

ISSN 2223-5817

Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası  
**GENETİK EHTİYATLAR İNSTİTUTU**

---

**ELMİ ƏSƏRLƏR**

**PROCEEDINGS**  
GENETIC RESOURCES INSTITUTE  
of Azerbaijan National Academy of Sciences

**№1**

**IX CİLD**

**VOLUME IX**

---

**BAKI - 2020 - BAKU**



**ISSN 2223-5817**

**Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası  
Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun**

**ELMİ ƏSƏRLƏRİ**

**IX CİLD**

**№1**

**PROCEEDINGS**

**of the Genetic Resources Institute of Azerbaijan  
National Academy of Sciences**

**VOLUME IX**

**№1**

**BAKI – 2020 – BAKU**

**AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri İnstitutun Elmi Şurasının qərarı ilə  
(17 iyun 2020, 4 nömrəli protokol) nəşr olunmuşdur.**

**REDAKSİYA HEYƏTİ**

**Baş redaktor:**

Zeynal Əkrərov (Bakı, Azərbaycan)

**Baş redaktorun müavinləri:**

Mehrac Abbasov (Bakı, Azərbaycan)

Naib Əminov (Bakı, Azərbaycan)

**Məsul katib:**

Sevinc M. Məmmədova (Bakı, Azərbaycan)

**Üzvlər:**

Ramiz Əliyev (Bakı, Azərbaycan)

Aybəniz Əliyeva (Bakı, Azərbaycan)

Aydın Əsgərov (Bakı, Azərbaycan)

Asəf Salamov (Genom İnstitutu, ABS)

Aladdin Hamwih (ICARDA, Qahirə, Misir)

Aleksey Morgunov (CIMMYT, Türkiyə)

Yaroslav Blume (Kiyev, Ukrayna)

Ram Chandra Sharma (ICARDA, Daşkənd, Özbəkistan)

Seyid Mohammadi (Təbriz, İran)

Mahendar Thudi (ICRISAT, Dehli, Hindistan)

Taner Akar (Akdeniz Universiteti, Antalya, Türkiyə)

Kahraman Gurcan (Erciyes Universiteti, Kayseri, Türkiyə)

Nevena Alexandrova (FAO, Roma, İtaliya)

Elena Quzenko (Minsk, Belarus)

Afiq Məmmədov (Bakı, Azərbaycan)

Sevinc Ə. Məmmədova (Bakı, Azərbaycan)

Səidə Şərifova (Bakı, Azərbaycan)

Sevda Babayeva (Bakı, Azərbaycan)

Xanbala Rüstəmov (Bakı, Azərbaycan)

Hamlet Sadıqov (Bakı, Azərbaycan)

Allahverdi Şahverənov (Bakı, Azərbaycan)

Vəli Qarayev (Bakı, Azərbaycan)

**İcraçı redaktorlar:**

Natavan Kələntərova (Bakı, Azərbaycan)

Səbinə Mehdiyeva (Bakı, Azərbaycan)

Ayaz Məmmədov (Bakı, Azərbaycan)

## MÜNDƏRİCAT | CONTENT

### GENETİKA VƏ SELEKSİYA | GENETICS AND BREEDING

Z.İ.Əkrərov, X.N.Rüstəmov, M.Ə.Abbasov GENETİK EHTİYATLARIN BUĞDA SELEKSİYASINDA ROLU.....	6
A.İ.Əsədova ƏRZAQ PAXLALILARININ DƏN MƏHSULDARLIĞINA BÖLGƏNİN VƏ İLİN TƏSİRİ, YÜKSƏK MƏHSULDARLIQ POTENSİALI İLƏ SEÇİLƏN NÜMUNƏLƏR.....	13

### BİOLOJİ EHTİYATLAR | BIOLOGICAL RESOURCES

S.R.Həsənov, A.Ə.İsgəndərova AZƏRBAYCAN FLORASININ İTMƏK TƏHLÜKƏSİNDƏ OLAN YABANI SOĞAN( <i>Allium L.</i> ) NÖVLƏRİ İNTRODUKSİYA ŞƏRAİTİNDƏ .....	23
Q.S.Qurbanova AZƏRBAYCANDA YAYILMIŞ YERLİ VƏ İNTRODUKSİYA OLUNMUŞ ƏNCİR ( <i>Ficus carica L.</i> ) NÜMUNƏLƏRİ MÜXTƏLİFLİYİNİN POMOLOJİ ƏLAMƏTLƏR ƏSASINDA TƏDQIQI.....	29
K.И.Байметов, Ф.Х.Абдуллаев,У.Х.Туракулов СОРТА ГРАНАТА НАРОДНОЙ СЕЛЕКЦИИ В УЗБЕКИСТАНЕ.....	37

