērotību augšanai savvaļā, kā arī savvaļas radniecīgo sugu neesamību. Šajā kontekstā jāņem vērā, ka galvenās transgēnās vai ĢM augu kultūras ir soja, kukurūza, rapsis un kokvilna (ISAAA 2018), no kurām tikai viens kukurūzas notikums MON810 tiek audzēts arī ES. Tādējādi galvenais iespējamais krustojšanās cēlonis varētu būt ĢM augu sēklas, kas nejauši nonāk apkārtējā vidē transportēšanas laikā (Rostoks et al. 2019). Šajā kontekstā būtiski, ka savvaļas radnieki minētajām lauksaimniecības augu sugām ES ir tikai rapsim, kā arī nesen konstatētās kukurūzas savvaļas radnieku populācijas ES dienvidos (Trtikova et al. 2017). Jāņem vērā, ka NGT pielietojums vienlaicīgi gan paplašina modificēto sugu klāstu, gan arī dod iespēju veikt ļoti specifiskas modifikācijas un veidot jaunas pazīmes (Dolezel et al. 2024). Attiecībā uz augiem, kas veidoti ar NGT, jāizšķir 1) spēja noteikt izmaiņas genomā no 2) izmaiņu izcelsmes. NGT augi bieži vien satur nelielu skaitu precīzi definētu izmaiņu auga genomā, kuras visbiežāk var noteikt ar DNS sekvencēšanas metodēm. EFSA ir atzinusi, ka ar NGT veiktās izmaiņas nav atšķiramas no dabiskajām mutācijām augu genomā (EFSA GMO Panel et al. 2020; Rostoks 2021), tādējādi būtisks jautājums ir par spēju diferencēt NGT augus no tiem augiem, kas iegūti ar tradicionālajām mutaģenēzes metodēm, ja vien nav iepriekšējas informācijas par veiktajām izmaiņām. Zinātniskajā literatūrā ir piemēri, kas pierāda spēju identificēt NGT izmaiņas, piemēram, rapša genomā (Chhalliyil et al. 2020) ar reālā laika kvantitatīvā PCR palīdzību, vai rīsu genomā spējot identificēt viena nukleotīda nomaiņu un kvantitatīvi nosakot šīs alēles klātbūtni 0.1% līmenī ar augstas caurlaidspējas DNS sekvencēšanas metodi (Fraiture et al. 2023). Šo metožu pielietojums praksē nav viennozīmīgi skaidrs, jo tas nedod iespēju diferencēt NGT mutācijas no dabiskajām, vai ar tradicionālās mutaģenēzes metodēm iegūtajām (Zanatta et al. 2023). Vienu un to pašu pazīmi, piemēram, toleranci pret herbicīdiem var izraisīt

⁹¹ <https://sitn.hms.harvard.edu/flash/2015/challenging-evolution-how-gmos-can-influence-genetic-diversity/>

mutācijas, kas iegūtas ar ķīmisko vai jonizējošā starojuma mutāģenēzi, uz kurām neattiecas ĢMO Direktīvas 2001/18/EC prasības (Molitorisová et al. 2024), gan mutācijas, kas iegūtas ar CRISPR/Cas9 genoma rediģēšanas metodi, kas saskaņā ar ES Tiesas lēmumu ⁹² ir pakļautas ĢMO direktīvas prasībām.

ĢM un NGT augu spēju izplatīties vidē nosaka gan to spēja krustoties ar savvaļas radniekiem, gan arī to pielāgotība (angl. *fitness*). Daži transgēno augu piemēri ar izmainītu pielāgotību (lielākoties samazinātu) ir minēti (Bauer-Panskus et al. 2020) apskatā, piemēram, transgēns rīsu F1 hibrīds ar *Cry1C* gēnu uzrādīja zemāku pielāgotību, ja nebija kaitēkļu klātbūtnes, nekā F1 hibrīds bez transgēna (Huang et al. 2019), bet EPSPS gēna pārekspresija transgēnā *Arabidopsis* augā palielināja augsīna saturu un auglību (Fang et al. 2018). Pētījumā, kurā tika analizēta Bt toksīnu ekspresējošas rīsu līnijas augšana un konkurētspēja ar nezālēm, tika konstatēts, ka transgēnu saturošiem Bt rīsiem un nemodificētiem rīsiem ir salīdzināmi ekoloģiskie riski (Wang et al. 2023). Pētījums, kas analizēja ĢM sojas un savvaļas sugas hibrīdu, kas ekspresē *cp4 EPSPS* gēnu, parādīja, ka hibrīdiem raksturīga zemāka sēklu dīgšana, augstāka sēklu ražošana, kā arī biomasas un ražas pieaugums, kas var sniegt priekšrocības, bet EPSPS ekspresijai nebija ietekmes uz vitalitāti (Zhang et al. 2023).

Tradicionālās ģenētiskās modifikācijas metodes lauksaimniecībā ir vērstas uz to, lai novērstu transgēnu izplatīšanos vidē. To nosaka lauksaimniecības augu bioloģiskās un reproduktīvās īpatnības, piemēram, savvaļas radnieku neesamība audzēšanas vietās, parasti samazināta pielāgotība ārpus lauksaimniecības zemēm, reproduktīvās īpatnības un tml. Īpaši jāuzsver, ka lielākā daļa transgēnu noteikto fenotipu piešķir augiem priekšrocības tikai noteiktos apstākļos, piemēram, noteikta veida herbicīdu vai kaitēkļu klātbūtnē.

Šajā ziņā atšķirīgi ir gēnu dziņi (angl. *gene drive*), kas ar nodomu ir veidoti tā, lai organismi ar konkrēto gēnu, vai ģenētisko modifikāciju izplatītos populācijā (Bier 2022). Lai gan lielāko uzmanību pievērš gēnu dziņu pielietojums slimību vektoru, piemēram, odu apkarošanā (Connolly et al. 2024; Hammond et al. 2021), tomēr arī augu gadījumā ir iespējams izmantot gēnu dziņus, lai apkarotu, piemēram, pret herbicīdiem izturīgas nezāles⁹³, vai invazīvas sugas (Croghan et al. 2023).

⁹² CJEU judgment, Conf. Paysanne et al., 2018. Judgment of the Court (Grand Chamber) in the Case C-528/16. Confédération paysanne, Réseau Semences Paysannes, Les Amis de la Terre France, Collectif vigilance OGM et Pesticides 16, Vigilance OG2M, CSFV 49, OGM dangers, Vigilance OGM 33, Fédération Nature & Progrès vs. Premier ministre, Ministre de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt. (Request for a preliminary ruling from the Conseil d'État (Council of State, France))

⁹³ <https://www.science.org/content/article/first-synthetic-gene-drive-plants-could-help-eradicate-weeds>

Literatūras analīze balstoties uz ekspertu pieredzi analizējot ĢM sēklu izplatības iespējas

Lai gan vairums ĢMO produktu ir autorizēti tikai pārtikai un dzīvnieku barībai, tie var tik importēti gan kā gatavi produkti un izejvielas, gan arī kā veseli graudi vai sēklas. Ir labi dokumentēta to spēja izplatīties vidē transportēšanas ceļu tuvumā, piemēram, pie dzelzceļa līnijām, lai gan tas neatstāj negatīvu ietekmi uz vidi. Vidē nonākušie ĢM augi var veidot savvaļas populācijas, it īpaši degradētās teritorijās, kā arī atsevišķos gadījumos var krustoties ar tās pašas sugas lauksaimniecības augiem, vai radniecīgiem savvaļas augiem. Krustošanās ar radniecīgiem lauksaimniecības augiem ir samērā rets notikums. Salīdzinoši nesen (Rostoks et al. 2019) apskatīja ĢM augu sēklu iespējamo izplatīšanos Eiropas Savienībā, kas tika apliecināts arī ar praktiskiem pētījumiem Latvijā, konstatējot ĢM augu sēklu piemaisījumus divās sēklu partijās, kā arī piecos dzīvnieku barības paraugos, kas potenciāli saturēja veselus graudus (Grantina-levina et al. 2019). Piemēram, Šveicē dzelzceļa malās tika konstatēti pret glifosātu izturīgi rapša augi (Hecht et al. 2014), savukārt līdzīgs pētījums Vācijā pie Reinas upes tuvumā esošajām eļļas rūpnīcām konstatēja tikai vienu transgēnā rapša GT73 gadījumu no 1918 paraugiem (Franzaring et al. 2016). Būtiski atzīmēt, ka Šveicē novēroto savvaļas rapša populāciju veidošanās bija saistīta ar glifosātu saturošu herbicīdu pielietojumu dzelzceļa līniju apkopē, kā arī tas, ka netika novērota krustošanās ar savvaļas radiniekiem, vai konvencionālā rapša kultūrām. Literatūrā sastopama informācija, ka ĢM augu lauka izmēģinājumi var novest pie sēklu bankas veidošanās un ĢM augu periodiskas parādīšanās vidē. 1996. – 2001. g. Vācijā Saksijas – Anhaltes reģionā tika veikti lauka izmēģinājumi ar dažādiem ĢM rapša veidiem, tai skaitā ar ziemas rapša šķirnēm. 15 gadus pēc lauka izmēģinājumu izbeigšanas tika veikts monitorings lauka izmēģinājumu vietā un veiktas DNS analīzes dažādiem atrastajiem rapša paraugiem. Tika konstatēta ĢM rapšu klātbūtne atsevišķos gadījumos, kas apliecināja rapša sēklu spēju saglabāties augsnē ilgstošā laika periodā, taču netika novērota stabila populāciju veidošanās un izplatīšanās (Belter 2016).

Kopš 2019. g. veiktās literatūras analīzes ir parādījušies jauni apskata raksti, kas apkopo ĢM rapša nejaušu izplatīšanu vidē, piemēram, (Sohn et al. 2021). Autori dokumentē gan nejaušu ĢM rapša nonākšanu vidē (angl. *unintentional release*), gan rapša populāciju veidošanos (angl. *feral populations*). Tiek uzsvērts, ka lielāka varbūtība ir izplatībai ar sēklām, nekā ar putekšņiem, kaut arī rapsim radniecīgas savvaļas sugas ir sastopamas daudzviet pasaulē, tai skaitā Eiropā. Ja skatās plašāk uz valstīm, kas plaši audzē ĢM augus, tad tiek atzīts, ka ĢM rapsis var izplatīties vidē un veidot dinamiskas ferālās populācijas (Knispel and

McLachlan 2010), kā arī tika pierādīta gēnu plūsma starp ferālajām populācijā, ko apliecināja vairāku herbicīdu tolerances gēnu kombinēšanās (Knispel et al. 2008).

Spānijas teosintes piemērs

Vēl salīdzinoši nesen tika uzskatīts, ka no plašāk izplatītajām ĢM kultūrām, sojas, kukurūza, rapsis un kokvilna, savvaļas radinieki ES ir tikai rapsim. Tomēr nesen Spānijā un Portugālē tika konstatētas kukurūzai radniecīgas un teosintai morfoloģiski līdzīgas nezāles, kas ieguva nosaukumu Spānijas teosinte (Trtikova et al. 2017). Teosinte (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) tiek uzskatīta par mūsdienu kukurūzas (*Zea mays* ssp. *mays*) savvaļas radinieku un ir savākti pārliecinoši pierādījumi kukurūzas domestikācijai no teosintes tagadējā Meksikas teritorijā pirms aptuveni 9000 gadiem (Hake and Ross-Ibarra 2015). Teosinte vēl aizvien aug savvaļā Centrālajā Amerikā un var krustoties ar mūsdienu kukurūzu. Tai piemīt augstāka pielāgotība vietējiem klimata apstākļiem, bet mūsdienu lauksaimniecībai neatbilstošas morfoloģiskās un kvalitātes īpašības, tādēļ tā var tikt uzskatīta par nezāli. Trtikova et al. (2017) noskaidroja, ka Spānijas teosinte filoģenētiskajā analīzē nodalās no mūsdienu teosintes. Ģenētiskās analīzes norāda, ka tā visdrīzāk ir hibrīds starp *Zea mays* ssp. *mexicana* (teosintai radniecīga savvaļā augoša grupa) un kādu nezināmu kultivētu kukurūzas genotipu. Spānijas teosinte spēj krustoties ar mūsdienu kukurūzas šķirnēm, tādējādi izplatoties vidē kā nezāle (Trtikova et al. 2017). Ņemot vērā, ka Spānijā ap 30% no kukurūzas audzēšanas platībām audzē MON810 notikumu saturošas šķirnes, ir saprotams, ka transgēna pārņemšana uz Spānijas teosinti ir iespējama. Tas arī ir ticis parādīts (Lohn et al. 2021), lai gan putekšņu pārnese no ĢM kukurūzas uz teosinti bija neefektīva. Iegūtie hibrīdi ekspresēja Cry1Ab Bt toksīnu ar pierādāmu toksisko efektu uz *Ostrinia nubilalis* (Lohn et al. 2021). EFSA sniedza zinātnisko atzinumu par Spānijas teosinti 2016. g. (EFSA GMO Panel 2016) un papildināja to 2022. g. (EFSA GMO Panel et al. 2022). Paralēli veiktā pētījumā tika konstatēts, ka iespējamā kukaiņu rezistences, vai herbicīdu tolerances pārnese uz teosinti visdrīzāk nepalielinās nezāles populāciju, taču ir ieteicams izvairīties no nepārtrauktas viena veida ĢM kukurūzas audzēšanas vienā vietā un atkārtotas viena veida herbicīda lietošanas (Devos et al. 2018).

Literatūras meklēšana publiskajās datu bāzēs

Sistemātiskie literatūras apskati tiek plaši pielietoti sabiedrības veselības un medicīnas jomā. EFSA uzsāka to pielietojumu pārtikas un dzīvnieku barības jomā⁹⁴. Pareizi veikts sistemātiskais literatūras apskats dos uzticamu un visaptverošu pārskatu par doto problēmu, taču šis process ir resursu ietilpīgs, tāpēc to mēdz aizstāt ar tā saucamo tvēruma apskatu (angl. *scoping review*). Tvēruma apskati ir mazāk aptveroši un to metodoloģija nav precīzi definēta, bet vienlaicīgi tie ir arī mazāk resursietilpīgi. Tvēruma apskatus izmanto, piemēram, autorizācijas pieteikumu iesniedzēji (angl. *applicant*), kuri vēlas autorizēt EC ĢM pārtiku un dzīvnieku barību. Arī tvēruma apskatiem saskaņā ar EFSA 2019. g. paskaidrojošo ziņojumu⁹⁵ ir jābūt precīzi sagatavotam protokolam, kas definē apskata jautājumu, meklēšanas stratēģiju un skaidri formulē metodes informācijas meklēšanai, kategorizēšanai un apkopošanai.

Nemot vērā ierobežotos resursus, literatūras meklēšana datu bāzēs par transgēnu plūsmu tika balstīta uz eksperta līdzšinējo pieredzi un literatūras meklēšanu Web of Science un Scopus datu bāzēs, kas netika veikta saskaņā ar precīzi definētu protokolu. Kā atslēgas vārdus izmantoja “GMO”, “GM plant”, “cross”, “hybrid”, “hybridization”, “crop wild relative”, “wild plant” un tml., kurus apvienoja ar Būla operatoriem AND, OR un NOT dažādās kombinācijās. Lai izslēgtu publikācijas, kas saistītas ar pārtikas un dzīvnieku barības risku novērtēšanu, tika izslēgti atslēgas vārdi “toxic*” un “allergen*”. Piemēram, meklēšanas rinda <https://www.webofscience.com/wos/woscc/summary/3f3312c3-9ed6-4ce5-8c21-43e60b151166-01207fc30c/relevance/1> atrada vairāk nekā 7000 publikāciju Web of Science datubāzē, kas ir pārāk liels apjoms, lai to manuāli analizētu, turklāt ievērojams daudzums publikāciju ir saistītas ar agroekoloģijā svarīgu tēmu par gēnu plūsmu starp lauksaimniecības augiem un savvaļas sugām, bet nav saistītas tieši ar ĢM augiem un transgēnu plūsmu.

Transgēnu iespējamā izplatīšanās vidē ir viens no būtiskākajiem riskiem, kas saistīta ar ĢM augu audzēšanu, jo pastāv bažas par nemodificētu kultūru piesārņošanu ar ĢM materiālu, tāpēc iespējamā gēnu plūsma ir plaši pētīta, lai novērtētu, piemēram, nepieciešamos izolācijas attālumus. Pirms ĢM kukurūzas audzēšanas uzsākšanas Dienvidāfrikā, tika eksperimentāli izvērtēti attālumi, kas jāizmanto, lai novērstu transgēnu (putekšņu) plūsmu uz konvencionālās kukurūzas laukiem. Tika konstatēts, ka atkarībā no vēja virziena, ziedēšanas laika un putekšņu

⁹⁴ <https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/1637> un <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1614>
⁹⁵ <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2903/sp.efsa.2019.EN-1614>

daudzuma 45 m izolācijas attālums ir nepieciešams, lai samazinātu apputeksnēšanu līdz 0.1 – 1.0%, bet situācijās (ne-ĢM hibrīdo sēklu ražošana), kad nepieciešams nodrošināt zem 0.01% šķērsapputeksnēšanos, izolācijas attālumam jābūt vismaz 1.8 km (Viljoen and Chetty 2011). Lai novērtētu iespējamo transgēnu pārnesei ar putekšņiem no ĢM rapša *Brassica napus* uz savvaļas krustziežu nezāli *Brassica juncea*, tika veikti lauka izmēģinājumi, kuros blakus audzēja herbicīdu tolerantu mutaģenizētu (ne-ĢM) *B.napus* šķirni un *B.juncea* šķirni. Pirmajā izmēģinājumā sezonā hibrizācija netika novērota, bet otrajā sezonā, kad apzināti tika sinhronizēti abu šķirņu ziedēšanas laiki, tika novērota 1.62% hibrizācija, kas strauji samazinājās palielinoties attālumam. Autori pētījuma rezultātus interpretēja, kā indikāciju, ka spontāna hibrizācija starp *B.napus* un *B.juncea* ir maz ticama, it īpaši ņemot vērā, ka Japānā ĢM rapsis netiek audzēts, bet tiek importēts tikai pārtikai un dzīvnieku barībai (Tsuda et al. 2012). Salīdzinot ar plaši audzētām lauksaimniecības kultūrām, ĢM koki ir autorizēti salīdzinoši nelielā skaitā valstu, piemēram, ābele ASV, vai eikalipti Brazīlijā⁹⁶. Transgēnu izplatīšanās jautājums ir aktuāls arī ĢM koku gadījumā. Brazīlijā tika veikta eksperimentāla pārbaude ĢM eikaliptu sēklu un putekšņu pārnesei. Piecu gadu garumā pēc ĢM eikaliptu audzes izveidošanas netika novērota jaunu augu dīgšana no sēklām. Tas ir labi saprotams, jo Brazīlijā nav dabiskā eikaliptu augšanas vieta un tropiskajos klimata apstākļos dīgšiem ir zema konkurētspēja. Tika eksperimentāli pārbaudīta putekšņu plūsma uz netālu augošajiem ne-ĢM eikaliptiem, pārbaudot 420 dīgstus ar DNS analīzi, kas identificē transgēno konstrukciju. Tika konstatēta zema ĢM putekšņu pārnese (16% 3 m attālumā un 3% līdz 650 m attālumā). Korejā tika veikti lauka izmēģinājumi, kuros pētīja putekšņu pārnesei no glufosināta tolerantas ĢM sojas (*Glycine max*) uz savvaļā augošu radniecīgu sugu *G. soja*. Putekšņu atkarīgā gēnu plūsma bija 0.292% jauktu stādījumu gadījumā un 0.027% 8 m attālumā. Modelējot tika noskaidrots, ka lai panāktu mazāk nekā 0.01% gēnu plūsmu, nepieciešams 37.7 m attālums. Hibrīdie augi uzrādīja fenotipus, kas bija starpstāvoklis starp abiem vecākaugiem, bet pagarinātu sēklu miera stāvokli (angl. *dormancy*), kas ļautu tām saglabāties vidē (Yook et al. 2021).