### FİZİOLOGİYA | PHYSIOLOGY

Ə.С.Гаджиев, А.Д.Мамедова, М.А.Аббасов, С.В.Гаджиева, Р.Т. Алиев ИЗУЧЕНИЕ УСТОЙЧИВОСТИ К ЗАСУХЕ И ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, ВЫРАЩЕННЫХ В РАЗЛИЧНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ АЗЕРБАЙДЖАНА.....	46
G.S.Məcidova, N.Ə.Gəraybəyova, S.İ.Şəfizadə, L.S.Abdullayeva, O.H.Rəhimov MÜXTƏLİF DİAQNOSTİK METODLARLA BƏZİ ARPA SORTLARININ DUZA DAVAMLILIĞININ TƏDQIQI.....	59
Ş.İ.Hacıyeva, X.Ş.Abişova, R.T.Mikayılova, E.S.Hacıyev, S.Ə.Məmmədova BƏRK BUĞDA ( <i>T. durum</i> Desf.) NÜMUNƏLƏRİNİN STRES AMİLLƏRƏ DAVAMLILIQ DƏRƏCƏLƏRİNİN LABORATORİYA DİAQNOSTİK METODLARI İLƏ TƏYİNİ.....	65

### BİOKİMYA | BIOCHEMISTRY

F.Z.Gurbanova FUNCTIONAL ANNOTATION OF A LACCASE FROM <i>Pleurotus eryngii</i> WITH COMPARATIVE MODELLING.....	72
E.E.Cəfərova, N.Ç.Baxşıyeva BƏZİ NAR SORTLARININ POMOLOJİ VƏ ANTİOKSIDANT XÜSUSİYYƏTLƏRİNİN TƏDQIQI.....	83
E.B.Rəfiyev AT PAXLASININ YERLİ VƏ İNTRODUKSİYA OLUNMUŞ NÜMUNƏLƏRİNDƏ ZÜLAL VƏ ƏVƏZOLUNMAZ AMİNTURŞULARININ TƏDQIQI.....	92

### İMMUNOGENETİKA | IMMUNOGENETICS

M.Ə.Babayeva UNLU ŞEH XƏSTƏLİYİNİN ( <i>Bulimeria graminis</i> (DC)) SİNTETİK HEKSAPLOİD BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİNƏ TƏSİRİ.....	98
---	----

### İNSAN GENETİKASI | HUMAN GENETICS

З.С.Сафарзаде ПОЛИМОРФИЗМ ARG72PRO ГЕНА TP53 У БОЛЬНЫХ РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ.....	104
---	-----

<b>B.İ.BAYRAMOV</b> YOĞUN BAĞIRSAQ XƏRÇƏNGİNDƏ KODLAŞDIRMAYAN MİKRO-RNT NÖVÜNÜN C>T POLİMORFİZMİNİN TƏDQIQI.....	111
---	-----

**SİTOGENETİKA | SITOGNETICS**

<b>S.P. Mehdiyeva, N.X.Əminov, A.Houben</b> TRİTİKALE İLƏ YUMŞAQ BUĞDA HİBRİDLƏŞMƏSİNDƏN ALINAN AD908 POLİEMBRİON XƏTTİNİN MOLEKULYAR SİTOGENETİK TƏDQIQI.....	120
--	-----

**MƏLUMAT BAZASI | DATABASE**

<b>О.Н.Мустафаев, Н.С.Садовская, А.А.Тюрин, И.В.Голденкова-Павлова</b> JET GENE: ИНТЕГРИРОВАННАЯ БАЗА ДАННЫХ ДЛЯ АНАЛИЗА РЕГУЛЯТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ИЛИ НУКЛЕОТИДНЫХ КОНТЕКСТОВ У ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО ТРАНСЛИРУЕМЫХ ТРАНСКРИПТОВ РАСТЕНИЙ.....	128
--	-----

# **GENETİKA VƏ SELEKSİYA**

**GENETICS AND BREEDING**

UOT 631. 523:575 (479.242)

## GENETİK EHTİYATLARIN BUĞDA SELEKSİYASINDA ROLU

Z.İ.ƏKPƏROV<sup>1</sup> AMEA-nın müxbir üzvü, \*X.N.RÜSTƏMOV<sup>1-2</sup> b.ü.f.d., dosent,  
M.Ə.ABBASOV<sup>1</sup> b.ü.f.d., dosent

<sup>1</sup>AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı, AZ 1106, Azadlıq prospekti, 155;

<sup>2</sup>Əkinçilik Elmi Tədqiqat İnstitutu, Azərbaycan, Bakı, AZ 1098, Pirşağı qəs., Sovsoz 2  
khanbala.rustamov@mail.ru

Məqalə biotik və abiotik amillərə davamlı, yüksək və keyfiyyətli dən məhsulu formalaşdıran sortların yaradılması istiqamətlərində aparılmış elmi-tədqiqat işlərinin nəticələrinə həsr olunmuşdur. Buğdaların Dünya və Milli genetik ehtiyatlarından səmərəli istifadə etməklə yeni qiymətli başlanğıc seleksiya materialları, genetik mənbə və donorların yaradılması, ölkədə ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında onlardan istifadə yolları işıqlandırılmışdır. Genofondan istifadəni müasir dövrün tələblərinə uyğunlaşdırmaq – yüksək adaptiv məhsuldarlığa və keyfiyyət göstəricilərinə malik yeni sortların yaradılması istiqamətlərində aparılan tədqiqat işlərinin davam etdirilməsinin vacibliyi göstərilmişdir. Tədqiqatlar Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Tərtər və Qobustan Bölgə Təcrübə Stansiyalarında, suvarma və dəmyə şəraitlərində aparılmışdır. Tədqiqatların aparıldığı bölgələrin aqroiqlim şəraiti illər üzrə kəskin fərqlənmişdir. Tədqiqat materialı kimi rayonlaşdırılmış və perspektiv buğda sortları, son illərdə hibridləşdirmə və seçmə işlərinin intensivləşməsi nəticəsində buğdalara aid zənginləşdirilmiş yerli seleksiya materialları, həmçinin Beynəlxalq təşkilatlarla əməkdaşlıq nəticəsində minlərlə sortnünunəldəndən seçilmiş genotiplər götürülmüşdür. Son illərdə AMEA Genetik Ehtiyatlar və Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutlarında ekspedisiya, mübadilə və introduksiya yolu ilə buğdaların mədəni, nadir növlərinin və onların yabam əsədlərinin genofondu zənginləşdirilmişdir. *T.boeoticum* Boiss., *T.montanum* Makush., *T.dicocum* (Schrank) Schuebl., *T.durum* Desf., *T.polonicum* L., *T.turgidum* L., *T.aestivum* L., *T.spelta* L. və *T.compactum* Host. buğda növlərinə, növdaxili və növlərarası spontan hibridlərə aid qiymətli seleksiya materialları, əlamət kolleksiyası toplanmışdır. Hibridlərdən seçilmiş bərk, yumşaq, pərinc, kompakt və spelta buğdaların qiymətli təsərrüfat əlamətlərinə malik, biotik və abiotik amillərə davamlı sort və nümunələri pasportlaşdırılaraq Milli Genbanka təhvil verilmişdir. Müxtəlif aqroiqlim şəraitlərində buğda növlərinə aid aborigen və müasir sortnünunəldərin aqrobioloji əlamət və xüsusiyyətləri tədqiq edilmişdir. Bütün öyrənilən əlamətlərə görə geniş növdaxili polimorfizm müşahidə edilmişdir. Məqalədə, həmçinin yeni, adaptiv sortların yaradılmasının potensial imkanları və həlli təxirəsalınmaz problemlər göstərilmişdir.

*Açar sözlər:* genetik ehtiyatlar, seleksiya, *Triticum* L., buğda, sort, adaptivlik, məhsuldarlıq

## GİRİŞ

Çoxsaylı proqnozlara görə 2050-ci ildə dünya əhalisinin 9 milyarda, buğdaya olan tələbatın isə 900 milyon tona çatacağı gözlənilir. Ekspertlərin qeyd etdiyi kimi, XXI əsrdə Dünya əhalisi ərzaq məhsullarının istehsalının yüksəldilməsi problemləri ilə qarşılaşacaqdır (Alexandratos, 2009). Artan quraqlıq, su qıtlığı, və digər iqlim dəyişiklikləri-irriqasiya və meliorasiya, torpağın deqradasiyası, gübrələrin maya dəyərinin artması, yeni virulent xəstəlik və zərərvericilərin yaranması və digər istehsal məhdudiyətləri ilə birlikdə qlobal problemə çevrilmişdir. Böyük həcmdə k/t təyinatlı torpaqlar getdikcə artan urbanizasiyaya qurban verilir. Ərzaq məhsullarının istehsalı üçün lazım olan yeni torpaq sahələrini isə, döviyyəyə daxil etmək, təəssüf ki, mümkün deyil. Bütün bunlar göstərir ki, becərilən bitkilərin məhsuldarlığını yüksəltmək üçün mənşə və