Ekspertu pieredze BIOR realizētajos projektos

Zinātniskais institūts BIOR sadarbībā ar Valsts augu aizsardzības dienestu zinātniskā projekta “Ģenētiski modificētu augu sēklu un pavairojamā materiāla iespējamo risku

⁹⁶ <https://www.isaaa.org/gmapprovaldatabase/default.asp>

zinātniskā riska novērtēšana Latvijas teritorijā un risku vadības rekomendāciju izstrāde atbilstoši Latvijas agroekonomiskajiem apstākļiem” ietvaros veica dažādu sēklu paraugu monitoringu, lai noteiktu iespējumu ĢM sēklu klātbūtni. Vienā no rapša sēklu paraugiem tika konstatēts neliels <0.1% GT73 ĢM rapša piemaisījums⁹⁷. Ņemot vērā analizēto paraugu skaitu un lielo darba apjomu, piejaukums tika konstatēts tikai tad, kad sēklas bija jau izsētas un apsētās platības nācās iznīcināt. Diemžēl jautājums, kā radās piejaukums paliek neatbildēts, lai gan iespējami ir divi varianti: 1) ĢM sēklu fiziska piejaukšana nemodificētām sēklām, vai arī 2) ĢM rapša klātbūtne sēklu audzēšanas laukos, kā rezultātā notika šķērsapputeksnēšanās un izveidojās piejaukums sēklās. Pētījuma rezultāti norāda uz nepieciešamību veikt regulāru sēklu partiju monitoringu, vismaz galvenajām ĢM kultūraugu sugām.

NGT augu monitoringa jautājumi

NGT augi atšķirībā no tradicionālajiem ĢM augiem var saturēt ļoti daudzveidīgas izmaiņas genomā, sākot ar punktveida mutācijām līdz pat lielām insercijām, delēcijām un hromosomu translokācijām atkarībā no tā, vai tiek izmantoti bāzu redaktori, homologā rekombinācija, nehomologā galu savienošana, vai praimredīgēšana (angl. *prime editing*) (EFSA GMO Panel et al. 2020; Rostoks 2021). Tradicionālajiem ĢM augiem bieži sastopami noteikti ģenētiskie elementi, kas izmantojami kā skrīninga elementi, kā arī izstrādātas katram ĢM notikumam specifiskas kvantitatīvās noteikšanas metodes⁹⁸. Ņemot vērā plašo NGT augos iespējamo ģenētisko izmaiņu spektru, lielākā daļa metožu to noteikšana visdrīzāk balstīsies uz DNS sekvenču analīzi, vai nu veicot specifisku lokusu analīzi ar Sangera sekvenču sešanu, vai pilnu genoma analīzi ar nākamās paaudzes DNS sekvenču sešanas metodēm (angl. *next generation sequencing*, NGS). Tiesa gan šādā gadījumā ir apgrūtināta kvantitatīva NGT augu materiāla proporcijas noteikšana, kas tomēr būtu nepieciešama, ja uz NGT augiem turpina attiecināt ĢMO likumdošanu. Lai gan ir metodes, kas var noteikt specifiskas SNP alēles daudzumu apvienotā (angl. *pooled*) paraugā, piemēram, (Kalendar et al. 2022), tomēr šo metožu pielietojums kompleksām pārtikas un dzīvnieku barības matricām, kas satur nelielus daudzumus fragmentētas DNS nav līdz galam pierādīts, bet skat. Fraiture et al. 2023. Kvantitatīva ĢM augu noteikšana un salīdzinošie izaicinājumi NGT augu noteikšanā ir apskatīti nesenā apskata rakstā (Guertler et al. 2023). Šajā apskatā tiek analizēti četri komercializētu

⁹⁷ <https://laukubizness.lv/zinas/rapsis/>

⁹⁸ <https://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/gmomethods/>

NGT augu piemēri, Calyno soja (SDN-1), Waxy kukurūza (SDN-1), tomāti ar paaugstinātu GABA koncentrāciju (SDN-1) un pret herbicīdu izturīgs rapsis (ODM).

Latvijas Universitātes Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultāte ir vadošā pētniecības iestāde Latvijā augu ģenētikas un biotehnoloģijas jomā. Tās rīcībā ir nepieciešamā ekspertīze un infrastruktūra molekulāri ģenētisko analīžu veikšanai gēnu plūsmas noteikšanai no transgēniem augiem uz nemodificētiem radniecīgiem kultūraugiem, vai savvaļas augiem. LU ir tā saucamā 36. panta organizācija, kas minēta EFSA dibināšanas regulā, respektīvi tā ir zinātniskā organizācija, kas darbojas vienā vai vairākos EFSA darbības virzienos. Kā zinātniskai organizācijai, LU darbībai ir zināmi ierobežojumi attiecībā uz pētniecības rezultātu izmantošanu regulētu produktu, piemēram, ĢMO uzraudzībā. LU zinātniskās laboratorijas nav akreditētas, tās nepiedalās Eiropas ĢMO laboratoriju tīklā (angl. European Network of GMO Laboratories, ENGL), tām nav pieeja Apvienotā pētniecības centra (angl. Joint Research Centre, JRC) izstrādātajiem ĢMO kvantitatīvās noteikšanas materiāliem. Attiecīgi LU laboratoriju iegūtie rezultāti nebūtu izmantojami, kā pierādījumi, piemēram, juridisku strīdu risināšanai ar zemniekiem, vai lauksaimniecības produkcijas tranzīta un pārstrādes uzņēmumiem. Šīs funkcijas Latvijā pilda zinātniskais institūts BiOR.

Ņemot vērā augstāk minēto, atbilstoša finansējuma gadījumā un iesaistot monitoringā attiecīgās jomas speciālistus, varētu ievākt augu paraugus un veikt to molekulārās analīzes, tai skaitā DNS sekvenču analīzi, lai novērtētu iespējamu ĢM augu klātbūtni savvaļā vai lauksaimniecības zemēs, kā arī iespējamu gēnu plūsmu. Lai veiktu šādas darbības, būtu nepieciešama cieša sadarbība ar pārējām ĢMO un NGT vides monitoringa jomām, tai skaitā informācijas apribei, paraugu ievākšanai un tml. Piemēram, lai izsekotu iespējamai gēnu plūsmai no savvaļā nonākušām ĢM rapša populācijām uz rapša savvaļas radiniekiem, būtu vispirms nepieciešams identificēt šādas populācijas pēc morfoloģiskām pazīmēm piesaistot botānikas jomas ekspertus, kā arī noteikt iespējamus hibrīdus. Lai sašaurinātu monitoringa apjomu un attiecīgi samazinātu izmaksas paraugu molekulārajām analīzēm, būtu nepieciešama salīdzinoši precīza informācija par iespējamām vietām, kur ĢM rapša sēklas var nonākt apkārtējā vidē. Šajā kontekstā būtu nepieciešama cieša koordinācija starp pētniecības iestādēm, BIOR, VAAD un PVD, tieši BIOR speciālistiem uzņemoties koordinatora funkcijas.

Literatūras saraksts

1. Bauer-Panskus A, Miyazaki J, Kawall K, Then C (2020) Risk assessment of genetically engineered plants that can persist and propagate in the environment. *Environmental Sciences Europe* 32:32
2. Belter A (2016) Long-Term Monitoring of Field Trial Sites with Genetically Modified Oilseed Rape (*Brassica napus* L.) in Saxony-Anhalt, Germany. Fifteen Years Persistence to Date but No Spatial Dispersion. *Genes (Basel)* 7
3. Bier E (2022) Gene drives gaining speed. *Nature Reviews Genetics* 23:5-22
4. Chhalliyil P, Ilves H, Kazakov SA, Howard SJ, Johnston BH, Fagan J (2020) A Real-Time Quantitative PCR Method Specific for Detection and Quantification of the First Commercialized Genome-Edited Plant. *Foods* 9:1245
5. Connolly JB, Burt A, Christophides G, Diabate A, Habtewold T, Hancock PA, James AA, Kayondo JK, Lwetoijera DW, Manjurano A, McKemey AR, Santos MR, Windbichler N, Randazzo F (2024) Considerations for first field trials of low-threshold gene drive for malaria vector control. *Malaria Journal* 23:156
6. Croghan L, Smith AG, Tancos MA, Anderson NO, Becker RL (2023) Benefits and risks of gene drives for invasive plant management - the case for common tansy. *Frontiers in Agronomy* 5
7. Devos Y, Ortiz-García S, Hokanson KE, Raybould A (2018) Teosinte and maize × teosinte hybrid plants in Europe—Environmental risk assessment and management implications for genetically modified maize. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 259:19-27
8. Dolezel M, Lang A, Greiter A, Miklau M, Eckerstorfer M, Heissenberger A, Willée E, Züghart W (2024) Challenges for the Post-Market Environmental Monitoring in the European Union Imposed by Novel Applications of Genetically Modified and Genome-Edited Organisms. *BioTech* 13:14
9. EFSA GMO Panel (2016) Relevance of new scientific evidence on the occurrence of teosinte in maize fields in Spain and France for previous environmental risk assessment conclusions and risk management recommendations on the cultivation of maize events MON810, Bt11, 1507 and GA21. *EFSA Supporting Publications* 13:1094E
10. EFSA GMO Panel, Devos Y, Aiassa E, Muñoz-Guajardo I, Messéan A, Mullins E (2022) Update of environmental risk assessment conclusions and risk management recommendations of EFSA (2016) on EU teosinte. *EFSA Journal* 20:e07228

11. EFSA GMO Panel, Naegeli H, Bresson J-L, Dalmay T, Dewhurst IC, Epstein MM, Firkbank LG, Guerche P, Hejatko J, Moreno FJ, Mullins E, Nogué F, Sánchez Serrano JJ, Savoini G, Veromann E, Veronesi F, Casacuberta J, Gennaro A, Paraskevopoulos K, Raffaello T, Rostoks N (2020) Applicability of the EFSA Opinion on site-directed nucleases type 3 for the safety assessment of plants developed using site-directed nucleases type 1 and 2 and oligonucleotide-directed mutagenesis. *EFSA Journal* 18:e06299
12. Fang J, Nan P, Gu Z, Ge X, Feng YQ, Lu BR (2018) Overexpressing Exogenous 5-Enolpyruvylshikimate-3-Phosphate Synthase (EPSPS) Genes Increases Fecundity and Auxin Content of Transgenic Arabidopsis Plants. *Front Plant Sci* 9:233
13. Fraiture MA, D'Aes J, Guiderdoni E, Meunier AC, Delcourt T, Hoffman S, Vandermassen E, De Keersmaecker SCJ, Vanneste K, Roosens NHC (2023) Targeted High-Throughput Sequencing Enables the Detection of Single Nucleotide Variations in CRISPR/Cas9 Gene-Edited Organisms. *Foods* 12
14. Franzaring J, Wedlich K, Fangmeier A, Eckert S, Zipperle J, Krah-Jentgens I, Hunig C, Zughart W (2016) Exploratory study on the presence of GM oilseed rape near German oil mills. *Environmental Science and Pollution Research* 23:23300-23307
15. Grantina-levina L, levina B, Evelone V, Berga S, Kovalcuka L, Bergspica I, Jakovele A, Malisevs A, Valcina O, Rodze I, Rostoks N (2019) Potential risk evaluation for unintended entry of genetically modified plant Propagating material in Europe through import of seeds and animal feed – the experience of Latvia. *GM Crops & Food*:1-11
16. Guertler P, Pallarz S, Belter A, Eckermann KN, Grohmann L (2023) Detection of commercialized plant products derived from new genomic techniques (NGT) - Practical examples and current perspectives. *Food Control* 152:109869
17. Hake S, Ross-Ibarra J (2015) Genetic, evolutionary and plant breeding insights from the domestication of maize. *eLife* 4:e05861
18. Hammond A, Pollegioni P, Persampieri T, North A, Minuz R, Trusso A, Bucci A, Kyrou K, Morianou I, Simoni A, Nolan T, Müller R, Crisanti A (2021) Gene-drive suppression of mosquito populations in large cages as a bridge between lab and field. *Nature Communications* 12:4589
19. Hecht M, Oehen B, Schulze J, Brodmann P, Bagutti C (2014) Detection of feral GT73 transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) along railway lines on entry routes to oilseed factories in Switzerland. *Environmental Science and Pollution Research* 21:1455-1465

20. Huang Y, Wang Y-y, Qiang S, Song X-l, Dai W-m (2019) Fitness of F1 hybrids between stacked transgenic rice T1c-19 with cry1C*/bar genes and weedy rice. *Journal of Integrative Agriculture* 18:2793-2805
21. ISAAA (2018) *Biotech Crops Continue to Help Meet the Challenges of Increased Population and Climate Change*. ISAAA, Ithaca, NY
22. Kalendar R, Baidyussen A, Serikbay D, Zotova L, Khassanova G, Kuzbakova M, Jatayev S, Hu Y-G, Schramm C, Anderson PA, Jenkins CLD, Soole KL, Shavrukov Y (2022) Modified “Allele-Specific qPCR” Method for SNP Genotyping Based on FRET. *Frontiers in Plant Science* 12
23. Knispel A, McLachlan Sp (2010) Landscape-scale distribution and persistence of genetically modified oilseed rape (*Brassica napus*) in Manitoba, Canada. *Environmental Science and Pollution Research* 17:13-25
24. Knispel AL, McLachlan SM, Van Acker RC, Friesen LF (2008) Gene flow and multiple herbicide resistance in escaped canola populations. *Weed Science* 56:72-80
25. Lohn AF, Trtikova M, Chapela I, Binimelis R, Hilbeck A (2021) Transgene behavior in genetically modified teosinte hybrid plants: transcriptome expression, insecticidal protein production and bioactivity against a target insect pest. *Environmental Sciences Europe* 33
26. Molitorisová A, Purnhagen KP, Rostoks N, Eriksson D, Wasmer M (2024) Chapter 12 - Regulatory aspects of plants resulting from new genomic techniques in the European Union. In: Abd-Elsalam KA, Ahmad A (eds) *Global Regulatory Outlook for CRISPRized Plants*. Academic Press, pp 251-279
27. Raybould AF, Gray AJ (1993) Genetically Modified Crops and Hybridization with Wild Relatives: A UK Perspective. *Journal of Applied Ecology* 30:199-219
28. Reichman JR, Watrud LS, Lee EH, Burdick CA, Bollman MA, Storm MJ, King GA, Mallory-Smith C (2006) Establishment of transgenic herbicide-resistant creeping bentgrass (*Agrostis stolonifera* L.) in nonagronomic habitats. *Mol Ecol* 15:4243-4255
29. Rostoks N (2021) Implications of the EFSA Scientific Opinion on Site Directed Nucleases 1 and 2 for Risk Assessment of Genome-Edited Plants in the EU. *Agronomy* 11:572
30. Rostoks N, Grantiņa-Ieviņa L, Ieviņa B, Evelone V, Valciņa O, Aleksejeva I (2019) Genetically modified seeds and plant propagating material in Europe: potential routes of entrance and current status. *Heliyon* 5:e01242

31. Sohn S-I, Pandian S, Oh Y-J, Kang H-J, Ryu T-H, Cho W-S, Shin E-K, Shin K-S (2021) A Review of the Unintentional Release of Feral Genetically Modified Rapeseed into the Environment. *Biology* 10:1264
32. Trtikova M, Lohn A, Binimelis R, Chapela I, Oehen B, Zemp N, Widmer A, Hilbeck A (2017) Teosinte in Europe – Searching for the Origin of a Novel Weed. *Scientific Reports* 7:1560
33. Tsuda M, Okuzaki A, Kaneko Y, Tabei Y (2012) Relationship between hybridization frequency of *Brassica juncea* x *B. napus* and distance from pollen source (*B. napus*) to recipient (*B. juncea*) under field conditions in Japan. *Breeding Science* 62:274-281
34. Viljoen C, Chetty L (2011) A case study of GM maize gene flow in South Africa. *Environmental Sciences Europe* 23
35. Wang K-x, Zhang K-r, Cao C-g, Jiang Y (2023) Effect of Bt traits on transgenic rice's growth and weed competitiveness. *Journal of Integrative Agriculture* 22:2346-2358
36. Watrud LS, Lee EH, Fairbrother A, Burdick C, Reichman JR, Bollman M, Storm M, King G, Van de Water PK (2004) Evidence for landscape-level, pollen-mediated gene flow from genetically modified creeping bentgrass with CP4 EPSPS as a marker. *Proc Natl Acad Sci U S A* 101:14533-14538
37. Yook M-J, Park H-R, Zhang C-J, Lim S-H, Jeong S-C, Chung YS, Kim D-S (2021) Environmental risk assessment of glufosinate-resistant soybean by pollen-mediated gene flow under field conditions in the region of the genetic origin. *Science of The Total Environment* 762:143073
38. Zanatta CB, Hoepers AM, Nodari RO, Agapito-Tenfen SZ (2023) Specificity Testing for NGT PCR-Based Detection Methods in the Context of the EU GMO Regulations. *Foods* 12:4298
39. Zhang L, Liu L, Fang Z, Shen W, Dai Y, Jia R, Liang J, Liu B (2023) Fitness changes in wild soybean caused by gene flow from genetically modified soybean. *BMC Plant Biology* 23:424

2.14. Putnu monitorings

Sagatavoja Dr. biol. Indriķis Krams

I. TĒZES:

Ģenētiski modificētie (ĢM) augi var ietekmēt putnus, to populācijas un daudzveidību dažādos veidos – gan tieši, gan netieši. Šie efekti var būt gan pozitīvi, gan negatīvi, un tie ir atkarīgi no konkrētā modificētā auga veida, pielietotās tehnoloģijas un ekosistēmas, kurā augi tiek audzēti. Zemāk ir uzskaitīti galvenie iespējamie ietekmes veidi.

1. Izmaiņas putnu barības bāzē, biotopos un ekosistēmās.

Trofiskās ķēdes un tīkli. ĢM augi var mainīt pieejamās barības kvalitāti un kvantitāti. Ja tiek izstrādāti augi ar īpašībām, kas padara tos toksiskus kaitēkļiem (piemēram, *Bt* kukurūza vai kokvilna, kas paši sintezē toksīnus pret kukaiņiem), tas var negatīvi ietekmēt kukaiņu populācijas, kas ir putnu barības avots. Ja kukaiņu populāciju apjomi samazinās, putniem var kļūt grūtāk atrast pietiekamu barības daudzumu gan sev, gan saviem mazuļiem.

Biotopu izmaiņas. Dažu ĢM kultūru audzēšana var ietekmēt ekosistēmas, biotopus un ainavas, kuros putni dzīvo. Piemēram, ja tiek ieviestas kultūras, kas neprasa pesticīdu vai herbicīdu izmantošanu, tas var veicināt dabiskās veģetācijas atjaunošanos, nodrošinot vairāk dzīvotņu putniem. No otras puses, ĢM kultūras, kas samazina nezāļu daudzumu (piemēram, herbicīdu izturīgās kultūras), var iznīcināt vietējās augu sugas, kas putniem nodrošina kvalitatīvu un atbilstošu dzīves vidi.

2. Kukaiņu un sēklu pieejamība kā putnu barības avots.

Kukaiņu skaita samazināšanās. Dažas ĢM kultūras, piemēram, *Bt* kultūras, ir izstrādātas, lai atvairītu kaitēkļus, izdalot toksīnus. Tas var novest pie būtiska kukaiņu skaita un biomasas samazinājuma, kas ir būtisks barības avots putniem, īpaši kukaiņēdājiem.

Sēklu un citu augu daļu pieejamība. Daži ĢM augi var izraisīt izmaiņas augu sēklu struktūrā vai ķīmiskajā sastāvā, padarot tās mazāk pievilcīgas vai pat nepiemērotas putniem. Ja tas notiek, putniem būs grūtāk atrast piemērotu barību, kas var ietekmēt to izdzīvošanu un vairošanos.

3. Pesticīdu izmantošanas izmaiņas.

Pesticīdu izmantošanas samazināšanās. ĢM kultūras, kas ir izturīgas pret noteiktiem kaitēkļiem vai slimībām, var samazināt nepieciešamību pēc pesticīdu izmantošanas. Mazāka pesticīdu apjoma izmantošana var labvēlīgi ietekmēt putnu populācijas, jo tiek samazināta putnu un to barības avotu (kukaiņu) tieša saindēšanās.

Herbicīdu izmantošanas pieaugums. Dažas ĢM kultūras, piemēram, tās, kas ir izturīgas pret herbicīdiem (piemēram, pret glifosātu izturīgā soja un kukurūza), var radīt vilinājumu intensificēt herbicīdu lietošanu. Tas var samazināt nezāļu daudzumu tīrums un lauku tuvumā, kas nozīmē mazāk barības un dzīvotņu putniem, it īpaši tiem, kas atkarīgi no nezālēm un citiem vietējiem augiem.

4. Netiešās izmaiņas ekosistēmās.

Ekosistēmas līdzsvara izmaiņas. Kad tiek ieviestas ĢM kultūras, kas būtiski ietekmē kukaiņu un augu populācijas, tas var izraisīt netiešas izmaiņas ekosistēmā. Piemēram, plēsēju-putnu attiecības var tikt ietekmētas, ja mainās upuru (kukaiņu, grauzēju u.c.) pieejamība. Dažiem putniem var kļūt grūtāk atrast barību, savukārt citi var atrast vairāk brīvu dzīvotņu, kas var radīt nelīdzsvarotību un izmaiņas populāciju dinamikā.

5. Retās sugas un bioloģiskā daudzveidība.

Retās un apdraudētās putnu sugas – būtisks aspekts ĢM augu un putnu mijiedarbībā. Ja ĢM kultūras izraisa būtiskas izmaiņas ekosistēmā vai barības pieejamībā, īpaši maza izmēra putniem (vairāk pakļauti indēm), kuri ir atkarīgi no specifiskām barības vielām vai dzīvotnēm, tas var apdraudēt retās un apdraudētās sugas. Bioloģiskās daudzveidības zudums, ko izraisa intensīva ĢM kultūru audzēšana, var vēl vairāk apgrūtināt šo sugu izdzīvošanu.

Migrējošās putnu sugas. ĢM audzēšana lielās teritorijās var ietekmēt migrējošo putnu maršrūtus, it īpaši, ja migrācijas laikā samazinās pieejamās barības resursi. Tas var negatīvi ietekmēt to populāciju lielumu.

6. Tiešā toksicitāte un veselības riski.

Toksicitāte. Lai gan ĢM kultūras, piemēram, *Bt* kukurūza, tiek izstrādātas tā, lai tās iedarbotos tikai uz noteiktiem kaitēkļiem, pastāv risks, ka toksīni, kas paredzēti kukaiņiem, var

ietekmēt arī citu organismu grupas, ieskaitot putnus, ja tie tieši vai netieši patērē toksīnus, piemēram, ar barības ķēžu un tīklu starpniecību.

II. PROBLĒMAS APSKATS

Bioloģiskā daudzveidība pēdējās desmitgadēs ir būtiski cietusi visā pasaulē. Dzīvo organismu biodaudzveidība – sugu skaits, populāciju apjoms un to ģenētiskā variabilitāte turpina samazināties neskatoties uz Kunmingas-Monreālas globālās bioloģiskās daudzveidības ietvara (*Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework*) pieņemšanu.

Tiek prognozēts, ka nākamajās desmitgadēs lauksaimniecības patēriņš var pieaugt nepieredzētos apjomos. Tāpēc ir jāizstrādā tādas lauksaimniecības pārvaldes sistēmas, kas atbilst augošajam pārtikas pieprasījumam, bet ievēro arī bioloģiskās daudzveidības saglabāšanai pieņemtos starptautiskos dokumentus, kas paredzēti sekmēt bioloģiskās daudzveidības sniegto ekosistēmu pakalpojumu nodrošināšanu. Tiek uzskatīts, ka ģenētiski modificētas kultūraugi varētu kļūt par šādu lauksaimniecisko ekosistēmu sastāvdaļu, ja ĢM kultūras labvēlīgāk ietekmē vidi salīdzinājumā ar ģenētiski nemodificētajiem augiem gadījumos, kad lauksaimnieciskā ražošana ir jāintensificē. Tomēr vairāk nekā divas desmitgades pēc jaunās lauksaimnieciskās tehnoloģijas izmantošanas apstiprināšanas un plaša pielietojuma uzsākšanas joprojām nav līdz galam skaidrs, kā ĢM kultūras ir ietekmējušas bioloģisko daudzveidību, tajā skaitā putnu sugu un to populāciju daudzveidību. Daļēji tas ir skaidrojams ar to, ka ĢM lauksaimniecības kultūru ietekme uz putnu populācijām izrādījās neviendabīga ietekmes rezultātu ziņā.

Ir vispārpieņemts, ka putniem piemīt svarīga trofiskā ietekme uz lauksaimniecības kaitēkļiem (Kirk et al. 1996; Tremblay et al. 2001; Karp et al. 2013; Barbaro et al. 2017; Garcia et al. 2021). Putni, kas lauksaimniecības platības izmanto savu dzīvības procesu un vairošanās vajadzību nodrošināšanu, ir viens no lauksaimnieciskās ražošanas visnegatīvāk ietekmētajiem taksoniem. Tas ir it īpaši attiecināms uz tām sugām, kuru pārtikas resursi un biotops ir atkarīgi no lauksaimniecībā izmantojamās zemes (Hallmann et al. 2014; Rosenberg et al. 2019; Rigal et al. 2023). Šo putnu daudzveidības samazinājums bieži vien liecina, ka cietuši ir arī citi dzīvnieki un bioloģiskā daudzveidība kopumā. Tas tā ir tāpēc, ka putni ir ekosistēmu neatņemama sastāvdaļa un nozīmīgs ekosistēmas vispārējās veselības/labas funkcionēšanas rādītājs (Whelan et al. 2008; Gregory and Strien 2010). Svarīgs mehānisms, kas saista

lauksaimniecības intensifikāciju ar putnu daudzveidības samazināšanos, ir palielināta pesticīdu un herbicīdu lietošana (Li et al. 2020).

ĢM kultūru ieviešana ir ļoti būtiski mainījusi pesticīdu izmantošanas vajadzības un apjomus lauksaimnieciskajā ražošanā (Lee et al. 2023), kas var ietekmēt ne tikai putnu daudzveidību, bet arī visu bioloģisko daudzveidību kopumā. Tomēr trofiskās ķēdes un tīkli ir ļoti komplicēti, un, neraugoties uz vairākiem nopietniem eksperimentāliem lauka un laboratorijas pētījumiem, ĢM kultūru ietekme līdz galam nav skaidra. Jāpiezīmē, ka šo pētījumu rezultāti ir samērā skaidri parādījuši, ka ĢM kultūrām ir neliela tiešā ietekme uz bioloģisko daudzveidību (Carpenter 2011). Tomēr, tā kā šo kultūru platības strauji paplašinās un pārņem milzīgas platības uz dabisko ekosistēmu rēķina, ģenētisko modifikāciju ietekme uz kultūraugu apsaimniekošanu un putnu daudzveidību joprojām nav skaidri izprasta un pētījumi šajā jomā ir jāturpina.

ĢM kultūras (kukurūza, kokvilna, soja) pirmo reizi tika apstiprinātas un komerciāli ieviestas Amerikas Savienotajās Valstīs 1996.g. (Zilberman et al. 2013). ĢM kultūrās vēlamās kultūraugu īpašības netiek sasniegtas ar selekcijas palīdzību, bet gan tieši ievietojot gēnus kultūraugu genomā (Qaim 2009). ĢM kultūrām var būt daudz dažādu pozitīvu īpašību, taču svarīgākās pazīmes ir herbicīdu tolerance, kā arī rezistence pret kukaiņiem (Qaim 2009). Herbicīdu tolerantās (HT) kultūras satur gēnus, kas padara kultūraugus izturīgus pret specifiskiem plaša spektra herbicīdiem. Pret kukaiņiem izturīgas ir *Bt* kultūras (tās satur *Bacillus thuringiensis*, augsnes mikroba gēnu). Tās spēj sintezēt toksīnus, kas nomāc kukaiņu kāpuru augšanu vai tos noindē. Šīs ĢM īpašības palielina kaitēkļu apkarošanas efektivitāti, ļaujot lietot plaša spektra herbicīdus, neradot tiešu kaitējumu lauksaimniecības augiem vai padarot pašu kultūru izturīgu pret kaitēkļiem. Tāpēc ĢM augu izmantošana ietekmē pesticīdu lietošanas biežumu, to sastāvu un daudzumu, kas ietekmē pesticīdu toksicitāti un vispārējo apsaimniekošanas praksi, tostarp augseku un augsnes apstrādi. HT un *Bt* gēna pieejas var pielietot gan vienlaicīgi, gan atsevišķi. Piemēram, kukurūzu un kokvilnu galvenokārt audzē augos apvienojot gan HT, gan *Bt* īpašības. Savukārt ĢM soja ASV līdz šim ir pieejama tikai kā HT ĢM kultūra.

Herbicīdu tolerances īpašību pastiprināšana padarīja kultūraugus izturīgus pret specifiskiem plaša spektra herbicīdiem (piemēram, glifosāts, Dicamba u.c.). Tas, diemžēl, izraisīja ievērojamu šādu herbicīdu izmantošanas pieaugumu. Tomēr citu herbicīdu (mazāk plaša spektra) lietošana mazinājās (Coupe and Capel 2016). Šī maiņa var potenciāli ietekmēt

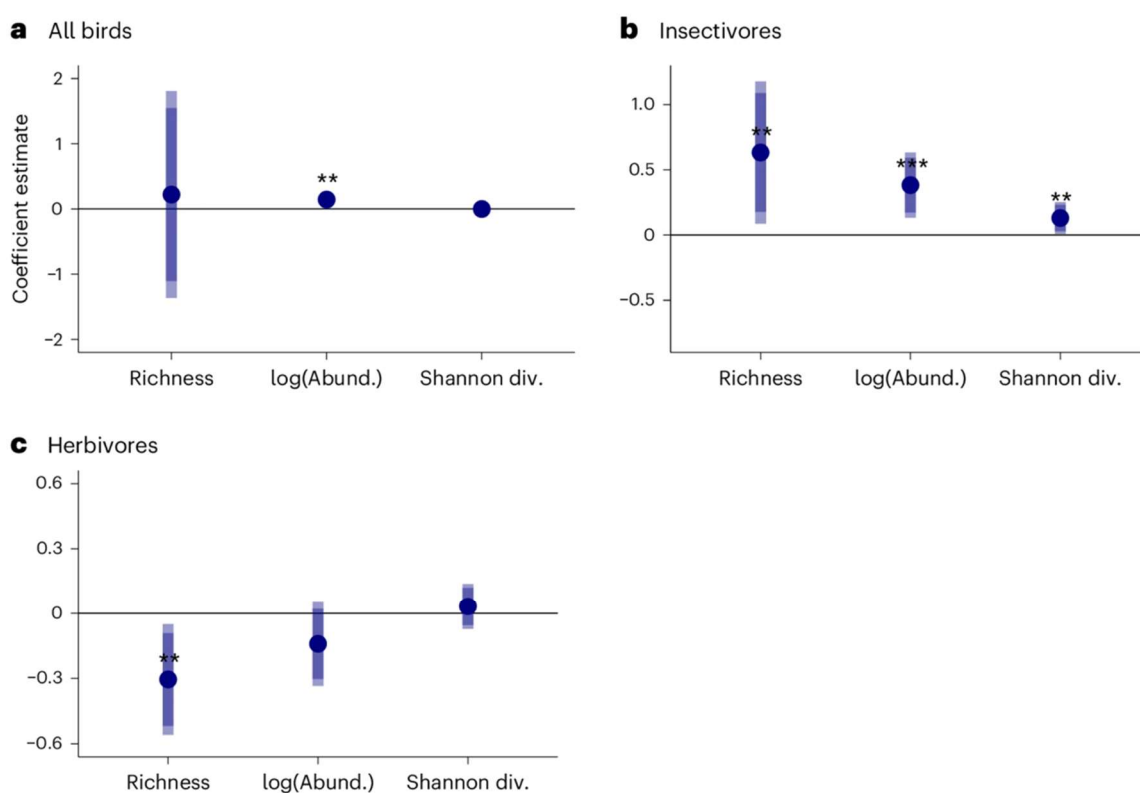
bioloģisko daudzveidību, jo jaunajiem herbicīdiem varētu būt atšķirīga toksicitāte, šķīdība ūdenī, kā arī to pussabrukšanas periods dabā var būt atšķirīgs no “vecajiem” herbicīdiem, kurus jaunākās paaudzes herbicīdi aizstāj (Cerdeira and Duke 2006). Turklāt šāda preparātu aizstāšana var būt saistīta ar izmaiņām izmantoto vielu daudzumā. Piemēram, kopējais lietoto herbicīdu daudzums palielinājās sojas pupiņām, nemainījās kokvilnai un samazinājās kukurūzai kopš ĢM šķirņu izmantošanas sākuma (Coupe and Capel 2016). Tāpēc šādas izmaiņas var tieši ietekmēt putnu daudzveidību. Turklāt preparātu maiņa var ietekmēt arī putnu populācijas netieši – ar to barības avotu starpniecību - palielinot nezāļu apkarošanas efektivitāti, potenciāli negatīvi ietekmējot savvaļas augus un kukaiņus, kā arī sugas ar augstāku trofisko līmeni – tie, kas pārtiek no lauksaimniecības ainavā ligzdojošiem putniem.

ĢM kukurūzas un kokvilnas pastiprinātai rezistencei pret kukaiņiem (*Bt* iezīme) bija būtiska ietekme uz insekticīdu lietošanu. Tiek uzskatīts, ka pirmajos 16 gados pēc ĢM kultūru apstiprināšanas kopējais insekticīdu patēriņš ir samazinājies par 41 miljoniem kg kukurūzas un par 14 miljoniem kg kokvilnas kultūrai (Benbrook 2012). Interesanti, ka *Bt* kultūraugi kopumā sintezēja kukaiņiem toksiskās olbaltumvielas daudz lielākos apjomos nekā saražoja ķīmiskā industrija, augu sintezētās olbaltumvielas atrodas šūnu iekšpusē. Līdz ar to indīgās vielas ietekmē tikai tos kukaiņus, kas barojas ar kultūraugu lapām, saknēm vai citām augu daļām (Benbrook 2012). Ja šis mehānisms darbotos tā, kā tas ir paredzēts ĢM augus veidojot, samazināta insekticīdu lietošana varētu dot labumu bioloģiskajai daudzveidībai, jo tas dotu iespēju izdzīvot tiem kukaiņiem, kuri nebojā kultūraugus. Visiem pārējiem bezmugurkaulniekiem ekosistēmā teorētiski arī ir lielākas izredzes izdzīvot šādu ĢM augu laukos un tīrumos.

Izmaiņas nezāļu un kukaiņu apkarošanas efektivitātē kopā ar potenciāli lielāku saimniecību peļņu un ģenētiski modificētu kultūru negatīvu ietekmi uz ģenētiski nemodificētām kultūrām (Lee et al. 2023), iespējams, izraisīja papildu netiešas izmaiņas lauksaimniecības ainavā, tostarp izmaiņas augsekā un kultūru daudzveidībā, kā arī augsnes apstrādē. Iepriekšējie pētījumi ir parādījuši, ka kultūraugu daudzveidības samazināšanās negatīvi ietekmē putnu daudzveidību (Strobl 2021).

2024.g. žurnālā *Nature Sustainability* publicētais zinātniskais raksts (Engist et al. 2024) parāda, ka ASV teritorijā ĢM kultūras kopumā pozitīvi un statistiski nozīmīgi ietekmēja putnu skaitu. Pētījums ir veikts visās lauksaimnieciski nozīmīgajās ASV pavalstīs, un putnu uzskaitu – monitoringa maršrutos, ko pilnībā ieskauj aramzeme, ĢM kultūru izmantošana izraisīja putnu

skaita pieaugumu par 14.3%. ĢM kultūru ietekme uz sugu daudzveidību arī kopumā bija pozitīva (1. att.).



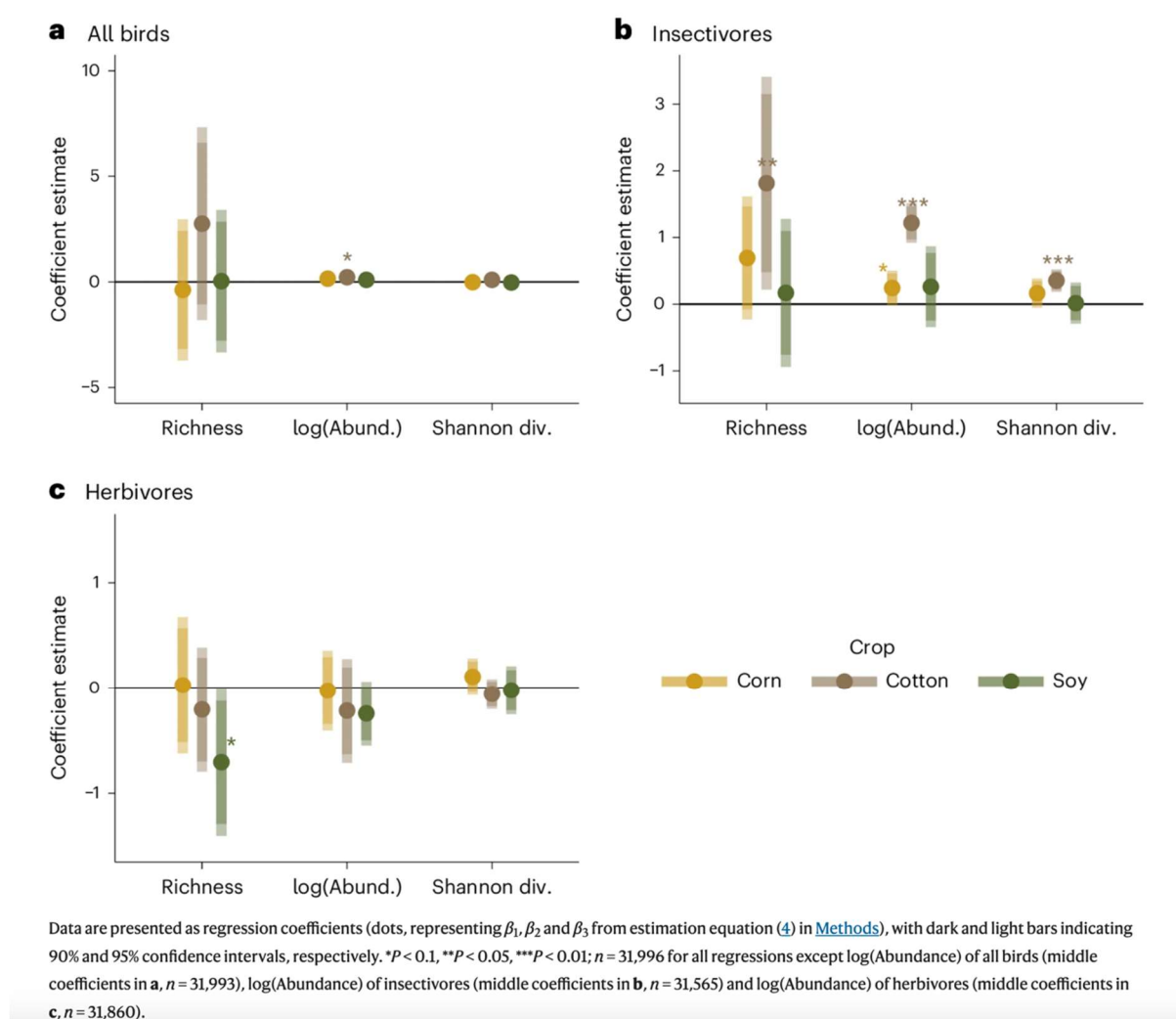
Data are presented as regression coefficients (dots, representing β from estimation equation (2) in [Methods](#)), with dark and light bars indicating 90% and 95% confidence intervals, respectively. ** $P < 0.05$, *** $P < 0.01$; $n = 31,996$ for all regressions except log(Abundance) of all birds (middle coefficient in **a**, $n = 31,993$), log(Abundance) of insectivores (middle coefficient in **b**, $n = 31,565$) and log(Abundance) of herbivores (middle coefficient in **c**, $n = 31,860$).

1. attēls. ĢM kultūru ietekme uz visiem putniem, kukaiņēdājiem un augēdājiem putniem.