formaəmələgəlmə mərkəz və ocaqlarını nəzərə almaqla onların genetik xüsusiyyətlərinin yaxşılaşdırılması ən perspektiv yoldur. Bu üsuldən istifadə etməklə, həm getdikcə artan əhalini ərzaq və digər həyati vacib məhsullarla təmin etmək, həmçinin pozulmuş ekoloji tarazlığı bərpa etmək olar. Bu sahədə nəzərə çarpan nəticə almaq üçün zəngin, o cümlədən Dünya və Milli toxum genbanklarında *ex-situ* şəraitlərdə, *in-situ/on-farm* kolleksiyalarda saxlanılan genetik müxtəlifliyin mühafizəsi və ondan səmərəli istifadə yolları optimallaşdırılmalıdır (Чесноков, 2016; Tadesse et al., 2019).

Yabanı əcdadlarının keçmişdə və müasir dövrdə yayılma areallarının identifikasiyası mədəni bitkiərin aqrobioloji əlamətlərinin öyrənilməsini və optimal variantların daşıyıcılarının seçilməsini asanlaşdırır. Əcdadların mədəniləşdirilməsində hansı dəyişkənliklərin baş verməsi və onların ilkin becərilmə arealları müasir dövrün prioritet istiqamətlərindəndir. Yabanı əcdad tapılmadıqda, yaxud nəslə kəsildirdə mədəni bitkiərin becərilmə tarixinin öyrənilməsi çətinləşir. Arxeoloji, müqayisəli anatomik botaniki və digər çoxsaylı tədqiqatlar becərilən mədəni di- və tetraploid buğdaların 8000-10.000 il əvvəl Məhsuldar (Bərəkətli) Ayparada (Fertile Crescent) yaranmasına dəlalat edir (Tadesse et al., 2019).

Diploid mədəni buğda (*Triticum monococcum* L. ( $2n=2x=14$ ,  $A^bA^b$ ) yabanı əcdad formadan (*Triticum boeoticum* Boiss.) təxminən 10.000 il əvvəl Türkiyənin cənub-şərqindəki Karacadag dağlarında birbaşa mədəniləşdirilmişdir. Hal-hazırda, yalnız Aralıq dənizi hövzəsi ölkələrində yem bitkisi və ənənəvi qida kimi becərilir. Mədəni pərinç (*Triticum dicoccum* ( $2n=2x=28$ ,  $BBA^uA^u$ ) ən qədim becərilən bitkilərdəndir. Təxminən 9000 il əvvəl Türkiyənin cənub-şərqində *Triticum urartu* ( $2n=2x=14$ ,  $A^uA^u$ ) və B genomunun təxmini əcdadı *Aegilops speltoides* ( $2n=2x=14$ , SS) arasında amfiploidləşmə nəticəsində, 300-500 min il əvvəl yaranan allotetrapoliploid *Triticum dicoccoides* ( $2n=2x=28$ ,  $BBA^uA^u$ ) növündən təbii və süni seçmənin birgə təsiri nəticəsində yaranmışdır. Mədəni pərinçin qalıqları Suriyada eramızdan əvvəl 7500-ci ilə aid bir neçə arxeoloji qızıntılarda aşkar edilmişdir (Tadesse et al., 2019).

Bitki genomlarının tədqiqi göstərir ki, Genbanklarda mənşə və formaəmələgəlmə mərkəzlərindən toplanmış genetik müxtəliflik cəmləşdirilmişdir. Bu “xəzinəyə” tamliqla yiyələnənin yeganə yolu tədqiqatları “fenotipə görə axtarışdan”, müasir molekulyar-genetik metodların köməkliliyi ilə, dəqiq genetik xəritələrdən istifadə etməklə əsas, yaxud açar genlərin (kəmiyyət əlamətlərinin lokuslarının) axtarışına istiqamətləndirmədir (Чесноков, 2007; Чесноков, 2016; natworld.info; Молканова и др., 2010; www.fao.org; ru-ecology.info).