ĢM kultūraugu izmantošanas ietekme uz kukaiņēdājiem putniem ir pozitīva un statistiski nozīmīga (skat 1. att.). Ir svarīgi atzīmēt, ka tas neatspoguļo absolūtās populāciju izmaiņas, bet parāda to, ka šīs putnu sugas ir vairāk sastopamas augsti ģenētiski modificētās kultūraugu platībās nekā platībās, kur ĢM kultūraugu ir maz. Kukaiņēdāju putnu daudzveidību atspoguļo arī Šenona indekss, kas parāda, ka līdz ar ĢM kultūru lielāku īpatsvaru kukaiņēdāju putnu populācijas ir kļuvušas daudzveidīgākas teritorijās ar augstu ĢM kultūru adopciju. Kopumā 1.att. parāda, ka ĢM kultūru izmantošana dažādas ekoloģiskās grupas ietekmē dažādi: ĢM augi pozitīvi ietekmē kukaiņēdājus, bet samazinot putnu sugas, kas pārtiek no augiem. Jāpiezīmē, ka ĢM augu ietekme uz putnu populācijām ir saskatāma tikai ilgstošākos laika posmos, kas norāda uz putnu skaita un ĢM modificēto augu komplicētu dinamiku laikā, kas būtu mērāma gados un gadu desmitos. Būtiski ir arī piebilst, ka Engist et al. 2024 pētījumā netika izmantotas īpašas šim pētījumam adaptētas putnu uzskaites, bet gan izmantoti dati no

ASV Nacionālās putnu uzskaišu shēmas (*The North American Breeding Bird Survey*) (Pardieck et al. 2020), kas parāda, ka putnu uzskaišu metodika var būt relatīvi vienkārša.

Engist et al. (2024) ir atklājuši, ka dažādu ĢM augu ietekme uz putnu daudzveidību var būt atšķirīga, kas liecina, ka katras kultūras ietekme uz putniem un pārējo vietējo faunu ir jāizvērtē atsevišķi. Autori atzīmē, ka dažādām ĢM augu kultūrām ir atšķirīgas audzēšanas prasības un atšķirīgs veģetācijas periods. Turklāt kukurūzu un kokvilnu audzē kā saliktas (HT un *Bt* īpašības vienā augā) kultūras, savukārt ĢM soju audzē tikai kā HT augus. ĢM kukurūzas ietekme putnu apakšparaugos ir plaša un pretrunīga; tai nav būtiskas ietekmes uz putnu kopējo skaitu, sugu daudzveidību un Šenona indeksu. ĢM modificētās kukurūzas ietekme uz kukaiņēdāju putnu sugu daudzveidību nav statistiski nozīmīga, savukārt tās ietekme uz kukaiņēdāju putnu skaitu ir pozitīva (2. att.).



2. attēls. ĢM kukurūzas, sojas un kokvilnas ietekme uz visiem putniem kopumā, kukaiņēdājiem un augēdājiem putniem.

ĢM kultūru kopējo pozitīvo ietekmi uz kukaiņēdājiem putniem lielā mērā nosaka ĢM kokvilna. Kokvilnas ietekme uz visiem trim putnu sabiedrību parametriem ir pozitīva un statistiski būtiska. ĢM kokvilnas ieviešana ir radījusi kukaiņēdāju putnu relatīvo pieaugumu par 122% (2. att.). Savukārt ĢM sojai nav *Bt* īpašību, kas var negatīvi ietekmēt kukaiņu dzīves norises, un ĢM sojas būtiski neietekmēja kukaiņēdāju putnu skaitu un sugu daudzveidību. Tomēr tā negatīvi ietekmēja putnus, kas pārtiek no augiem vai to daļām (2. att.).

Apkopojot visu iepriekš veikto pētījumu rezultātus, var ieskicēt šādas atziņas par ĢM kultūraugu ietekmi uz putnu populācijām un sugām: 1. ĢM kultūru ieviešana ir radījusi būtiskas izmaiņas lauksaimnieciskajā praksē visa pasaulē. 2. Tomēr līdz šim ĢM kultūru ietekme uz bioloģisko daudzveidību lielā mērā ir bijusi neskaidra. 3. Visjaunākie pētījumi dod iespēju padziļināti spriest par ĢM kultūru ietekmi uz putnu daudzveidību. Uz šo brīdi var ziņot par 3 svarīgākajiem rezultātiem: (1) ĢM kultūrām kopumā ir pozitīva ietekme uz putnu skaitu un mazāka ietekme uz sugu daudzveidību. (2) ĢM augu ietekme uz dažādām putnu ekoloģiskajām grupām ir neviendabīga; ĢM augi palielina kukaiņēdāju putnu skaitu, sugu daudzveidību, bet herbivorie putni izjūt ĢM augu negatīvāku ietekmi (vai tās nav vispār). (3) Nozīmīgākajām ĢM kultūrām ir atšķirīga ietekme uz putnu sugām: ĢM kokvilna konsekventi pozitīvi ietekmē kukaiņēdājus, bet ĢM sojas un ĢM kukurūzas ietekme uz putnu daudzveidību un skaitu ir mazāka.

Varam secināt, ka ĢM kultūru izmantošana kopumā bremzē putnu skaita samazināšanās tendences, kas gan var būtiski atšķirties un svārstīties ģeogrāfiski. No vienas puses ir zināms, ka granulētā karbofurāna izmantošana kukurūzas audzēšanai ir iznīcinājusi 17–91 miljonus dziedātājputnu gadā (Mineau 2005). Tomēr ir dati, ka liecina, ka arī atšķirīgas putnu sugas var reaģēt atšķirīgi – kas parāda, ka putnu sabiedrībās ĢM augu ietekme nav vienlīdzīga visām putnu sugām, jo kukaiņēdāji putni nebūt nav zaudētāji no ĢM kultūraugu ieviešanas (Engist et al. 2024). Pētījumi arī parāda to, ka tieši augu kultūru aizvietošana, kas vēl nesen prasīja lielus indīgo vielu daudzumus, ar ĢM šķirnēm, var būtiski un pozitīvi ietekmēt putnu populācijas un sugas (Coupe and Capel 2016). Tas liecina, ka putnu un dažādo ĢM augu savstarpējo ietekmi atšķirīgās planētas vietās, valstīs, ģeogrāfiskajos reģionos ir jāturpina pētīt. Turklāt tas izdarāms ar vienkāršu un jau esošu uzskaišu un monitoringa programmu palīdzību (Engist et al. 2024).

Pētījumu turpināšana ir svarīga arī saistībā ar putnu sastopamības biežumu. Kamēr ĢM augu ietekme paliek skaidrāka saistībā ar plaši izplatīto putnu sugu īpatņu skaitu un sugu

daudzveidību dabā kopumā. Tomēr daudz mazāka skaidrība ir par ĢM augu ietekmi uz retajiem un apdraudētajiem putniem. Ir ļoti svarīgi saistīt šīs ietekmes arī ar katras putnu sugas trofisko lomu ekosistēmās, putnu izmēriem (mazāki putni var smagāk reaģēt pat uz maziem indes daudzumiem), resursu pieejamība īstermiņa un ilgtermiņā.

Svarīgs faktors varētu būt arī pakāpeniska esošo pesticīdu nomaiņa ar jaunākām vielu grupām, jo dažādu vielu ietekme var būtiski atšķirties ne tikai saistībā ar putnu sugām, bet arī ar klimatu, veģetācijas perioda garumu un daudziem citiem faktoriem, piemēram, ķīmikālijas pussabrukšanas perioda un tās klātbūtnes ilguma augsnē un ekosistēmas augos.

Eiropā un Latvijā lielāka ietekme uz putnu populācijām un sugu daudzveidību varētu būt ĢM eļļas rapsim. Šai ĢM kultūrai var būt raksturīga gan rezistence pret herbicīdiem, gan pret kukaiņiem, taču šīs īpašības tiek pievienotas atkarībā no mērķa un audzēšanas vajadzībām. Tiek izmantoti divi galvenie ģenētiskās modifikācijas virzieni:

1. Herbicīdu izturīgs rapsis. Visbiežāk ģenētiski modificētais rapsis tiek modificēts, lai tas būtu izturīgs pret specifiskiem herbicīdiem, piemēram, glifosātu (Roundup Ready tehnoloģija). Šī izturība ļauj lauksaimniekiem izmantot herbicīdus, lai iznīcinātu nezāles, nekaitējot pašam kultūraugam. Tā palīdz pret nezāļu augšanu, uzlabo ražu un samazina nepieciešamību pēc augsnes apstrādes.

2. Insekticīdus sintezējošais rapsis (ar *Bt* gēnu). Lai gan ĢM augi, piemēram, kukurūza un kokvilna, bieži satur *B. thuringiensis* (*Bt*) mikroba gēnu, kas sintezē toksīnus reakcijā pret noteiktiem kaitēkļiem (piemēram, *Lepidoptera* kārtas kukaiņiem), rapsis parasti netiek plaši modificēts izmantojot šo tehnoloģiju. Lielākā daļa komerciālo ģenētiski modificēto rapša šķirņu ir veidotas tā, lai tās būtu rezistentas pret herbicīdiem, un tās parasti nesatur *Bt* gēnu. Mūsdienā ĢM rapsis nav plaši pazīstams kā kultūraugs ar rezistenci pret kukaiņiem, jo galvenā problēma rapša audzēšanā ir nezāles, nevis kukaiņi. Dažos pētījumos ir veikti eksperimenti ar *Bt* gēnu saturošiem rapšiem, taču šī pieeja nav padarīta par standartu komerciālajā rapša audzēšanā (Belter 2016; Mikhaylova et al. 2016).

Literatūrā ir atrodami daži zinātniski pētījumi, kas pēta ĢM eļļas rapša kultūru iespējamo ietekmi uz putnu populācijām, taču tie parasti koncentrējas uz netiešo ietekmi, piemēram, izmaiņām biotopā, pēta putnu barības pieejamību, un analizē plašākas izmaiņas ekosistēmās. Pētījumos par ģenētiski modificētām kultūrām, piemēram, eļļas rapsi, galvenokārt tiek pētīta to mijiedarbība ar vidi, rapša ietekme uz bioloģisko daudzveidību, gēnu plūsmu un noturību dabā.

Ir zināms, ka ĢM eļļas rapsis var saglabāties vidē daudzus gadus pēc audzēšanas, potenciāli ietekmējot augus, no kuriem putni ir atkarīgi ligzdošanas sezonā. Dažos gadījumos ĢM pazīmes var izraisīt izmaiņas nezāļu sabiedrībās vai kukaiņu populācijās, ar kurām putni barojas, kas var netieši ietekmēt putnu daudzveidību un skaitu. Tomēr tiešas liecības, kas saistītu ĢM eļļas rapsi ar būtiskām izmaiņām ligzdojošo putnu populācijās vai daudzveidībā ir limitētas. Var secināt, ka šī ĢM kultūra vēl gaida savu izpēti attiecībā pret tās ietekmi uz putnu daudzveidību un skaitu. Ir zināms, ka ĢM eļļas rapša izplatību var ietekmēt sēklu zudumi ražas novākšanas laikā, kad šīs sēklas var iekļūt augsnes sēklu bankās, kas var ietekmēt putnu barības resursus un biotopu kvalitāti ilgtermiņā. Tomēr šīs ietekmes apjoms atšķiras atkarībā no vietējiem apstākļiem, lauksaimniecības prakses un ģenētiski modificētās kultūras īpašajām iezīmēm (Belter 2016; Mikhaylova et al. 2016; Travers et al. 2024). Līdz ar to var secināt, ka ĢM eļļas rapša ietekme uz putnu populācijām ir problēma, kura gaida savu izpēti, un rezultāti varētu būt atkarīgi no vietējiem ekoloģiskajiem faktoriem un lauksaimniecības pārvaldības prakses.

Tāpēc, lai arī ĢM augi šobrīd rada pozitīvu ietekmi uz kukaiņēdājiem putniem, mums ir jāreķinās ar to, ka ģenētiski modificētu kultūru izmantošanai var būt vēl neparedzētas un negatīvas sekas, kas var negaidīti mainīt ekoloģisko mijiedarbību un ekosistēmu pakalpojumus. Svarīgi ir piebilst, ka ĢM kultūru ilgtermiņa ietekme pēc kāda laika var izrādīties ļoti atšķirīga no tā, ko esam novērojuši līdz šim. Piemēram, tā kā ĢM kultūraugi ir saistīti ar spēcīgu atkarību no atsevišķiem herbicīdiem, tie veicina pret herbicīdiem rezistentu nezāļu attīstību, kas nākotnē varētu ļoti būtiski palielināt pesticīdu lietošanas līmeni. Nav jāaizmirst, ka ĢM kultūru attīstību lielā mērā nosaka lauksaimniecības firmas un fermeri, kurus motivē peļņas maksimizēšana, nevis vides apsvērumi. Līdz ar to esošās putnu uzskaišu un monitoringa metodes ir ideāls instruments ĢM augu ietekmes izpētei gan šobrīd, gan arī nākotnē. Tomēr līdz šim putnu uzskaites nav bijušas cieši piesaistītas ĢM augu kultūrām, lai izpētītu to tiešās un netiešās ietekmes uz putnu sabiedrībām un to barības bāzi. Līdz ar to Latvijā esošās monitoringa programmas būtu atbilstoši uzlabojamas. Līdz šim no putnu uzskaitēm un monitoringa programmām iegūtie dati var tikt izmantoti ĢM augu ietekmes analīzei, tomēr būtu jāievēro zināma piesardzība rezultātu interpretācijā, jo ĢM kultūraugu ekoloģiskā ietekme var būt atkarīga no vietējiem faktoriem un pētāmajām putnu sugām lokālajos apstākļos.

III. SECINĀJUMI:

ĢM ietekme uz putniem un to populācijām ir atkarīga no konkrētā auga, tehnoloģijas un vietējās ekosistēmas. ĢM audzēšana var samazināt nepieciešamību pēc indīgo vielu pielietošanas, tādējādi potenciāli uzlabojot putnu fizioloģiskās norises un putnu dzīves apstākļus, taču tajā pašā laikā intensīva herbicīdu izmantošana vai kukaiņu skaita samazinājums var negatīvi ietekmēt barības ķēdes un biotopus. Putnu populācijām un retajām sugām jāpievērš īpaša uzmanība, lai nodrošinātu, ka ĢM tehnoloģijas neapdraud bioloģisko daudzveidību. Esošās putnu uzskaites un monitorings ir jāturpina un jāpilnveido, lai tās tiktu ciešāk piesaistītas ĢM kultūraugu platībām. Monitoringa programmas ir jāmodificē arī saskaņā ar jaunākajiem pētījumiem par ĢM kultūraugu ietekmi uz putnu sugu un populāciju daudzveidību. Būtu jāparūpējas, ka notiek ne tikai putnu skaita izvērtēšana, bet arī tieša putnu populāciju ģenētiskās daudzveidības regulāra izpēte un monitorings.

Izmantotā literatūra

1. Barbaro, L. et al. Avian pest control in vineyards is driven by interactions between bird functional diversity and landscape heterogeneity. *J. App. Ecol.* 54, 500–508 (2017).
2. Benbrook, C. Impacts of genetically engineered crops on pesticide use in the US—the first sixteen years. *Environ. Sci. Eur.* 24, 24 (2012).
3. Belter, A. Long-Term Monitoring of Field Trial Sites with Genetically Modified Oilseed Rape (*Brassica napus* L.) in Saxony-Anhalt, Germany. Fifteen Years Persistence to Date but No Spatial Dispersion. *Genes* 7, 3 (2016).
4. Carpenter, J. Impact of GM crops on biodiversity. *GM Crops* 2, 7–23 (2011).
5. Cerdeira, A. & Duke, S. The current status and environmental impacts of glyphosate-resistant crops: a review. *J. Environ. Qual.* 35, 1633–1658 (2006).
6. Coupe, R. & Capel, P. Trends in pesticide use on soybean, corn and cotton since the introduction of major genetically modified crops in the United States. *Pest Manage. Sci.* 72, 1013–1022 (2016).
7. Engist, D., Guzman, L.M., Larsen, A. et al. The impact of genetically modified crops on bird diversity. *Nat Sustain* 7, 1149–1159 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41893-024-01390-y>

8. Garcia, D., Miñarro, M. & Martinez-Sastre, R. Enhancing ecosystem services in apple orchards: nest boxes increase pest control by insectivorous birds. *J. Appl. Ecol.* 58, 465–475 (2021).
9. Gregory, R. & Strien, A. Wild bird indicators: using composite population trends of birds as measures of environmental health. *Ornithol. Sci.* 9, 3–22 (2010).
10. Hallmann, C., Foppen, R., van Turnhout, C., de Kroon, H. & Jongejans, E. Declines in insectivorous birds are associated with high neonicotinoid concentrations. *Nature* 511, 341–343 (2014).
11. Karp, D. et al. Forest bolsters bird abundance, pest control and coffee yield. *Ecol. Lett.* 16, 1339–1347 (2013).
12. Kirk, D., Evenden, M. & Mineau, P. Past and current attempts to evaluate the role of birds as predators of insect pests in temperate agriculture. *Curr. Ornithol.* 13, 175–269 (1996).
13. Lee, S., Moschini, G. & Perry, E. Genetically engineered varieties and applied pesticide toxicity in US maize and soybeans: heterogeneous and evolving impacts. *Ecol.Econ.* 211, 107873 (2023).
14. Li, Y., Miao, R. & Khanna, M. Neonicotinoids and decline in bird biodiversity in the United States. *Nat. Sustain.* 3, 1027–1035 (2020).
15. Mikhaylova, E.V., Kuluev, B.R. & Khaziakhmetov, R.M. Assessment of the propensity for hybridization between genetically modified oilseed rape and its nontransgenic relatives. *Russ. J. Genet. Appl. Res.* 6, 684–697 (2016).
16. Mineau, P. Direct Losses of Birds to Pesticides—Beginnings of a Quantification General Technical Report (USDA Forest Service, 2005).
17. Qaim, M. The economics of genetically modified crops. *Annu. Rev. Resour. Econ.* 1, 665–694 (2009).
18. Pardieck, K., Ziolkowski Jr, D., Lutmerding, M., Aponte, V. & Hudson, M. North American Breeding Bird Survey Dataset 1966–2019 (USGS, 2020).
19. Rigal, S. et al. Farmland practices are driving bird population decline across Europe. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 120, e2216573120 (2023).
20. Rosenberg, K. et al. Decline of the North American avifauna. *Science* 366, 120–124 (2019).

21. Strobl, E. Preserving local biodiversity through crop diversification. *Am. J. Agric. Econ.* 104, 1140–1174 (2021).
22. Travers SE, Bishop DB, Sagers CL (2024) Persistence of genetically engineered canola populations in the U.S. and the adventitious presence of transgenes in the environment. *PLoS ONE* 19(5): e0295489 (2024).
23. Tremblay, A., Mineau, P. & Stewart, R. Effects of bird predation on some pest insect populations in corn. *Agric. Ecosyst. Environ.* 83, 143–152 (2001).
24. Whelan, C., Wenny, D. & Marquis, R. Ecosystem services provided by birds. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 1134, 25–60 (2008).
25. Zilberman, D., Kaplan, S., Kim, E., Hochman, G. & Graff, G. Continents divided: understanding differences between Europe and North America in acceptance of GM crops. *GM Crops Food* 4, 202–208 (2013).

2.15. Zinātniskā institūta BIOR tehniskā kapacitāte un praktiski apsvērumi uz masīvi paralēlu sekvencēšanu balstītai ĢMO testēšanai Latvijā

Sagatavoja M.Sc. biol. Juris Ķibilds

Visreālākais scenārijs uz sekvencēšanu balstītai vispārīgai ĢMO testēšanai šobrīd šķiet mērķa sekvenču bagātināšana un sekvencēšana ar kādu no otrās vai trešās paaudzes sekvencēšanas tehnoloģijām. Mērķa sekvencēm būtu jāklūst zināmām, veicot ĢMO autorizācijas procesu Eiropas Savienībā, tātad būtu pieejama informācija hibridizācijas zonžu un/vai praimeru izveidei, un otrās paaudzes sekvencēšana nu jau ir viegli pieejama daudzās laboratorijās Latvijā. Institūta "BIOR" rīcībā ir pietiekams tehniskais nodrošinājums, lai veiktu šāda veida testēšanu:

- 1) Pamata laboratorijas aprīkojums DNS izdalīšanai un sekvencēšanas bibliotēku sagatavošanai;
- 2) Illumina MiSeq un NextSeq 2000 sekvencēšanas iekārtas (otrās paaudzes tehnoloģija, kas ļauj iegūt daudz īsos nolasījumus) mērķētai vai pilna genoma sekvencēšanai;
- 3) Oxford Nanopore MinION iekārta (trešās paaudzes tehnoloģija, kas ļauj iegūt garākus nolasījumus nekā Illumina). Pateicoties jaunākajai Nanopore reaģentu versijai, jau ir iespējama pietiekama sekvenču kvalitāte, lai Nanopore datus nevajadzētu kombinēt ar nolasījumiem no Illumina apmierinošu rezultātu iegūšanai;
- 4) Lieljaudas skaitļošanas resursi sekvenču analīzei – spēkā esošs līgums par Rīgas Tehniskās universitātes HPC centra izmantošanu (pašlaik jaudīgākais superdators Latvijā).