Azərbaycanın müxtəlif torpaq-iqlim şəraiti dənli taxıl bitkilərinin geniş yayılmasına şərait yaratmışdır və müasir aqrotexniki tələblərə uyğun becərilməklə yüksək və keyfiyyətli ərzaq məhsullarının alınmasına imkan verir. Dənli bitkilərin növ və növmüxtəlifliklərinin böyük əksəriyyətinə respublikamızda rast gəlinir, müxtəlif bölgələrdə dənli bitkilərin yabanı və mədəni növləri geniş yayılmışdır. Mədəni bitkilərin Ön Asiya mənşə mərkəzinə daxil olan Azərbaycan dənli bitkilərin növ və formaəmələgəlməsinin əsas ocaqlarındandır. Müasir, qlobal iqlim dəyişkənliyi şəraitində bütün vegetasiya dövründə biotik və abiotik amillərə davamlı, yüksək və keyfiyyətli dən məhsulu formalaşdırın sortların yaradılması aktual və vacibdir. Müasir, kəskin dəyişilən şəraitlərdə geniş ekoloji plastikliyə, yüksək adaptivlik potensialına – geniş reaksiya normasına malik sortların yaradılmasına və yayımına üstünlük verilməlidir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqatlar Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun (ƏETİ) Qobustan və Tərtər Bölgə Təcrübə Stansiyalarında (BTS) dəmyə və suvarma şəraitlərində aparılmışdır. Tədqiqatların aparıldığı bölgələrin torpaq-iqlim şəraiti illər üzrə kəskin fərqlənmişdir. Tədqiqat materialı kimi rayonlaşdırılmış və perspektiv buğda sortları, bərk və yumşaq buğdalara aid zəngin yerli seleksiya materialları, həmçinin CIMMYT, ICARDA və digər Beynəlxalq təşkilatlarla əməkdaşlıq nəticəsində seçilmiş genotiplər götürülmüşdür (Rüstəmov və b., 2016-2017).



Təcrübələrin qoyulması, fenoloji müşahidələrin aparılması, məhsuldarlıq və məhsulun struktur elementlərinin təyini, xəstəliklərə davamlılığın qiymətləndirilməsi müvafiq metodikalara (Мережко и др., 1999; Musayev və b., 2008; Дувейллер и др., 2014), botaniki növ və növmüxtəlifliklərinin təyini isə ÜRBGEİ (VİR) təyinedicisinə (Дорофеев и др., 1979) əsasən aparılmışdır.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda bitkilərin, o cümlədən dənli taxıl bitkilərinin Milli Genbankı yaradılmışdır. Mövcud genetik ehtiyatların yeni genetik mənbə və donorlarla zənginləşdirilməsi və ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında onlardan səmərəli istifadə yollarının optimallaşdırılması vacib məsələdir. Genofondan istifadəni müasir dövrün tələblərinə uyğunlaşdırmaq - yüksək adaptiv məhsuldarlığa və keyfiyyət göstəricilərinə malik yeni sortların yaradılması istiqamətində aparılan elmi-tədqiqat işlərinin genişləndirilməsi, qiymətli təsərrüfat əlamətlərinə malik sabit sortnünmələrdən əlamət və özək kolleksiyalarının yaradılması, hibridoloji və molekulyar-genetik metodlardan istifadə etməklə təsərrüfat qiymətli əlamətlərin fenetik və genetik təbiətini öyrənməklə – yeni əlamət və xüsusiyyətlərin daşıyıcıları olan yeni genetik mənbə və donorların yaradılması böyük əhəmiyyət kəsb edir. Ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunması üçün mədəni bitkilərin və onların yabanı əsdlərinin genofondunun tədqiqi davam etdirilməli, müxtəlif əlamətlərə görə seçilmiş nümunələr seleksiyanın bütün mərhələlərində öyrənilməlidir. Adaptiv əlamət və xüsusiyyətlərə malik başlanğıc seleksiya materialları seçilməli, əlamət və özək kolleksiyalarının yaradılması istiqamətində elmi-tədqiqat işləri intensivləşdirilməli, kompleks əlamətlərə malik genotiplərdən yüksək məhsuldarlığa və dən keyfiyyətinə malik yeni sortların alınması istiqamətində geniş elmi seleksiya işləri aparılmalı, kəmiyyət və keyfiyyət əlamətlərinin irsən nəslə keçmə xüsusiyyətlərini tədqiq etmək məqsədilə hibridoloji və genetik analizlər aparılmalı, molekulyar seleksiyanın imkanlarından geniş istifadə edilməlidir.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda son illərdə ekspedisiya, mübadilə və introduksiya yolu ilə buğdaların mədəni, nadir növlərinin və onların yabanı əsdlərinin genofondu zənginləşdirilmişdir. *T.boeoticum* Boiss., *T.montanum* Makush. =*T.araraticum* Jakubz., *T.dicoccum* (Schrank) Schuebl., *T.durum* Desf., *T.polonicum* L., *T.turgidum* L., *T.aestivum* L., *T.spelta* L. и *T.compactum* Host. buğda növlərinə, növdaxili və növlərarası spontan hibridlərə aid qiymətli seleksiya materialları toplanmış, əlamət kolleksiyaları yaradılmışdır. Növdaxili və növlərarası hibridlərdən seçilmiş bərk, yumşaq, pərinç, kompakt və spelta buğdalarının qiymətli təsərrüfat əlamətlərinə malik, biotik və abiotik amillərə davamlı sort və nümunələri qiymətləndirilərək, pasportlaşdırılıb Milli Genbanka təhvil verilmişdir. Bundan başqa, müxtəlif aqroiqlim şəraitlərində buğda növlərinə aid aborigen və müasir sortnünmələrin aqrobioloji əlamət və xüsusiyyətləri tədqiq edilmişdir. Bütün öyrənilən əlamətlərə görə geniş növdaxili polimorfizm müşahidə edilmişdir. Seçilmiş nümunələrin yüksək məhsuldarlığa və dən keyfiyyətinə malik, biotik və abiotik amillərə davamlı sortların yaradılmasında istifadəsi tövsiyə edilmişdir. Müxtəlif metodlardan istifadə etməklə məhsuldarlıq və məhsulun struktur elementlərinin yüksək göstəricilərinə malik bərk və yumşaq buğdaların növdaxili müxtəlifliyi tədqiq edilmişdir.