Tā kā šāda izmeklējuma izmaksu lielāko daļu sastādītu ar sekvencēšanu saistīto reaģentu iegāde, ir iespējams aptuveni prognozēt, ar kādām minimālajām izmaksām būtu jāreķinās, ņemot vērā ražotāju norādītās reaģentu cenas. Tālāk dotas aptuvenas reaģentu izmaksas, izmantojot IDT xGen hibridizācijas zondes un Illumina sekvencēšanas tehnoloģiju:

- DNS izdalīšanas komplekts NucleoSpin Food (Macherey-Nagel) – 4 EUR/paraugs;
- Sekvencēšanas bibliotēku sagatavošanas komplekts Illumina DNA Prep ar indeksiem (Illumina) – 41 EUR/paraugs;

- Hibridizācijas oligonukleotīdu panelis Lockdown Probe Pool (IDT) (458 zondes*) – 15-140 EUR/paraugs – izmaksas atkarīgas no tā, cik daudz paraugi tiek apvienoti vienā sekvenčēšanas reizē;
- Hibridizācijas reaģenti xGen Hybridization and Wash v2 Kit (IDT) – 3-21 EUR/paraugs – izmaksas atkarīgas no tā, cik daudz paraugi tiek apvienoti vienā sekvenčēšanas reizē;
- Sekvenčēšanas reaģentu komplekts MiSeq Reagent Micro Kit v2 (300-cycles) (Illumina) – 265 EUR/paraugs.

*zonžu skaits hibridizācijas panelī (un līdz ar to paneļa kopējā cena) ir atkarīgs no tā, cik lielu skaitu un cik garas ģenētiskās modifikācijas panelī iekļauj. Palielinoties autorizēto ĢMO līniju skaitam, kas izmanto unikālus ģenētiskos elementus, attiecīgi būtu jāpievieno jaunas zondes. Šajā piemērā zonžu skaits ir tāds pats, kā tika izmantots Debode et al. (2019) pētījumā.

Reaģentu izmaksām klāt būtu jāērķina arī darbaspēka, iekārtu nolietojuma un datu analīzes izmaksas. Atšķirīgas izmaksas varētu veidoties, ja detekcijas metode tiktu balstīta uz citu mērķētās sekvenčēšanas tehnoloģiju vai citu ražotāju reaģentiem. Veidojot šādu, uz lielapjoma sekvenčēšanu balstītu ĢMO detekcijas metodi, būtu nepieciešams arī vērā ņemams darba apjoms, lai izstrādātu sekvenču datu bioinformātiskās analīzes darba plūsmu.

Ņemot vērā, ka ar šāda veida sekvenčēšanu nav iespējams kvantificēt atrasto ĢMO saturu testējamā materiālā, sekvenčēšana varētu kalpot kā skrīninga metode (atsevišķo ģenētisko modifikāciju klātbūtnes konstatēšanai, izmantojot nolasījumu kartēšanu pret references sekvenčēm) un kā papildus rīks nezināmu ĢMO raksturošanai (transģēno elementu insercijas vietu *de novo* salikšana un iegūto sekvenču salīdzināšana ar zināmajām). Pozitīvo paraugu kvantifikācijai joprojām būtu jāizmanto reālā laika PĶR vai digitālā PĶR, līdz ar to analīze un izmaksu kalkulācija veidotos no vairākām daļām. Salīdzinot uz sekvenčēšanu un reālā laika PĶR balstītu skrīningu, sekvenčēšanas priekšrocība ir iespēja vienā analīzē noteikt daudz lielāku skaitu ģenētisko modifikāciju, līdz ar to ir sagaidāms, ka sekvenčēšana kļūs ekonomiski izdevīgāka, palielinoties autorizēto ĢMO līniju skaitam, kuras ir jāiekļauj skrīningā.

Ģenētiski modificētu mikroorganismu (ĢMM) gadījumā, ja no testējamā parauga tiek izolēta dzīvotspējīga mikroorganismu kultūra, būtu iespējams izmantot standarta baktēriju pilna genoma sekvenčēšanas metodi, attiecīgi pielāgojot bioinformātisko analīzi. Taču tādā gadījumā rezultātu interpretācija varētu nebūt gana skaidra, jo nav oficiālu vadlīniju, kā šādus paraugus analizēt. Potenciālo ĢMM genomu bioinformātiskajai analīzei vai nu būtu jāizmanto *ad hoc* pieeja, vai arī varētu mēģināt pielietot Francijas un Itālijas zinātnieku izstrādātā un brīvi

pieejamā programmatūra DUGMO (Hurel et al., 2020), kura tomēr prasa specifisku ekspertīzi viltus pozitīvu rezultātu identificēšanai. Šī programmatūra gan nav atjaunināta kopš 2020. gada, kas vieš šaubas par to, vai tā joprojām ir saderīga ar mūsdienu IT sistēmām.

Ar sekvencēšanas palīdzību ir iespējams atklāt dažāda veida izmaiņas dažādu organismu genomos. Taču gadījumos, kad ĢMO nesatur nekādu ārējas izcelsmes ģenētisko materiālu (kā tas var būt jauno genoma rediģēšanas metožu pielietojuma rezultātā), līdzīgas vai identiskas sekvences konstatēšana testējamā materiālā vēl nesniedz informāciju par to, vai konkrētā sekvence radusies dabiski vai mākslīgi. Līdz ar to sekvencēšana var palīdzēt risināt dažādus ar ĢMO kontroli un testēšanu saistītus tehniskus izaicinājumus, bet nevar nekļūdīgi atšķirt genomiski rediģētus organismus no dabiskiem.

Kaut arī vairākos pētījumos ir parādīts masīvi paralēlo sekvencēšanas tehnoloģiju veiksmīgs pielietojums ĢMO analīzē, pirms plašas pielietošanas oficiālajā kontrolē vēl ir nepieciešami praktiski pētījumi un sekvencēšanas metožu validācijas, kas palīdzētu standartizēt gan sekvencēšanas, gan bioinformātikas metodes un noteikt piemērojamās kvalitātes kritērijus. Praktiski pielietojamu metožu izveidē liela nozīme ir arī ģenētisko modifikāciju references sekvenču ērtai pieejamībai regulāri aktualizētās datu bāzēs. Ja šādā datu bāzē tiktu iekļautas ģenētisko konstruktus sekvences no visiem pasaules reģioniem, parādītos arī iespēja ar vienu un to pašu sekvencēšanas metodi noteikt gan Eiropas Savienībā autorizētus, gan neautorizētus ĢMO.

BIOR zinātniski tehniskā kapacitāte ĢMO detekcijas un ĢMO vides monitoringa jomā

Institūta "BIOR" laboratorijās ir atbilstošs tehniskais nodrošinājums, lai varētu veikt dažāda veida laboratoriskos izmeklējumus, kas vērsti uz ģenētiski modificētu organismu DNS klātbūtnes noteikšanu dažādās matricās. Laboratorija ir akreditēta atbilstoši standarta LVS EN ISO/IEC 17025:2017 prasībām. Sākot no DNS ekstrakcijas, laboratorijās ir vairākas iekārtas dažāda veida paraugu malšanai un homogenizācijai, kā arī viss nepieciešamais aprīkojums gan manuālai, gan automatizētai nukleīnskābju izdalīšanai. Līdz šim ĢMO jomā DNS ekstrakcija tiek veikta manuāli. Automātisku nukleīnskābju izdalīšanu var veikt ar četrām KingFisher Flex platformām, kurās var lietot dažādu ražotāju reaģentus, kas balstīti uz magnētisko lodīšu principu. Polimerāzes ķēdes reakciju (PĶR) un reālā laika PĶR reaģentu maisījumu pagatavošanu vajadzības gadījumā arī var automatizēt, izmantojot pieejamo QIAgility pipetēšanas robotu. DNS mērķu detekciju var veikt vairākās reālā laika PĶR iekārtās (tai skaitā

Applied Biosystems 96 un 384 bedrīšu platformas, Qiagen un Bio-Rad), bet konvencionālās PĶR gadījumā reakcijas produktu detekciju var veikt ātri un ērti ar kapilārās elektroforēzes iekārtas palīdzību. Laboratorijā ir izveidota telpiskā konfigurācija, kas nodrošina pirms-PĶR un pēc-PĶR aktivitāšu atdalīšanu un materiālu vienvirziena plūsmu, tādējādi samazinot kontaminācijas riskus uz PĶR balstītos laboratoriskajos izmeklējumos un pētījumos.

Papildus šobrīd oficiālajā ĢMO kontrolē izmantotajām akreditētajām PĶR un reālā laika PĶR metodēm, Institūta "BIOR" rīcībā ir arī citas tehnoloģiskās platformas, kuras varētu izmantot ĢMO pētījumos un izmeklējumos, ja tiktu izveidotas vai ieviestas attiecīgas metodes:

- Uz mikročipu partīcijām balstītas digitālās PĶR iekārtas: vecākas paaudzes QuantStudio 3D un jaunākās paaudzes QIAcuity Four, kas var secīgi apstrādāt līdz pat četrām 96 lauciņu platēm bez cilvēka iejaukšanās.
- Illumina MiSeq un NextSeq 2000 otrās paaudzes DNS sekvenčēšanas iekārtas, kas nodrošina masīvi paralēlu sekvenčēšanu ar nolasījuma garumu līdz 2x300 bp – piemērotas ģenētiski modificētu mikroorganismu (ĢMM) vai mērķētu paneļu sekvenčēšanai.
- Oxford Nanopore MinION trešās paaudzes nukleīnskābju sekvenators, kas ļauj iegūt liela garuma nolasījumus lielā daudzumā, potenciāli noderīgs gan ĢMM, gan jauktu paraugu metagenoma sekvenčēšanai, gan mērķētiem paneliem.

Līdz ar sekvenčēšanas iekārtām, kas rada lielu datu apjomu, ir radusies un nodrošināta vajadzība pēc attiecīgas skaitļošanas un datu uzglabāšanas infrastruktūras – Institūta "BIOR" darbiniekiem ir pieeja Rīgas Tehniskās universitātes HPC centra superdatoram, lai veiktu sekvenču datu apstrādi. Bioinformātikajām analīzēm tiek izmantota galvenokārt nozarē atzīta brīvpieejas programmatūra.

Institūta "BIOR" darbinieki ik gadu piedalās starptautiskos semināros un simpozijos par ĢMO tematiku, kā arī starplaboratoriju salīdzinošajā testēšanā, tādējādi nepārtraukti uzturot un paaugstinot prasmes un kompetences šajā jomā. Ārpus darba ĢMO jomā laboratoriju darbiniekiem pabeigto un tekošo projektu un pētījumu ietvaros ir pieredze darbā arī ar tādām netradicionālām paraugu matricām kā ziedputekšņi, augsne, dažāda veida ūdeņi, dažādas virsmas, kukaiņi. ĢMO vides monitoringa kontekstā noderīgas varētu būt arī iestrādes zivju (jo īpaši lašu) paraugu vākšanā dabā un ģenētiskajos izmeklējumos, ūdens organismu vides DNS pielietojumā monitoringa mērķiem, kā arī aktivitātes, kas tiek veiktas bišu slimību nacionālās references laboratorijas darbības jomās. Liela pieredze ir arī darbā ar dažādu sugu baktērijām,

un nemodificētām baktērijām izmantotie laboratorijas protokoli būtu pielietojami arī darbā ar ĢMM. ĢMM analīzēs potenciāli noderīgas bioinformātikas prasmes pastāvīgi tiek apgūtas dažādosursos, un sekvencēšanas protokoli regulāri tiek pārbaudīti baktēriju genoma sekvencēšanas starplaboratoriju salīdzinošajos testos.

Izmantotā literatūra

1. Debode, F., Hulin, J., Charloteaux, B., Coppieters, W., Hanikenne, M., Karim, L., & Berben, G. (2019). Detection and identification of transgenic events by next generation sequencing combined with enrichment technologies. *Scientific reports*, 9(1), 1-9.
2. Hurel, J., Schbath, S., Bougeard, S., Rolland, M., Petrillo, M., & Touzain, F. (2020). DUGMO: tool for the detection of unknown genetically modified organisms with high-throughput sequencing data for pure bacterial samples. *BMC bioinformatics*, 21, 1-17.

SECINĀJUMI

1. Lai gan Latvijas nevalstisko un zinātnisko institūciju pieredze un kapacitāte ļauj veikt lielu daļu no nepieciešamajām vides fona un speciālajām monitoringa programmām, esošās regulārā monitoringa sistēmas ir tikai daļēji piemērotas ĢMO vispārīgās uzraudzības veikšanai. Vairākas būtiskas organismu grupas, kuras nonāktu tiešā saskarē ar ĢMO to potenciālās audzēšanas vai nejaušas izbiršanas gadījumā, tādas kā sliekas, kolembolas, augsnes mikroorganismi, kā arī tādi apputeksnētāji kā savvaļas bites un kameņes, vispār netiek monitorētas. Līdz ar to šiem organismiem bāzes līnijas dati visas Latvijas mērogā nav pieejami.
2. Būtisks daudzums informācijas tiek uzkrāts Lauku atbalsta dienesta datu bāzē, piešķirot Eiropas Savienības finansiālo atbalstu lauksaimniekiem, kas attiecināma gan uz izmantoto augu aizsardzības līdzekļu veidiem un apjomiem, gan konkrētu lauku vēsturi un daudziem citiem aspektiem. Šī informācija var tikt izmantota, lai nepieciešamības gadījumā izvērtētu ĢMO un/vai NGT audzēšanas vai nejaušas nonākšanas vidē ietekmi.
3. Bezmugurkaulnieku monitorings ir nozīmīgs Latvijas teritorijā, jo bezmugurkaulnieki veido pamatu ekosistēmu veselīgai funkcionēšanai un iegūtie rezultāti var tikt tiešā un netiešā mērā izmantojami ĢMO konstatēšanā un izpētē (piemēram, pēkšņu populāciju samazinājumu gadījumi var norādīt uz iespējamu ĢMO klātbūtni). Īpaši svarīgi ir izstrādāt vienotu metodiku kolembolu un citu augsnes sīkposmkāju ilglaicīgai izpētei ar ĢM kultivētās lauksaimniecības zemēs, ja ĢM augu audzēšana tiktu atļauta, kas ļautu novērtēt ietekmi uz augsnes bioloģisko daudzveidību un ekosistēmas funkcionēšanu.
4. Faunistisko grupu izmantošanai kā augsnes kvalitātes indikatoriem ir nepieciešams izvēlēties tādus organismus, kas ir dominējošie un sastopami visos augsnes tipos, ir liela to pārpilnība un liela bioloģiskā daudzveidība, un svarīga nozīme augsnes funkcionēšanā, ieskaitot, barības ķēdēs. Augsnes funkcijas, ko nodrošina vairākas sugas, ir izturīgākas pret dažādu apstākļu izmaiņām nekā tās augsnes funkcijas, kuras nodrošina tikai viena vai divas sugas. Tāpēc augsnes ekosistēmas noturība ir vēl viena augsnes īpašība, kas saistīta ar bioloģisko daudzveidību, un to uzskata par vērtīgu faktoru, kas būtu jāsaglabā.

5. Natura 2000 teritorijās ir būtiski veikt ilgtermiņa vides fona un speciālo monitoringu, lai novērtētu ĢMO ietekmi uz vietējām sugām un ekosistēmām. Ņemot vērā šo teritoriju saikni ar piegulošajām zemēm un Baltijas jūru, potenciālo ĢMO monitorēšana ir vitāli svarīga gan lokālā, gan reģionālā līmenī. Šajā kontekstā svarīgi izstrādāt specifiskas monitoringa metodikas (ņemot par pamatu jau aprobētās metodikas), kas pielāgotas vietējām dabas īpatnībām (sugām, ekosistēmām) un ņem vērā klimata izmaiņu radītas sugu migrācijas tendences.
6. Bioloģiskās daudzveidības izvērtēšana pārsvarā ietver koncentrēšanos uz sugām ar īpašu statusu (aizsargājamās sugas un biotopu indikatorsugas), neveicot vispārēju bioloģiskās daudzveidības rādītāju izvērtēšanu.
7. Ar agroekosistēmām tieši saistītie vai robežbiotopi tiek monitorēti tikai atsevišķos gadījumos, jo pārsvarā esošās sistēmas koncentrējas uz Eiropas nozīmes aizsargājamiem biotopiem. Ģenētiski modificētu augu iespējamās rudērālās populācijas būtu jāuzrauga tādās vietās kā tīrumu malas, ceļmalas lauku teritorijās un pārstrādes uzņēmumu apkārtnē, kā arī dzelzceļa tuvumā.
8. Nezāļu monitoringam būtu jānotiek regulāri visas Latvijas teritorijā, pastiprinātu uzmanību pievēršot iespējamai nezāļu rezistencei un izturībai pret herbicīdiem. Tā kā ir tendence pieaugt to gadījumu skaitam, kad potenciāli radusies herbicīdu rezistence, regulāra monitoringa sistēma palīdzētu savlaicīgi identificēt rezistences parādīšanos konkrētās teritorijās un veikt preventīvus pasākumus. Tas ļautu saglabāt lauksaimniecības efektivitāti un samazināt herbicīdu pārmērīgu lietošanu, vienlaikus ierobežojot rezistentu nezāļu izplatīšanos un mazinot ietekmi uz ekosistēmām un vidi.
9. Būtu nepieciešams izstrādāt anemofīlo augu putekšņu monitoringa metodes pielāgojumu ĢMO un/vai NGT augu monitoringa veikšanai.
10. ĢM ietekme uz putniem un to populācijām ir atkarīga no konkrētā auga, tehnoloģijas un vietējās ekosistēmas. ĢM audzēšana var samazināt nepieciešamību pēc indīgo vielu pielietošanas, tādējādi potenciāli uzlabojot putnu fizioloģiskās norises un putnu dzīves apstākļus, taču tajā pašā laikā intensīva herbicīdu izmantošana vai kukaiņu skaita samazinājums var negatīvi ietekmēt barības ķēdes un biotopus. Putnu populācijām un retajām sugām jāpievērš īpaša uzmanība, lai nodrošinātu, ka ĢM tehnoloģijas neapdraud bioloģisko daudzveidību. Esošās putnu uzskaites un monitorings ir jāturpina un jāpilnveido, lai tie tiktu ciešāk piesaistīti potenciālajām ĢM kultūraugu

platībām. Monitoringa programmas ir jāmodificē arī saskaņā ar jaunākajiem pētījumiem par ĢM kultūraugu ietekmi uz putnu sugu un populāciju daudzveidību. Būtu jāparūpējas, ka notiek ne tikai putnu skaita izvērtēšana, bet arī tieša putnu populāciju ģenētiskās daudzveidības regulāra izpēte un monitorings.

11. Latvijas augu kaitēkļu un slimību izraisītāju monitorings (Zemkopības ministrijas, Augu aizsardzības dienesta kompetence) nav vienlīdz attīstīts kā daudzu savvaļas aizsargājamo organismu uzskaitē (Klimata un enerģētikas ministrijas Valsts vides dienesta kompetence), bet to paredz EFSA vadlīnijas un tam ir milzīga ekonomiskā nozīme, lai izstrādātu efektīvus veidus kaitēkļu un slimību apkarošanā, kā arī CRISPR tehnoloģiju izmantošanā ilgtspējas veicināšanā nākotnē. Jaunu CRISPR/Cas vai citādi selekcionētu augu šķirņu un sējmateriāla izmantošana var tikt monitorēta kontekstā ar slimību un kaitēkļu izplatību un uzliesmojumiem, ļaujot zinātniski izsecināt šo uzlaboto kultūru efektivitāti augu rezistences palielināšanā reālos lauka apstākļos.
12. Jaunās paaudzes ĢMO izmantošana Eiropā ir atbalstāma konkurētspējas, vides drošības un veselīgas pārtikas nodrošināšanā; monitoringa programmas šīs tehnoloģijas izmantošana būtu jāintegrē ar agroekosistēmu izmantošanas, ražas datu, kaitēkļu un slimību efektīvāku monitoringu, lai palīdzētu izstrādāt jaunu kultūraugu šķirnes ar molekulārām metodēm un novērtētu to efektivitāti kaitēkļu rezistencē.
13. GMO un/vai NGT augu monitoringa veikšana prasa papildu izmaksas, kas saistītas ar ISO/IEC 17025 standarta iegūšanu un uzturēšanu, reaģentu iegādi, papildus darbinieku algošanu un papildu aparatūras nodrošinājumu. Pašlaik Latvijā ir tikai viena akreditēta laboratorija, kurā ir metodes ĢMO kvalitatīvai un kvantitatīvai noteikšanai pārtikā, barībā, sēklīs un augu pavairojamajā materiālā. Šobrīd īstenojams ir pirmās paaudzes ĢMO monitorings, bet NGT1 un NGT2 prasa katrai mutācijai specifisku metožu un pozitīvo kontroļu nodrošinājumu.
14. Pēc jaunā NGT regulējuma Eiropas Savienībā apstiprināšanas, varētu būt nepieciešams aktualizēt sēklu un augu pavairošanas materiāla monitoringa programmu.
15. Atbilstoša finansējuma gadījumā un iesaistot monitoringā attiecīgās jomas speciālistus, varētu ievākt augu paraugus un veikt to molekulārās analīzes, tai skaitā DNS sekvenču analīzi, lai novērtētu iespējamu ĢM augu klātbūtni savvaļā vai lauksaimniecības zemēs, kā arī iespējamu ģēnu plūsmu. Lai veiktu šādas darbības, būtu nepieciešama cieša sadarbība ar pārējām ĢMO un NGT vides monitoringa jomām, tai

skaitā informācijas aprītei, paraugu ievākšanai un tml. Piemēram, lai izsekotu iespējamai gēnu plūsmai no savvaļā nonākušām ĢM rapša populācijām uz rapša savvaļas radiniekiem, būtu vispirms nepieciešams identificēt šādas populācijas pēc morfoloģiskām pazīmēm piesaistot botānikas jomas ekspertus, kā arī noteikt iespējamus hibrīdus. Lai sašaurinātu monitoringa apjomu un attiecīgi samazinātu izmaksas paraugu molekulārajām analīzēm, būtu nepieciešama salīdzinoši precīza informācija par iespējamām vietām, kur ĢM rapša sēklas var nonākt apkārtējā vidē. Šajā kontekstā būtu nepieciešama cieša koordinācija starp pētniecības iestādēm, BIOR, VAAD un PVD, tieši BIOR speciālistiem uzņemoties koordinatora funkcijas.

PIELIKUMI

1.pielikums. Projekta darba grupas sanāksmes PROTOKOLS 1

Darba grupas sanāksme notiek klātienē BIOR telpās un attālināti, izmantojot Zoom.

Sākums 2024. gada 7. jūnijā, plkst. 14:30. Piedalās ĢMO projekta vadītāja, projekta eksperti un Inese Aleksejeva no Zemkopības ministrijas. Sanāksmes dalībnieku saraksts ir dots pielikumā.

Sanāksmi protokolē: projekta vadītāja L. Grantiņa-Ieviņa.

1. Sanāksmes sākumā dalībnieki iepazīstina ar sevi. Daļai ekspertu nav līdz šim bijusi saskare ar ĢMO.
2. Tālāk seko projekta vadītājas prezentācijas. Izskatītie jautājumi ir vispārīgi par ĢMO riska vērtēšanu, lai eksperti iegūtu priekšstatu par to.
 - 1) Kas ir ĢMO riska un ĢMO vides riska vērtēšana?
 - 2) NGTs un gēnu dziņi;
 - 3) Ruderālo rapša populāciju monitorings ar ģenētiski modificētiem augiem potenciāli piesārņotās teritorijās un citi veiktie pētījumi 2023. gadā;
 - 4) Norādes projekta ārējiem ekspertiem par veicamajiem darba uzdevumiem.
3. Pēc prezentācijas par ruderālo rapša populāciju monitoringu ar ģenētiski modificētiem augiem potenciāli piesārņotās teritorijās un citiem veiktajiem pētījumiem 2023. gadā eksperts Zigmunds Orlovskis pastāsta par savu pieredzi Beļģijas uzņēmumā, kas strādāja ar cukurbietēm. Eksperts stāsta par robustu metodi liela paraugu skaita skrīninga veikšanai, izmantojot ūdens vannas PCR mašīnu vietā. Jautā arī par to, kā BIOR nosaka metožu detekcijas sliekšni (*limit of detection*, LOD) sēklu testēšanai. Vai tiek jauktas ĢM augu sēklas kopā ar ne-ĢMO augu sēklām noteiktās attiecībās? Projekta vadītāja atbild, ka dalībvalstu nacionālajām references laboratorijām nav pieejams references materiāls sēklu veidā, bet gan pulverveida vai DNS formā. Daļai ĢMO notikumu references materiāls ir pieejams dažādās koncentrācijās, bet ne visiem. Pirms dažiem gadiem, nosakot skrīninga metožu LOD, BIOR laboratorija orientējās uz to, lai sasniegtu 0,1 % m/m. Tiek pieminēts, ka Latvijā sēklās ĢMO piemaisījumi nedrīkst būt vispār (nulle tolerance).
4. Eksperts Z. Orlovskis komentē Eiropas Komisijas NGT regulējuma 1. Pielikuma ekvivalences kritērijus. Eksperts uzskata, ka dabā notiek daudz lielāka skaita mutāciju uzkrāšanās viena gada laikā nekā 20 nukleotīdi. Eksperts uzskata, ka NGT tehnoloģijas ir zaļās tehnoloģijas. Kaut kādi riski varētu būt herbicīdu tolerancei. Eksperts Nils Rostoks komentē, ka Komisijas piedāvātie ekvivalences kritēriji ir riska vadības jautājumi. Atzinīgi vērtē to, ka Latvija ir nobalsojusi pozitīvi par šo Komisijas piedāvāto regulējumu.
5. Pēc prezentācijas par veicamajiem darba uzdevumiem projekta vadītāja aicina ekspertu Gunti Taboru pastāstīt par sākotnējiem iespaidiem, strādājot pie savām ekspertīzes jomām, jo eksperts jau ir uzsācis šo darbu.

6. Notiek diskusija par to, kas ir jāgatavo atbilstoši 2. darba uzdevumam. Projekta vadītāja un projekta eksperts Ģederts Leviņš skaidro, ka 2. uzdevums arī ir jāgatavo atbilstoši konkrētajai ekspertīzes jomai. Projekta vadītāja piebilst, ka var arī plašāk, piemēram, var pieminēt attiecīgās zinātniskās institūcijas kapacitāti ne tikai darbā ar ģenētiski modificētiem augiem, bet arī ar modificētiem mikroorganismiem un dzīvniekiem, ja tas ir attiecināms. Kā sākotnējo dokumentu, uz kā pamata strukturēt šī darba uzdevuma aprakstu, var izmantot Ministru Kabineta rīkojumu Nr. 525 “Par Nacionālās bioloģiskā drošuma sistēmas attīstības plānu 2020.-2026. gadam”, kas ir pieejams <https://likumi.lv>.
7. Eksperte Olga Sozinova interesējas par to, kur varētu būt pieejama informācija par invazīvajām sugām? Projekta vadītāja apsola nosūtīt ekspertei pirms dažiem gadiem veiktu Institūta “Silava” pētījumu par Eiropas nozīmes invazīvajām sugām. Daži eksperti saka, ka šāda informācija ir pieejama Dabas aizsardzības pārvaldes (G.Tabors) un arī ZM un VAAD (I. Zariņa) mājaslapā.
8. Eksperte O. Sozinova komentē projekta vadītājas teikto, ka nav izdevies atrast slieku un putnu ekspertus. Jautā, vai Jānis Ventiņš nav uzrunāts. Projekta vadītāja atbild, ka oktobrī izsludinātajā ekspertu nominācijā J. Ventiņu neviena institūcija nenominēja, bet, ka varētu ar viņu sazināties tagad. Eksperte O. Sozinova jautā, vai neesat apsvēruši ruderālo rapša populāciju monitoringa veikšanā iesaistīt sabiedrību (*Citizen Science*)? Projekta vadītāja atbild, ka tas nav bijis nepieciešams.
9. Eksperte O. Sozinova jautā, vai būs noteikta vienota struktūra ekspertu darba nodevumam? Projekta vadītāja atbild, ka tas ir ļoti labs ierosinājums, un līdz nākamās nedēļas beigām sagatavos nodevuma struktūras uzmetumu. Projekta vadītāja izstāsta dažus piemērus atsevišķām ekspertīzes jomām – ar ko sākt, strādājot pie nezāļu monitoringa vai kukaiņu monitoringa.

Sanāksme beidzas 17:40.

Projekta

“Ģenētiski modificētu augu neapzinātas izplatīšanas vidē monitorings un Latvijā pieejamo vides monitoringa programmu izvērtējums saistībā ar ĢMO vispārīgo uzraudzību” sanāksme

Programma (14:30 – 17:30)

Reģistrēšanās, kafija/tēja klātienēs dalībniekiem

1. Kas ir ĢMO riska un ĢMO vides riska vērtēšana?
2. NGTs un gēnu dziņi
3. Ruderālo rapša populāciju monitorings ar ģenētiski modificētiem augiem potenciāli piesārņotās teritorijās un citi veiktie pētījumi 2023. gadā
4. Norādes projekta ārējiem ekspertiem par veicamajiem darba uzdevumiem

Jautājumi/diskusijas

Projekta

“Ģenētiski modificētu augu neapzinātas izplatīšanas vidē monitorings un Latvijā pieejamo vides monitoringa programmu izvērtējums saistībā ar ĢMO vispārīgo uzraudzību” sanāksme 07.06.2024.

Dalībnieku saraksts

Npk.	Vārds, uzvārds	Paraksts
1	Artjoms Mališevs	
2	Edīte Juceviča	
3	Evija Bebre	
4	Guntis Boikmanis	
5	Guntis Tabors	
6	Ģederts Ieviņš	
7	Inese Aleksejeva	
8	Juris Ķibilds	
9	Karīna Ortlova	
10	Lelde Grantiņa-Ieviņa	
11	Lilija Kovaļčuka	
12	Līvija Zariņa	
13	Maksims Balalaikins	
14	Nils Rostoks	
15	Normunds Stivriņš	

16	Olga Sozinova	
17	Zigmunds Orlovskis	

2.pielikums. Projekta semināra programma

Vides monitoringa programmu izvērtējums un Latvijas zinātnisko institūtu kapacitāte ĢMO vides riska novērtēšanas kontekstā

Programma (01.11.2024.)

9:30 – 10:00 Reģistrēšanās, kafija/tēja

10:00 – 10:05 Ievads - Dr. oec. Inese Aleksejeva, Zemkopības ministrija

10:05 – 10:20 Projekta mērķi un uzdevumi, ĢMO vides riska novērtēšanas pamatprincipi - projekta vadītāja Dr. biol. Lelde Grantiņa-leviņa, Pārtikas drošības dzīvnieku veselības un vides zinātniskais institūts "BIOR"

10:20 – 10:50 Projekta ietvaros veiktie pētījumi - projekta vadītāja Dr. biol. Lelde Grantiņa-leviņa, "BIOR"

10:50 – 11:30 Augsnes kvalitātes monitorings, augšnes izmaiņu indikatoru monitorings un lauksaimniecības noteču monitorings (video ieraksts) - Dr. biol. Guntis Tabors, Latvijas Universitāte (LU), Medicīnas un dzīvības zinātņu fakultāte (MDZF)

11:30 – 12:00 Natura 2000 vietu monitorings – PhD Earth Sciences Normunds Stivriņš, LU Eksakto zinātņu un tehnoloģiju fakultāte (EZTF); bezmugurkaulnieku daļa - Dr. biol. Maksims Balalaikins, Daugavpils Universitāte Dzīvības zinātņu un tehnoloģiju institūts (DU DZTI)

12:00 – 12:30 Vides monitoringa fona un speciālais monitorings - PhD Earth Sciences Normunds Stivriņš, LU EZTF; bezmugurkaulnieku daļa - Dr. biol. Maksims Balalaikins, DU DZTI

12:30 – 13:00 Kafijas/tējas pauze

13:00 – 13:15 ĢMO izraisīto risku izvērtējums uz kukaiņu sugām (ĢMO mērķa un ne-mērķa kukaiņu monitorings) – Dr. biol. Maksims Balalaikins, DU DZTI

13:15 – 13:30 Kolembolu monitorings - M.Sc. biol. Edīte Juceviča, LU MDZF

13:30 – 13:45 Slieku monitorings – Dr. geogr. Jānis Ventiņš, LU EZTF

13:45 – 14:00 Putekšņu monitorings - Dr. geogr. Olga Sozinova, LU EZTF

14:00 – 14:15 Augu kaitēkļu un slimību monitorings – Zigmunds Orlovskis, PhD in Biological Sciences, APP "Latvijas Biomedicīnas pētījumu un studiju centrs"

14:15 – 14:30 Ģenētiski modificētu augu ietekmes uz savvaļas augu populācijām monitorings - Dr. biol. Ģederts Ieviņš, LU MDZF

14:30 – 14:40 Pauze

14:40 – 14:55 Nezāļu monitorings - Dr.agr. Līvija Zariņa, Agroresursu un ekonomikas institūts

14:55 – 15:10 Ar gēnu noteikšanas metodēm nosakāmo indikatoru monitorings – Dr. Biol. Lelde Grantiņa-leviņa, "BIOR"

15:10 – 15:25 Ģenētiski modificētu augu ietekme uz augsnes mikroorganismu sabiedrībām – Dr. Biol. Lelde Grantiņa-leviņa, “BIOR”

15:25 – 15:40 Ģenētiski modificētu augu iespējama hibridizācija ar savvaļas augiem – Dr. biol. Nils Rostoks, LU MDZF, BMC

15:40 – 15:55 Putnu monitorings – Dr. biol. Indriķis Krams, BIOR

15:55 – 16:15 Jautājumi un diskusijas.

3.pielikums. Monitoringa apsekojumu veidlapa

LAD projekta "Ģenētiski modificētu augu neapzinātas izplatīšanas vidē monitorings un Latvijā pieejamo vides monitoringa programmu izvērtējums saistībā ar ĢMO vispārīgo uzraudzību" lauka apsekojuma veidlapa

Vieta _____ Datums _____

Vietas apraksts _____

Konstatētie krustziežu dzimtas augi: suga _____

Populācijas raksturojums:

- ☐ Atsevišķi augoši augi;
- ☐ Nelielas grupas;
- ☐ Masveidā.

Konstatētie krustziežu dzimtas augi: suga _____

Populācijas raksturojums:

- ☐ Atsevišķi augoši augi;
- ☐ Nelielas grupas;
- ☐ Masveidā.

Konstatētie krustziežu dzimtas augi: suga _____

Populācijas raksturojums:

- ☐ Atsevišķi augoši augi;
- ☐ Nelielas grupas;
- ☐ Masveidā.

Konstatētie krustziežu dzimtas augi: suga _____

Populācijas raksturojums:

- ☐ Atsevišķi augoši augi;
- ☐ Nelielas grupas;
- ☐ Masveidā.

Paņemtie paraugi (lapas, pumpuri, ziedi):