Qeyd etmək lazımdır ki, kəmiyyət/keyfiyyət əlamətlərini identifikasiya edən, xromosomlarda (genetik xəritələrdə) yerləşməsini müəyyən edən bütün müasir molekulyar-genetik metodlar fenotipin təyini, çarpazlaşdırma üçün valideyn cütlərinin seçilməsi və s. klassik genetikə və seleksiya metodlarına əsaslanır. Hazırda molekulyar-genetik metodlar genetikə və seleksiyanın klassik metodlarının davamı, məntiqi inkişafı olub, seleksiya prosesini sadələşdirmək və sürətləndirmək üçün yaradılsa da, klassik metodları əvəz edə bilməzlər. Eyni zamanda, yeni fundamental və prioritet tətbiqi bilikləri reallaşdırmaq – klassik və müasir tədqiqat metodlarından komplementar, bir-biri ilə qarşılıqlı inkişaf etdirmək, real imkanları kritik

qiymətləndirmək lazımdır. Bütün bunlar mədəni bitkilərin yaxşılaşdırılmış aqronomik əlamətlərə malik yeni sortlarının yaradılmasının əsas mexanizmini – seleksiya prosesini sürətləndirir (Чесноков, 2016; biofile.ru).

Mədəni bitkilərin biotik və abiotik amillərə davamlı, adaptiv məhsuldarlığa və yüksək keyfiyyət göstəricilərinə malik yeni sortlarının yaradılması və becərilmə texnologiyalarının optimallaşdırılmasında “Genetika”, “Bitki fiziologiyası”, “Biotexnologiya”, “Molekulyar genetika” və s. fundamental elmlərin yeni metodlarından, həmçinin “Bitkiçilik”, “Seleksiya və toxumçuluq”, “Aqrokimya və torpaqşünaslıq”, “Fitopatologiya” və s. tətbiqi elm sahələrinə aid müasir nəzəri-praktiki biliklərdən geniş istifadə etməklə prioritet bitkilər üzrə yeni başlanğıc seleksiya materialları, genetik mənbə və donorların yaradılması və seleksiyada istifadəsi aktualdır.

Son illərdə Milli Genbankda toplanılmış genofondan səmərəli istifadə nəticəsində AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda dənli taxıl bitkilərinin seleksiya işləri, strateji əhəmiyyətli dənli bitkilərin öyrənilməsi, yeni əlamət kolleksiyalarının, genetik mənbə və donorların yaradılması istiqamətlərində elmi-tədqiqat işləri intensivləşdirilmişdir. Seleksiya işlərinin nəticəsi olaraq yüksək məhsuldarlığa və dən keyfiyyətinə malik, biotik və abiotik amillərə davamlı 5 yumşaq buğda (Leyla, Start, Cənub, Xəmsə və Oğuz), 3 bərk buğda (Maya, Korifey-88 və Alyans), 2 arpa (Cəmil və Uğur), 1 tritikale (Fidan) sortları Aqrar Xidmətlər Agentliyinə təqdim edilmişdir. Nəticədə 2019-cu ildə bərk buğdanın “Maya”, yumşaq buğdanın “Start”, arpanın “Cəmil” sortları rayonlaşdırılaraq Dövlət reyestrinə daxil edilmişdir.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu və Kənd Təsərrüfatı Nazirliyinin tabeliyində olan sahə institutları ilə elmi əməkdaşlıq işləri də genişlənmişdir. Başlanğıc seleksiya materiallarının, mədəni bitkilərin yeni sortlarının yaradılması istiqamətində molekulyar-genetik-aqrobiogeosenoz səviyyələrində elmi-tədqiqat işləri intensivləşdirilmişdir.

Son illərdə AMEA Genetik Ehtiyatlar və Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutlarının intensiv və yarımintensiv tipli yeni bərk və yumşaq buğda sortlarının yaradılması istiqamətində CIMMIT, ICARDA, FAO, və s. beynəlxalq təşkilatlarla əməkdaşlığı genişləndirilmişdir. Əkinçilik ETİ Tərtər Bölgə Təcrübə Stansiyasında (BTS) yerli başlanğıc seleksiya materialları ilə yanaşı International Winter Wheat Yield Trial For Irrigated Areas (IWWYT-IR), Facultative And Winter Wheat Observation Nursery-Irrigated (FAWWON-IR), ICARDA Durum Improvement Program Central and West Asia and North Africa (CWANA), International Durum Observation Nursery (IDON-MD) və International Durum Yield Trial (IDYT- MD) pitomniklərindən istifadə nəticəsində buğda genofondu potensial məhsuldarlıq, xəstəliklərə davamlılıq əlamətlərinin daşıyıcıları olan genotiplərlə zənginləşdirilmişdir.

Yüksək potensial və adaptiv məhsuldarlığı, dən keyfiyyət göstəricilərinə görə fərqlənən, yüksək adaptivliyə malik genotiplərin öyrənilməsi nəticəsində yeni Xəzri, Mətin, Əsgəran, Əsəd-80, Onur, Gülüstan 100, Yubiley-90, Cümhuriyyət-100, Diabar və s. yumşaq, Zəngəzur, Korifey 88, Göytəpə, Alyans, Rəvan, Araz, Xəzər, Gomur və s. bərk buğda və Fidan tritikale sortları yaradılmışdır. Bundan başa, Azərbaycanda ilk dəfə olaraq qısaboş (80-90 sm), intensiv tipli, yumru dənli yeni bərk buğda sortları (Comərd-90 və Salvartı) yaradılmışdır.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutu ilə elmi əməkdaşlıqda müxtəlif mənşəli başlanğıc seleksiya materiallarından istifadə etməklə qısaboş-intensiv tipli və ortaboş-yarımintensiv tipli, yüksək adaptivlik qabiliyyətinə malik, xəstəlik və zərərvericilərə davamlı başlanğıc seleksiya materialları, genetik mənbə və donorlar əsasında müasir dövrün tələblərinə cavab verən yeni sortların yaradılması istiqamətlərində birgə elmi-tədqiqat işləri aparılmışdır. N.I.Vavilov adına Ümumrusiya Bitki Genetik Ehtiyatları İnstitutunun VİR Dağıstan filialından alınmış və Milli Genbankda saxlanılan, κ-64409 *var.leucurum* (Мексика) və κ-23025 Susa or Vedeah *var.falcatoleucomelan* (Мальта) sortlarının çarpazlaşdırılmasından alınmış sabit hibrid xəttindən Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Tərtər Bölgə Təcrübə Stansiyasında təkrar fərdi seçmə yolu ilə 2016-cı ildə yeni, orta boş, yüksək

adaptivliyə malik yarımpayızlıq, bərk buğdanın Korifey-88 sortu yaradılmışdır. Aqrar Xidmətlər Agentliyində Korifey-88 bərk buğda sortunun sınağı uğurla keçdiyindən 2020-ci ildə rayonlaşdırılmışdır.

Azərbaycanda dənli bitkilərin seleksiyası və ilkin toxumçuluq sahələrinin tam inkişafının qarşısını alan bir sıra problemlər mövcuddur:

Seleksiya işləri və elit toxumçuluğun aparılması üçün kiçik ölçülü toxumsəpən, toxum-çəşidləyən maşın və avadanlıqlar, xüsusən də seleksiya kombaynları yoxdur. Toxumçuluq təsərrüfatlarında reproduksiya toxumlarının ( $R_1$ ,  $R_2$  və s.) istehsalı elmi-tədqiqat müəssisələri tərəfindən istehsal olunmuş elit toxumların artırılması yolu ilə aparılır. Lakin bəzi toxumçuluq təsərrüfatlarının texniki təchizatı zəif olub, toxumtəmizləyən avadanlıqlar, elevatorlar və s.-in çatışmazlığı problemi mövcuddur.