- ☐ Nr _____
- ☐ Nr _____
- ☐ Nr _____
- ☐ Nr _____

4.pielikums. Monitoringa ietvaros veikto apsekojumu novērojumi

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Dus Virši, krustojums pie Extronbaltic termināla. Apsekotas abas ielas malas līdz lidoņu ielas pieturai. Stāvvietā DUS pusē pretī Extronbaltic biroja ēkai.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Dažiem augiem ir pumpuri.	Neliela grupa (apm. 20).	1.1.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Daugavgrīvas ielas otra puse pie Extronbaltic biroja ēkas, 200 m centra virzienā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži augi zied.	Neliela grupa (apm. 15).	1.2.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Dzelzceļa sliedes Lidoņu ielas krustojumā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 10).	1.3.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Lidoņu ielas sabiedriskā transporta pietura	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži augi zied.	Neliela grupa (apm. 30).	1.4.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Daugavgrīvas ielas mala gar ceriņiem atpakaļ virzienā uz DUS Virši.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži augi zied.	Neliela grupa (apm. 100).	1.5.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Pēdējā autobusa pietura pirms Zilās ielas. Pagājušā gada iespējami permanentās populācijas vieta. Pāris rapša augi pašā asfalta malā. Ceļmala nesen nopļauta. Tālāk zālē rapšu nav.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (2)	Nav.
28.05.24.	Rīga, Zilā iela	Ostas Lejas Voleri apkārtnē, apmēram 600 m no ostas. Apsekota ielas mala sākot no jaunā grantētā laukuma.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Liela daļa augu zied, lai gan to garums ir apm. 30 cm.	Masveidā (apm. 400 augi)	2.1.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
28.05.24.	Rīga, Zilā iela	Zilās ielas dzelzceļa pārbrauktuve.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži augi zied.	Neliela grupa (apm. 50).	2.2.
28.05.24.	Rīga, Bolderāja	Daugavgrīvas ielas posms pie veikala Maxima un iebrauktuves diennakts automašīnu stāvvietā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Liela daļa augu zied, lai gan to garums ir apm. 20-30 cm.	Neliela grupa (apm. 200).	3.1.
28.05.24.	Rīga, Bolderāja	Ielas posms krustojumā pie iebrauktuve automašīnu diennakts stāvvietā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži augi zied.	Neliela grupa (apm. 50).	3.2.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Daugavgrīvas ielas krustojums ar Mazā Apakšgrāvja ielu. Masveidā daudz sīku ziedošu rapša augu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daļa augu zied.	Masveidā (apm. 400 augi)	3.3.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Daugavgrīvas iela pretī koku ostai Kronospan	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Liela daļa augu zied, lai gan to garums ir apm. 20-30 cm.	Neliela grupa (apm. 200).	3.4.
28.05.24.	Rīga, Daugavgrīvas iela	Daugavgrīvas iela netālu no Hapaka grāvja	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Liela daļa augu zied, lai gan to garums ir apm. 20-30 cm.	Neliela grupa (apm. 200).	3.5.
28.05.24.	Rīga, Vecāķu prospekts	Pagājušā gada iespējami permanentās populācijas vieta. Apsekots posms no krustojuma ar Emmas ielu, no DUS Viada uz priekšu gar dzelzceļa uzbēruma malu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 30).	4.1.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
		Uzbēruma mala noklāta ar salmu materiālu. Dzelzceļa sliedes uz ostām.			
28.05.24.	Rīga, Vecāķu prospekts	Prospekta posms līdz elektrības sadales skapim.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 30).	4.2.
28.05.24.	Rīga, osta Mīlgrāvis	Kreimeņu un Meldru ielas krustojums.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Pāris augi ir tikko uzdīguši.	Atsevišķi augoši augi (apm. 12).	5.1.
28.05.24.	Rīga, ostu "Mīlgrāvis" un "Alfa" tuvējie pievedceļi un ielas.	Meldru un Emmas ielas krustojums.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daļa augu zied.	Masveidā (apm. 300 augi)	5.2.
28.05.24.	Rīga, ostu "Mīlgrāvis" un "Alfa" tuvējie pievedceļi un ielas.	Tvaika iela 4.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Augi ir samērā lieli. Daži ir ziedoši.	Neliela grupa (apm. 30).	5.3.
13.06.24.	Suntaži	Pirms uzņēmuma "Klēts", Linas Agro, 2 km Ķeguma virzienā.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
13.06.24.	Suntaži	Pie paša uzņēmuma, "Klēts", Linas Agro	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
13.06.24.	Smiltenes – Gulbenes šoseja	Gulbenes VAKS apkārtnē, Torņkalns, Beļavas pagasts. Krustojums ar ceļu Ozolkalns – Galgauskā, 1,5 km attālumā no uzņēmuma.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
13.06.24.	Smiltenes – Gulbenes šoseja	Pie ceļa uz Rutkastes pilskalnu, abas šosejas malas	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daļa augu ir novītuši un nonīkuši (apm. 15 cm gari). Daži ir ziedoši.	Atsevišķi augoši augi un nelielas grupas (apm. 50)	6.1.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
13.06.24.	Gulbenes – Madonas šoseja	DUS “Astarte” pirms pagrieziņa uz Cesvaini. Šosejas malas ir nesen nopļautas.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
13.06.24.	Gulbenes – Madonas šoseja	Nobrauktuve no šosejas, grāvis abās pusēs nobrauktuvei.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Noziedējuši, labi attīstītas pākstis.	Nelielas grupas (apm. 25).	6.2.
13.06.24.	Gulbenes – Madonas šoseja	Pie autobusa pieturas “Patkule”.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Noziedējuši, labi attīstītas pākstis. Tikko nopļauta ceļa mala, kur redzami arī nopļauti rapši.	Nelielas grupas (apm. 10).	6.3.
13.06.24.	Madona, Latraps	Saules iela, pie iebrauktuves uzņēmumā. Rapšu nav, bet zaļā zona nav nopļauta.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
13.06.24.	Maurāni	Madona – Varakļāni šoseja, apm. 2 km no VAKS “Grozū kalte”	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Pārsvarā ziedošs.	Nelielas grupas vienā ceļa pusē (apm. 20). Masveidā otrā ceļa pusē (apm. 100 augi)	6.4., 6.5.
13.06.24.	Jēkabpils	Sabiedriskā transporta pietura “Zilāni 1”. Pēc paraugu paņemšanas strādnieki tūlīt notrimēja zaļo zonu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daļa noziedējuši, labi attīstītas pākstis.	Atsevišķi augoši augi (10).	6.6.
13.06.24.	Jēkabpils	Dzelzceļa pārbrauktuve uz Madonas ielas. Pagājušā gadā atrastā vieta blakus sliedēm ar	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (20).	6.7.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
		nelielu grupu un atsevišķi augoši augi uz sliedēm vai ielas malā.			
13.06.24.	Jēkabpils	Dzelzceļa pārbrauktuve uz Ārijas Elksnes ielas pie Latraps.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (13).	6.8.
27.06.24.	Staļģene	Latraps Biodiesel Factory apkārtnē, sākot no 1 km attāluma (Svirlaukas un Lielupes ielas krustojuma) līdz uzņēmumam ejot pa Svirlaukas ielu un atpakaļ pa Dīķmalas ielu.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
27.06.24.	Jelgava	VAKS Jelgavas elevatora apkārtnē, grāvis Bauskas ielas malā, pretējā pusē pie iebrauktuves uzņēmumā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daļai augu ir izveidojušies ziedpumpuri.	Neliela grupa (apm. 20).	7.1.
27.06.24.	Eleja	LATRAPS apkārtnē. DUS Astarte. Rapsis aug Lietuvas ielas trotuāra malā pie iebrauktuves DUS līdz autobusa pieturai uzņēmuma virzienā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 20).	7.2.
27.06.24.	Eleja	Elagro Trade Elejas elevators. Šosejas Dobele-Bauska un Sliežu ielas krustojums (1,8 km līdz uzņēmumam). Ceļa malā aug labība.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
27.06.24.	Sidrabe	Poligrain Zeltiņkalte apkārtnē. Krustojums pie Lielplatones pamatskolas – ceļš Ērmiķi-Sidrabe-Tīsi (apm. 1 km no uzņēmuma).	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Augi juvenīli, bet liela izmēra.	Neliela grupa (apm. 50).	7.3., 7.4.
27.06.24.	Sidrabe	Autobusa pietura "Tīsi" ceļa Ērmiķi-Sidrabe-Tīsi malā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās	Neliela grupa (apm. 20).	7.5.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
			stadijās. Augi juvenīli, bet liela izmēra.		
27.06.24.	Vilce	Rapšu un graudu pieņemšanas punkts šosejas Dobeles-Bauska malā. Pretī uzņēmumam ir rapša lauks, bet ceļa malās pie uzņēmuma rapšu nav.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
27.06.24.	Bēne	Balticovo graudu pieņemšanas punkts. Rapsis aug Sņķeres ielas un dzelzceļa krustojumā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Nelieli augi.	Atsevišķi augoši augi (11).	7.6.
27.06.24.	Bauska	Mūsas tilta apļveida krustojums.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Nelieli augi.	Atsevišķi augoši augi (4).	7.7.
27.06.24.	Bauska	Latraps apkārtnē. Īslīces un Pārupes ielas krustojums. Apm. 25 augi gar Īslīces ielas malām un pie stāvvietas.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Nelieli augi.	Atsevišķi augoši augi (25).	7.7.
07.08.24.	Saldus	Baltic Agro un Latraps apkārtnē. Apsekota Rīgas – Skultes – Liepājas šosejas posms no Hesburger līdz apļveida krustojumam un viss apļveida krustojums. Aplī pie DUS "Neste" ir daudz mazu rapša dīgstu dīglapu stadijā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dīglapu stadijā.	Masveidā.	Paraugi nav ņemti.
07.08.24.	Saldus	Dzelzceļa pārbrauktuve pie BalticAgro Saldus servisa centra. Atsevišķi lielāki rapša augi, bet masveidā ir rapša dīgsti dīglapu stadijā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši lielāki augi (10). Masveidā.	8.1.
07.08.24.	Skrunda	LināsAgro apkārtnē, krustojums un upīte pie	Rapšu nav.	Nav.	Nav.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
		uzņēmuma. Ceļa malās redzami izbiruši graudi.			
07.08.24.	Skrunda	LinasAgro apkārtnē, rustojums ar dzelzceļa pārbrauktuvi.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
07.08.24.	Priekule	LPKS Durbes grauds, krustojums pie uzņēmuma. Ceļa malās redzami izbiruši graudi.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
07.08.24.	Grobiņa	LinasAgro Graudu centrs "Grobiņa", Jaunstūrīši. Blakus uzņēmumam ir rapša lauks. Ceļa malās rapšu nav.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
07.08.24.	Liepāja	BalticAgro Liepājas Elevatora apkārtnē, Kapsēdes iela. Apsekots apm. 500 m garš gājēju/velo celiņa posms gar Kapsēdes ielu, zālājs nesen nopļauts. Zālājs pie Liepājas biznesa centra stāvvietas.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (3).	8.2.
07.08.24.	Liepāja	BalticAgro Liepājas Elevatora apkārtnē, Kapsēdes ielas un Grīzupes ielas krustojums.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (10).	8.3.
07.08.24.	Liepāja	Pulvera iela pie ostas. Rapsis redzams abās pusēs ielai, arī pie krustojuma ar dzelzceļa pievadu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi pretējā ielas pusē ostai. Masveidā ostas pusē (vairāki simti augu)	8.4., 8.5., 8.6., 8.7.
07.08.24.	Liepāja	Cukura iela virzienā uz Karostu	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (20).	8.8.
07.08.24.	Liepāja	Karosta, Turaidas iela pretī Baltic Transshipment Center	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) –	Atsevišķi augoši augi (12).	8.9.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
			dažādās stadijās.		
07.08.24.	Liepāja	Ģenerāļa Baloža iela, netālu no krustojuma ar Nākotnes ielu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās, daļa ziedoši.	Atsevišķi augoši augi (10).	8.10.
12.08.24.	Tukums	Baltic Agro pieņemšanas punkts. Teritorija sakopta, zālāji nesen nopļauti.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
12.08.24.	Jaunpagasts, Virbu pagasts	LATRAPS Jaunpagasta birojs. Zālājs nesen nopļauts, ļoti īss.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
12.08.24.	Stende	Baltic Agro elevatora apkārtnē. Apsekota Brīvības iela no dzelzceļa pārbrauktuves līdz DUS MC, pretī "Talsu ūdens" ēkai, kā arī paša krustojums pie paša uzņēmuma.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
12.08.24.	Ventspils	Ventplac apkārtnē. Zālājs gar ielu malām pārsvarā nopļauts.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (4).	9.1.
12.08.24.	Ventspils	Dzintaru iela pretī Grain Terminal. Zālāji nesen nopļauti.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (13).	9.2.
12.08.24.	Ventspils	Uzņēmuma Bioventa apkārtnē. Rapsis aug uz dzelzceļa pārbrauktuves netālu no uzņēmuma.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (13).	9.3.
12.08.24.	Ventspils	Dzintara un Lidotāju ielas krustojums virzienā uz Grain Terminal.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 30).	9.4., 9.5.
12.08.24.	Ventspils	Kurzemes prospekta un Rindas ielu krustojums.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (15).	9.6.
12.08.24.	Ventspils	Kurzemes prospekta un Tārgales ielu krustojuma apkārtnē	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) –	Atsevišķi augoši augi (60).	9.7., 9.8., 9.9.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
		(no sliedēm līdz DUS "Viada".	dažādās stadijās.		
12.08.24.	Ventspils	Kurzemes prospekts pie bijušās DUS "Latvijas nafta". Rapsis aug bruģī un zālājā, dažī augi zied.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 50).	9.10., 9.11., 9.12.
12.08.24.	Ventspils	Kustes dambis jeb Ventspils pievedceļš. Dzelzceļa sliedes pie malkas plača. Ir redzami apm. 50 lieli augi ar norautām galotnēm.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 50).	9.13.
15.08.24.	Rīga, Mangaļsala	Man-Tes osta un B-Port apkārtnē (apm. 500 m attālumā), Albatrosu iela, pie jahtkluba Auda. Uz ielas ir ļoti daudz izbīrušu graudu apm. 1 m platā joslā no ietves malas.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži ziedoši.	Atsevišķi augoši augi un nelielas grupas (apm. 60).	10.1.- 10.4.
15.08.24.	Rīga, Mangaļsalas mols	Daugavas lejtece lejpus ostām, apsekots apm. 1 km garš Daugavas krasta posms paralēli Saivas ielai. Krasta posms līdz molam akmeņains.	Tipiska kāpu veģetācija. Izvēlēto krustziežu dzimtas augu nav.	Nav.	Nav.
15.08.24.	Rīga, Vecāķu prospekts	Pagājušā gada iespējami permanentās populācijas vieta. Apsekots posms no krustojuma ar Emmas ielu, no DUS Viada uz priekšu gar dzelzceļa uzbēruma malu. Uzbēruma mala noklāta ar salmu materiālu. Dzelzceļa sliedes uz ostām. Vienā vietā ir daudz tikko sadīgušu rapša augu, netālu ir daudz izbīruša rapša sēklu, kas daļēji savāktas.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi, nelielas grupas un masveidā (apm. 60).	10.5.- 10.10.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
20.08.24.	Liepāja, Otaņķi	Uzņēmuma Otaņķu Dzirnavas apkārtnē, tuvumā uzņēmumam ir labības lauki ar rapsi kā sārņaugu. Uzņēmums atrodas apm. 500 m no Natura 2000 teritorijas pie Liepājas ezera.	Ceļa malās rapša nav.	Nav.	Nav.
20.08.24.	Liepājas ezers	Apsekota Zirgu sala līdz putnu novērošanas tornim un Ezera laipa.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
04.09.24.	Sējas novads, Pabaži	SIA ZS Veģi apkārtnē – krustojums 3 km attālumā no uzņēmuma.	Rapšu ceļa malās nav.	Nav.	Nav.
04.09.24.	Sējas novads, Pabaži	SIA ZS Veģi apkārtnē – teritorija pie uzņēmuma. Apsekoti vairāki ceļu posmi. Zālāji rūpīgi nopļauti.	Rapšu ceļa malās nav.	Nav.	Nav.
04.09.24.	Sējas novads, Pabaži	SIA ZS Veģi apkārtnē – apdzīvota vieta Pabaži 0,5 km attālumā no uzņēmuma.	Rapšu ceļa malās nav.	Nav.	Nav.
04.09.24.	Matīši	VAKS apkārtnē, apsekots ceļš no krustojuma pie luterāņu baznīcas līdz uzņēmumam. Ir izbiruši graudi, aug labība un zirņi.	Rapšu ceļa malās nav.	Nav.	Nav.
04.09.24.	Valmiera	VAKS apkārtnē, Mūrmuižas un Cempu ielas krustojums, Cempu iela līdz dzelzceļa sliekšņiem.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 20).	11.1., 11.2.
04.09.24.	Valmiera	VAKS apkārtnē – pie paša uzņēmuma iebrauktuves pretējā ceļa pusē.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (16).	11.3., 11.4.
04.09.24.	Valmiera	VAKS apkārtnē – pie BalticAgro stāvvietas un pretī DUS Ziemeļu nafta.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (11).	11.5.
08.09.24.	Mērsrags	Mērsraga ostas apkārtnē. Jūras un Lielās ielas krustojums.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
09.09.24.	Aizkraukle	LATRAPS apkārtnē, Jaunceltnes iela. Apskatīti ielas posmi uz abām pusēm no CSDD.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās. Daži ziedoši.	Atsevišķi augoši augi un nelielas grupas (apm. 80).	12.1.- 12.8.
09.09.24.	Aizkraukle	LATRAPS apkārtnē, Jaunceltnes iela. Pie uzņēmuma KUK pirms DUS Viada.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Nelielas grupas (apm. 40).	12.9.
09.09.24.	Daugavpils	Križi, apm. 600 m no Latraps. Ļoti sauss, sen nav bijis lietus.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
09.09.24.	Daugavpils	Stropi, Baltic Agro Dzirnavnieks apkārtnē. Rapsis aug ceļa malā gar iebrauktuvi uzņēmumā līdz vārtiem.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Nelielas grupas (apm. 30).	12.10., 12.11.
09.09.24.	Rēzekne	Rēzeknes dzirnavnieka apkārtnē, Atbrīvošanas aleja 167, zālāji nopļauti, ļoti sauss.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 30).	12.12.- 12.14.
09.09.24.	Rēzekne	Uzņēmuma LinasAgro apkārtnē, Noliktavu iela, arī Maskavas iela līdz uzņēmumam.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
09.09.24.	Rēzekne	Dzelzceļa pārbrauktuve. Rapsis redzams uz sliedēm.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (ap. 20).	Paraugi nav ņemti.
18.09.24.	Ogre	Dzelzceļa stacijas apkārtnē. Rapsis aug uz sliedēm un to tuvumā pie pirmā perona pirmajām sliedēm. Vienam augam ir pākstis.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 23).	14.1.
18.09.24.	Rīga	Šķirotavas stacijas apkārtnē. Apsekota zaļā zona pirms stacijas.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
18.09.24.	Rīga	Šķirotavas stacijas apkārtnē pie pašas stacijas. Apskatītas sliedes pie pasažieru peroniem, kā arī stacijas ēkas aizmugurē.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 6).	14.2.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
18.09.24.	Rīga	Daugmales stacijas apkārtnē. Uz pasažieru vilciena sliedēm, staigājot pa peronu, rapsi neredz. Pa gabalu redzami atsevišķi rapša augi uz kravas vilcienu sliedēm, kas atauguši pēc apstrādes ar herbicīdu.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 6).	Nav.
18.09.24.	Rīga	Jāņavārtu stacijas apkārtnē. Staigājot pa zaļo zonu un pasažieru peroniem, rapsi neredz.	Rapšu nav.	Nav.	Nav.
18.09.24.	Salaspils	Salaspils stacijas apkārtnē. Pie vecajām rezerves sliedēm rapša nav. Rapsis aug pie pārbrauktuves zaļajā zonā. Pa gabalu redzami divi augi uz sliedēm. Rapsis aug uz 1. ceļa 1. perona sliedēm (apm. 10 augi), bet šeit paraugs nav ņemts.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 6) un atsevišķi augoši augi (apm. 12).	14.3.
18.09.24.	Rumbula, Gaismā	Braucot ar vilcienu uz Rīgu, pa logu redzami rapša augi uz sliedēm šajās stacijās. Paraugi nav ņemti.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 6).	Nav.
27.09.24.	Rīga	Ilguciems, Buļļu ielas dzelzceļa pārbrauktuve. Rapsis aug pie gājēju celiņa krustojuma ar sliedēm un zaļajā zonā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 30)	15.1.
27.09.24	Rīga	Buļļu iela 45, pie iebrauktuves “Ziedu ekspresī” u.c.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Neliela grupa (apm. 50)	15.2.
27.09.24	Rīga	Buļļu iela 47, pretī DUS Viada. Rapsis ir abās pusēs ceļam.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) – dažādās stadijās.	Atsevišķi augoši augi (apm. 5).	15.3.
27.09.24	Rīga	Kurzemes prospekts, pie autostāvvietas ceļa malā.	Rapsis (<i>Brassica napus</i>) –	Neliela grupa (apm. 15)	15.4.

Datums	Vieta	Vietas apraksts	Konstatētie augi (krustziežu dzimta, kukurūza, soja)	Konstatēto augu skaits	Ievāktie paraugi
			dažādās stadijās.		

5.pielikums. Indikatoru piemēri noteiktajiem aizsardzības mērķiem saskaņā ar EFSA vadlīnijām⁹⁹, to noteikšanai

ieteiktās metodes un attiecīgo datu esamība Latvijā

(LA - lauksaimnieku anketa, LV - esošais uzraudzības tīkls Latvijā, ZP - notiekošās pētniecības un izstrādes un zinātniskās literatūras uzraudzība un pārskatīšana)

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatora)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
Bioloģiskās daudzveidības aizsardzība: Flora	Savvaļas sugas, aizsargājamas sugas, nezāles, augsnes sēklu banka	Izmaiņas populācijās, izveidošanās un noturība; Hibrīdi ar savvaļas sugām; Sēklu izdzīvošanas spēja, dīgtspēja;	LA: dominējošās nezāles	LAD, Invazīvu augu (latvāņu) izplatības novēršana (LLVS 8.4)
			LA: nezāļu invāzijas līmenis	LAD, Saistītie ienākumu atbalsti par platībām
			LA: sārņaugi (<i>volunteers</i>) kultūraugos	Princips līdzīgs kā ruderalajām populācijām, bet tikai lauksaimniecības zemēs, līdz ar to, tas pēc būtības, attiecas uz nezāļu monitoringu.
			LA: herbicīdu lietošana	LAD, Ekoshēmas atbalsts par saudzējošu lauksaimniecības praksi (EKO4), informācijas uzskaiti var iesniegt arī VAAD; VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem

⁹⁹ EFSA, 2011. Scientific Opinion on guidance on the Post-Market Environmental Monitoring (PMEM) of genetically modified plants. EFSA Panel on GMO. EFSA Journal 2011;9(8):2316. [40 pp.] doi:10.2903/j.efsa.2011.2316.

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
		Botāniskā daudzveidība	LA: herbicīdu efektivitāte/kontroles neveiksmes	Latvijā tas būs ZP nevis LA: Augsts organisko vielu saturs augsnēs absorbē un aiztur herbicīdus (pie zema organisko vielu satura augsnēs herbicīdus nevajadzētu lietot). Ātra herbicīdu izskalošanās var izraisīt divas problēmas: 1) tā kā lielākā daļa nezāļu dīgst augsnes virskārtā, pārvietošanās dziļāk ir neefektīva nezāļu apkarošanai; un 2) ātra izskalošanās var izraisīt herbicīda nonākšanu gruntsūdeņos. Lielākā daļa herbicīdu, kas tiek uzklāti uz augsnes virsmas, paliek augsnes pašā virskārtā (aramkārtā); augsnes faktori, kas ietekmē herbicīdu pieejamību augiem - katjonu apmaiņas kapacitāte, augsnes pH, augsnes mitrums.
			LV: botāniskie pētījumi dažādās vidēs (ieskaitot lauksaimniecības zemi)	Žurnāls "Latvijas veģetācija", izdevējs SILAVA https://www.silava.lv/pakalpojumi/latvijas-vegetacija
			LV: herbicīdu pārdošanas dati	VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem
			LV: herbicīdu lietošanas dati	LAD, Ekoshēmas atbalsts par slāpekļa un amonjaka emisiju, un piesārņojumu mazinošo lauksaimniecības praksi (EKO5), Saistītais ienākumu atbalsts par augļiem un ogām (SAU). Latvijas oficiālā statistika https://www.stat.gov.lv/lv/statistikas-temas/noz/lauksaimn/preses-relizes/14348-pesticidu-izmantosana-lauksaimniecibas
			LV: nezāļu rezistences dati	Pētījums "Nezāļu rezistence pret herbicīdiem. Ieteikumu izstrāde vējauzas un citu izplatītāko nezāļu sugu ierobežošanas pasākumiem Latvijas apstākļos" (https://www.arei.lv/sites/arei/files/files/articles/Herbic%C4%ABdu%20rezistence_09.03.2017_J.%C5%85e%C4%8Dajeva.pdf)

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			LV: ziedputekšņu monitorings	BIOR: Ziedputekšņu monitorings, lai noteiktu nejaušu ģenētiski modificētu augu sastopamību Latvijā pašreizējā projekta ietvaros. Aerobioloģiskā monitoringa anemofilu augu putekšņu koncentrācijas dati tiek uzglabāti Latvijas Universitātes Atmosfēras procesu un Aerobioloģijas laboratorijas datubāzē. Ir pieejami dati par aptuveni 35 dažādiem taksoniem, atkarībā no gada. Lielā uzmanība tiek pievērsta augiem, kuru putekšņi izraisa alerģiskās reakcijas cilvēkiem. Monitorings netiek veikts sugu līmenī, bet gan ģints/dzimtas līmenī, jo vizuālās atpazīšanas laikā nav iespējas noteikt kurai sugai pieder putekšņu grauds. Monitorings tika sākts 2003. gadā, ar pārtraukumiem 2023.-2024.gados tehnisku iemeslu dēļ. Tiks atjaunots ar 2025.gada janvāri. Jāņem vērā, ka monitorings tiek veikts 23m augstumā virs zemes nodrošinot datus par fona putekšņu koncentrāciju Rīgā un Pierīgā. Savukārt, monitoringa laikā novērotie putekšņi var būt pārnesti no ārvalstīm (līdz 1000km radiusā, atkarīgi no putekšņu izmēra un aerodinamiskajām spējām). Notiek cieša sadarbība ar ārvalstu aerobiologiem, nodrošinot putekšņu tālas pārneses pētījumus un koncentrācijas prognozēšanu dažiem taksoniem.
			LV: sēkļu sertifikācija	LAD, Saistītais ienākumu atbalsts par rudzu populācijas šķirnēm (SRP), Saistītais ienākumu atbalsts par sertificētas sēklas kartupeļiem (SSK), Saistītais ienākumu atbalsts par sertificētām stiebrzāļu un lopbarības augu sēklām (SSA), Saistītais ienākumu atbalsts par sertificētu labības sēkļu (SLS)
			LV: ģenētiski modificētu augu piemaisījumu noteikšana sēklās un augu pavairojamajā materiālā	VAAD valsts budžeta apakšprogramma "Augu veselība un augu aprites uzraudzība" prioritārais pasākums "Augu veselības un augu uzraudzības nodrošināšana, Bioloģiskā daudzveidības nodrošināšana, tostarp ģenētiski modificēto organismu nenonākšana apkārtējā vidē (ĢMO uzraudzība)

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			LV: invazīvie augi	VARAM ir atbildīgā iestādes par Eiropas Parlamenta un Padomes Regulas Nr. 1143/2014 par invazīvu svešzemju sugu introdukcijas un izplatīšanās profilaksi un pārvaldību ieviešanu. Saskaņā ar Augu aizsardzības likuma 18.1 panta ceturto daļu invazīvo augu sugu izplatības valsts uzraudzību un kontroli veic Valsts Augu aizsardzības dienests (VAAD), savukārt saskaņā ar MK noteikumu Nr. 467 15. punktu invazīvo augu sugu ieviešanu no trešajām valstīm kontrolē Pārtikas un veterinārais dienests (PVD). Dati pieejami: https://ozols.gov.lv/kartes/apps/sites/#/invazivo-sugu-parvaldnieks
			ZP: ruderālas lauksaimniecības kultūru populācijas	Dati no pašreizējā projekta. Nākotnē jauno NGT augu kontekstā nepieciešams izvērtējums literatūras analīzes līmenī, kuriem kultūraugiem ir iespējama stabila augsnes sēklu banku veidošanās, kas ir kritiskā īpašība ruderālu populāciju veidošanās procesā.
			ZP: Savvaļas augu populāciju daudzveidība	Primāri attiecas uz lauksaimniecības robežbiotopiem. ĢMO uzraudzības kontekstā ir jānedefinē "populāciju daudzveidības" jēdziens.
			ZP: Ģenētiski modificētu augu hibrīdi ar savvaļas sugām	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.
			ZP: Dati par dažādu herbicīdu pārvaldības sistēmu efektivitāti un mērķa ietekmi.	Zinātnisko institūtu veikto nezāļu monitoringa atskaites

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
Bioloģiskās daudzveidības aizsardzība: Fauna	Mugurkaulnieku (piem., zīdītāju, putnu) un bezmugurkaulnieku (piem., posmkāju) populācijas. Piemēram, blakussugu (ne-mērķa) posmkāji no funkcionālajām grupām (piemēram, zālēdāji, detritēdāji un saprofīti, apputeksnētāji, parazītoīdi, plēsēji), koncentrējoties uz derīgajiem organismiem un	Sastopamība, populāciju skaita izmaiņas; Augšana, attīstība; Izmaiņas saimniekorganismu diapazonā; Dabisko kaitēkļu regulēšanas mehānismu samazināšanās (t.i., uzraudzīt [jauno] kaitēkļu invāzijas)	LA: Traucējumi dabiskos kaitēkļu regulēšanas mehānismos vai palielināts pesticīdu lietojums: netieša norāde uz plēsoņu/parazītu funkciju zudumiem kultūrās.	LAD, EKO5, SAU; ZP: Sakņu elpošana un augsnes mikroorganismu izraisītā organisko vielu noārdīšanās ir galvenie augsnes CO2 emisiju avoti, un CO2 producēšana pakāpeniski var samazināties, ja palielināsies herbicīdu devas, tādēļ svarīgi ir veikt CO2 koncentrācijas novērtēšanu.
			LV: pētījumi par lauksaimniecības zemju bioloģisko daudzveidību (piemēram, bites, tauriņi, kaitēkļi (piemēram, laputis));	Par bitēm - LAD, Ekoshēmas atbalsts par zālāju saglabāšanas veicināšanu (EKO6), Agroekoloģijas prakses bioloģiskās saimniecībās (EKO7), Biškopības vienību apsaimniekošana apputeksnēšanas vajadzībām (BAA), Bioloģiskā lauksaimniecība (BLA); VAAD, Integrētā augu audzēšana un kaitīgo organismu monitorings (https://noverojumi.vaad.gov.lv); ZI "Silava" pētījumu arhīvs https://www.silava.lv/petnieciba/petijumu-arhivs ; LBTU Augu aizsardzības zinātniskais institūts "Agrihorts", Jānis Gailis Bišu un citu organismu pētījumi. https://agrihorts.lbtu.lv/sites/agrihorts/files/2023-03/S419_k%C4%81postu_cekulkode_monitorings_2022.pdf

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
	aizsargājamām sugām.		LV: Nacionālās monitoringa programmas (i) putniem, koncentrējoties uz aizsargājamām teritorijām saskaņā ar EK (1979), un (ii) attiecībā uz lauksaimniecības zemes putniem, koncentrējoties uz aizsargājamām teritorijām, saskaņā ar ELFLA (Eiropas Lauksaimniecības fonds lauku attīstībai).	https://www.daba.gov.lv/lv/biologiskas-daudzveidibas-monitorings
			LV: invazīvie dzīvnieki	https://ozols.gov.lv/kartes/apps/sites/#/invazivo-sugu-parvaldnieks
			ZP: Dati par ģenētiski modificētu augu mijiedarbību ar ne-mērķa organismiem.	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
Augsnes kvalitāte/ funkcionalitāte	Augsnes biota (piem., augsnes mikroorganismi, bezmugurkaulnieki), auglība, tekstūra, elpošana, biomasas sadalīšanās, barības vielu dinamika, erozija, organiskās vielas	Populāciju izmaiņas (piemēram, sliekas, kolembolas); Izmaiņas augsnes mikroorganismu sabiedrībās (piem., rizobijas); Organisko savienojumu analīze; Uzturvielu analīze; Mēslojuma lietošana	LA: kultūraugu augšana, raža un veselība	LAD, Saistītie ienākumu atbalsti par platībām
			LA: augsnes pesticīdu, sterilizācijas līdzekļu lietošana	LAD, EKO4, informācijas uzskaiti var iesniegt arī VAAD; VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem
			LA: augsnes analīze, mēslojuma izmantošana	LAD, Ekoshēmas atbalsts par augsnes kvalitātes un reakcijas optimizāciju (pamatkalpošana) (EKO2.1), Ekoshēmas atbalsts par slāpekļa un amonjaka emisiju, un piesārņojumu mazinošo lauksaimniecības praksi (EKO5); 2005. gadā ir izdoti "Noteikumi par augsnes un grunts kvalitātes normatīviem" (Noteikumi nr. 804), kas nosaka kvalitātes normatīvus augsnei un gruntij. Papildus, kas nav minēti noteikumos būtu jāanalizē - ūdens infiltrāciju, augsnes tilpummasu, augsnes blīvumu, augsnes iztvaikošanu, augsnes ūdens ietilpību, ūdens aiztures kapacitāti, ar ūdeni pildītās poras, augsnes struktūru, augsnes temperatūru, augsnes pH, elektrovadītspēju, organiskās vielas, katjonu apmaiņas kapacitāti un augsnē esošos nitrātus.

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			LA: augsnes apstrāde, labības atlieku iestrādāšana	LAD, Augsnes apstrāde, kas samazina augsnes degradācijas un erozijas risku, ņemot vērā nogāzes slīpumu (LLVS 5), EKO4; Augsnes organisko vielu statusu ietekmē apsaimniekošana, piemēram, augsnes apstrādes (aršanas) intensitāte un daudzveidība un kultūraugu atlieku apstrādes veids (menedžments); samazināta augsnes apstrāde pozitīvi var ietekmēt augsnes mikrobiomu un augsnes struktūru, kā rezultātā mazāk tiek sajaukti augsnes virskārtas horizonti, kā arī tiks saglabāts un netiks izmainīts augsnes cilmielis, kas nodrošina augsnes īpašības un augsnes tālāku veidošanos.
			LA: erozija, plaisāšana, ūdens uzkrāšanās, grunts ierīkošana (sub-soiling), drenāža	Par ūdens uzkrāšanos - LAD, Saistītie ienākumu atbalsti par platībām; par eroziju - LAD, Augsnes apstrāde, kas samazina augsnes degradācijas un erozijas risku, ņemot vērā nogāzes slīpumu (LLVS 5), Minimāls augsnes pārklājums, lai izvairītos no kailas zemes sensitīvākajos periodos (LLVS 6)
			LA: dominējošās nezāļu sugas	LAD, Invazīvu augu (latvāņu) izplatības novēršana (LLVS 8.4)
			LV: Lauksaimniecības noteces monitorings	Vides monitoringa programma 2021.-2026. gadam; Lauksaimniecības noteču monitorings ir pie ūdeņu monitoringa programmas.
			ZP: pētījumi par Lauksaimniecības noteces monitoringu	LBTU realizētais zinātniskās izpētes projekts "Virszemes ūdeņu un gruntsūdeņu kvalitātes pārraudzība īpaši jutīgajās teritorijās un lauksaimniecības zemēs lauksaimniecības noteču monitoringa programmā"; LBTU realizētais LIFE programmas integrētais projekts "Latvijas upju baseinu apsaimniekošanas plānu ieviešana laba virszemes ūdens sasniegšanai" (LIFE GOODWATER IP) ietvaros; LVĢMC pārskats par virszemes un pazemes ūdeņu stāvokli 2022. gadā.

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			ZP: Lauksaimniecības notecēs monitorings	Pārmērīga N un P uzkrāšanās rada dažādas vides problēmas (aļģu ziedēšana, tuvējo ūdens degradācija, zivju bojā eja un bioloģiskās daudzveidības zudums).
			LV: Augsnes veselība	Izveidot stingru un saskaņotu uzraudzības sistēmu visām augsnēm visā ES; padarīt par normu ilgtspējīgu augsnes apsaimniekošanu ES; pieprasīt dalībvalstīm apzināt potenciāli piesārņotās vietas, izpētīt šīs vietas un novērst nepieņemamus riskus cilvēku veselībai un videi; Augsnes monitoringa likums nodrošinātu tiesisko regulējumu, lai līdz 2050. gadam nodrošinātu veselīgu augsni (https://environment.ec.europa.eu/topics/soil-and-land/soil-health_en).
			LV: mēslojuma un augsnes barības vielu izmantošana	LAD, Ekoshēmas atbalsts par augsnes kvalitātes un reakcijas optimizāciju (pamatkalpošana) (EKO2.1), Ekoshēmas atbalsts par slāpekļa un amonjaka emisiju, un piesārņojumu mazinošo lauksaimniecības praksi (EKO5)
			LV: valsts dati par augsnes kvalitāti	LAD, EKO2.1.
			LV: kultūraugu produktivitāte un zudumi ūdens ietilpības dēļ	LAD, Nepārvarama vara un ārkārtas apstākļi
			LV: botāniskie pētījumi (skatīt floru iepriekš)	DU, LU aktuālie pētījumi
			LV: apsekojumi par augsnes kaitēkļiem un slimībām un	VAAD, Integrētā augu audzēšana un kaitīgo organismu monitorings (https://noverojumi.vaad.gov.lv); VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			augšnes pesticīdu lietošanu.	
			ZP: Dati par augšnes mikroorganismu populācijām	LU Bioloģijas institūts, augšnes bioķīmiskā testēšana (elpošana, mikroorganismu biomasa, fermentatīvā aktivitāte u.c.), augšnes (ūdens) toksicitātes novērtēšana izmantojot dīgtspējas testu, FaxJaz citometrs. Atsevišķi zinātniski pētījumi arī citās zinātniskās institūcijās par augšnes mikroorganismiem.
			ZP: slieku populāciju izmaiņas	LU EZTF, slieku sugu kompleksu izmaiņas dažādos biotopos un pie atšķirīgām agrotehniskajām metodēm un kultūrām, kopējā slieku blīvuma izmaiņas, blīvuma un biomasas izmaiņas indikatorsugu (<i>A.caliginosa</i> , <i>L.terrestris</i>) populācijās. Šobrīd LV nav aktīva augšnes monitoringa ar slieku populāciju novērojumiem. Informācija iegūstama atsevišķās publikācijās vai arī konsultāciju veidā. https://www.lu.lv/fileadmin/user_upload/lu_portal/zinas/Ventins_Janis__2011.pdf
			ZP: Kolembolu populāciju izmaiņas	LU MDZF Bioloģijas institūts, Bioindikācijas laboratorija. Kolembolu (Collembola) populāciju ilgtermiņa izmaiņas uz globālā klimata un antropogēnā piesārņojuma fona. Augšnes kvalitātes un biodaudzveidības izvērtējums, izmantojot augšnes bioloģiskās kvalitātes indeksus (QBS).
			ZP: Ģenētiski modificētu augu mijiedarbība ar augšnes floru un faunu un ietekme uz augšnes funkcionēšanu un augkopību.	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti. Kopējie ieguvumi teorētiski varētu būt sekojoši: ekonomiskie ieguvumi, uzlabota produktivitāte un ražas rādītāji, kultūraugu apsaimniekošana un samazināta augšnes apstrāde; ĢM kultūraugi var ietekmēt barības vielu apriti rizosfēras augšnes zonā; ĢM kultūras nelabvēlīgi neietekmē augšnes mikrobioloģiskos procesus; gēnu pārnese risks no ĢM kultūrām uz nemērķa organismiem ir visai minimāls; nepietiekami ilgtermiņa eksperimentālie dati ierobežo izpratni par ĢM kultūraugu ietekmi.
Ūdens	Fizikālās (blīvums,	Piesārņotāji: pesticīdi,	LA: Kultūraugu veiktspēja	LAD, Nepārvarama vara un ārkārtas apstākļi

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
	dūņu slodze) un ķīmiskās (piesārņojošās vielas, pH, barības vielu līmenis, aļģu saturs) īpašības; skābekļa saturs	dūņu slodze; Duļķainība	saistībā ar ūdens pieejamību un izmantošanu	
			LV: Nacionālās monitoringa programmas saskaņā ar EK, 2000 (piem., upju kvalitātes elementi (piemēram, bioloģiskie elementi, nitrāti))	https://www.daba.gov.lv/lv/vides-monitoringa-programma
			LV: zvejas uzskaitē	Latvijas zivsaimniecības integrētā kontroles un informācijas sistēma (LZIKIS), Zemkopības ministrijas pārziņā esošā valsts informācijas sistēma (https://www.zm.gov.lv/lv/lzikis).
			LV: zivju slimību apsekojumi	BIOR: zivju slimības
			LV: ūdensteču apsaimniekošanas informācija (piemēram, nezāļu likvidēšana)	Netika apskatīts projekta ietvaros.
			LV: ūdens ieguve lauksaimniecībā	Netika apskatīts projekta ietvaros.
			LV: fermu atkritumi	VVD A.B, C kategoriju atļauju saņēmēju pārskati

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			ZP - ekoloģiskie grāvji	Ekoloģiskie grāvji - nepieļauj piesārņojuma izplatību (lauksaimniecības piesārņojuma notece).
			LV: notekūdeņu apsaimniekošana	VVD A.B, C kategoriju atļauju saņēmēju pārskati
			ZP: ģenētiski modificētu augu un produktu mijiedarbība ar ūdens biotu un/vai ūdens izmantošanu.	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.
Agro-ekosistēm u ilgtspēja, tai skaitā augu veselība	Faunas (piemēram, apputeksnētāju populācijas) un floras funkcionalitātes rādītāji, kā minēts iepriekš, lauka un ainavas līmenī.	Apputeksnētāju sastopamība (koloniju izdzīvošana un/vai attīstība); barības meklēšanas uzvedība; apputeksnētāju līmenis; izmaiņas	LA: parametri, kas saistīti ar augkopību (augšana/raža/kvalitāte)	LAD, Augu maiņa (LLVS 7)
			LA: parametri, kas saistīti ar veikspēju (kaitēkļi, slimības, nezāles)	LAD, Saistītie ienākumu atbalsti par platībām, Nepārvarama vara un ārkārtas apstākļi; VAAD, Integrētā augu audzēšana un kaitīgo organismu monitorings (https://noverojumi.vaad.gov.lv)
			LA: izejmateriāli (sēklas, pesticīdi, mēslojums)	LAD, EKO4, EKO5, SAU, LAD, SRP, SSK, SSA, SLS; VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatori)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
	Augkopības faktori, piemēram, augseka, šķirnes, pesticīdi un mēslojuma izmantošana, mehāniskās darbības: sēšana/aršana/ražas novākšana un laiks; ražas veiktspēja un produktivitātes dati. Augu slimības un kaitēkļi.	medus ražošanā. Integrētās augu aizsardzības indikatori: piem. plēsonības līmenis, kaitēkļi, slimības, nezāļu sastopamība, pesticīdu un mēslošanas līdzekļu lietošana.	LV: Aptaujas par, piem., šķirnes, pesticīdu un mēslojuma lietošanu, kaitēkļi un slimības, nezāles.	LAD, Saistītie ienākumu atbalsti par platībām, EKO4, informācijas uzskaiti var iesniegt arī VAAD; VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem; VAAD, Integrētā augu audzēšana un kaitīgo organismu monitorings (https://noverojumi.vaad.gov.lv)
			LV: bites	LAD, EKO6, EKO7, BAA, BLA; BIOR: bišu slimības; Plānotais apputeksnētāju monitorings.
			LV: karmenes un citi savvaļas apputeksnētāji	Plānotais Eiropas Savienības apputeksnētāju monitorings.
			LV: augkopība un veiktspēja	LAD, Augu maiņa (LLVS 7)
			LV: Datu vākšana, ko veic Valsts augu aizsardzības dienests par, piem., pesticīdu lietošanu, kaitēkļu monitoringu;	VAAD, oficiālā statistika par izplatīto AAL darbīgo vielu apjomiem
			LV: Nacionālās/reģionālās biškopības organizācijas.	Latvijas Biškopības biedrība, Rīgas Dārzkopības un biškopības biedrība

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			ZP: Ģenētiski modificētu augu (un saistītās lauksaimniecības prakses) un produktu mijiedarbība ar citām biotām, ievadi (<i>inputs</i>), izvadi (<i>outputs</i>).	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.
Cilvēku un mājdzīvnieku veselība, kas neietver pārtikas un barības patēriņu	Patogenitāte, toksicitāte, alergēniskums	Dzīvnieku sniegums; Cilvēku un dzīvnieku veselība	LA: pieredze ar mājlopiem, kas bijuši saskarē ar ģenētiski modificētiem augiem; pakļauto lauksaimnieku/strādnieku veselība.	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.
			LV: barības ražotāju aptaujas	Pārtikas un veterinārais dienests
			LV: Direktīvas 2009/128/EK cilvēka veselībai un videi	Nosaka kopienas sistēmu pesticīdu ilgtspējīgas lietošanas nodrošināšanai, mērķis ir samazināt riskus un ietekmi, ko AAL lietošana rada cilvēka veselībai un videi
			ZP: ģenētiski modificētu augu un produktu mijiedarbība ar lauksaimniecības	Līdz šim šādi pētījumi Latvijā nav veikti.

Aizsardzības mērķi	Novērtējuma mērķi un rādītāji (indikatoru)	Mērījumu mērķi	Metodes un dati vispārīgajai uzraudzībai (piemēri)	Projekta ekspertu apzinātie dati un cita informācija
			dzīvniekiem un cilvēkiem.	