Rayonlaşdırılmış sortlarda dənin keyfiyyət göstəriciləri, xüsusi ilə çörəkbişirmə keyfiyyətinin yüksəldilməsi aktualdır. Makaron sənayesi üçün dəndə zülalın miqdarı yüksək olan bərk buğda sortlarının sınağı, rayonlaşdırılması və əkin sahələrinin genişləndirilməsi əsas problemlərdəndir. Bərk buğda sortlarının makaron və yarma keyfiyyətinin qiymətləndirilməsi üçün laboratoriya avadanlıqları çatışmır.

Müasir aqrotexnologiyaları, çoxtarlılıq növbəli əkinləri tətbiq etməklə seleksiya prosesinin təşkili və yüksək keyfiyyətli toxumların hazırlanması üçün torpaq fondu kifayət etmir.

## **NƏTİCƏLƏR**

Mövcud genetik ehtiyatların yeni genetik mənbə və donorlarla zənginləşdirilməsi və ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında onlardan səmərəli istifadə həlli vacib olan məsələdir. Genofondan istifadəni müasir dövrün tələblərinə uyğunlaşdırmaq – yüksək adaptiv məhsuldarlığa və keyfiyyət göstəricilərinə malik yeni sortların yaradılması istiqamətində aparılan elmi-tədqiqat işləri genişləndirilməli, genofondan istifadəni müasir dövrün tələblərinə uyğunlaşdırmaq – yüksək adaptivliyə, məhsuldarlığa və keyfiyyət göstəricilərinə malik yeni sortların yaradılması üçün ana valideyn kimi qədim yerli sortlar, ata valideyn kimi isə müasir seleksiya sortları, o cümlədən yüksək məhsuldarlığa və dənin keyfiyyət göstəricilərinə malik məşhur donorlar götürülməlidir.

Tarla və laboratoriyada kütləvi qiymətləndirmə metodlarından istifadə etməklə Milli Genbank və kolleksiyalarda olan genofond qiymətləndirilməli, bitkilərin aqrobioloji əlamət və xüsusiyyətləri ilə onların adaptivliyi, məhsuldarlıq və keyfiyyət göstəriciləri arasında xətti asılılıqlar dəqiqləşdirilməlidir. Qiymətli təsərrüfat əlamətlərinə malik sabit sortnünmələrdən əlamət və özək kolleksiyaları, hibridoloji və molekulyar-genetik metodlardan istifadə etməklə qiymətli əlamətlərin fenetik və genetik təbiəti öyrənilməli –yeni əlamət və xüsusiyyətlərin daşıyıcıları olan yeni genetik mənbə, onlardan isə donorlar yaradılmalıdır.

Dən məhsulunun artırılması, əhalinin ərzaq məhsullarına tələbatının ölkədaxili istehsal hesabına ödənilməsi üçün ən səmərəli yol biotik (xəstəlik, zərərvericilər, bitki sıxlığı və s.) və abiotik (duza, quraqlığa, şaxtaya, soyuğa və s.) amillərə kompleks davamlı, yüksək məhsuldarlığa və dən keyfiyyətinə malik sortların yaradılması, onların elit və reproduksiya toxumçuluğunun təşkili və yayımıdır.

## **MİNNƏTDARLIQ**

Tədqiqatların aparılmasında göstərdikləri dəstəyə görə Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Qobustan və Tərtər BTS-lərinin əməkdaşlarına dərin minnətdarlığımızı bildiririk.

## ƏDƏBİYYAT

- Rüstəmov X.N., Təlai C.M., Əhmədov M.Q., Həsənova Q.M., İbrahimov E.R., Musayev Ə.C.** (2016) Yeni buğda sortları–Zəngəzur və Əsgəran // Azərbaycan aqrar elmi, № 1, s. 34-37
- Rüstəmov X.N., Əhmədov M.Q., Həsənova Q.M., İbrahimov E.R., İbadov V.F., Musayev Ə.C.** (2016) Düzən Qarabağ şəraitində bərk və yumşaq buğdaların məhsuldarlıq və keyfiyyət göstəriciləri // Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Elmi Əsərlər Məcmuəsi, XXVII cild, Bakı: Müəllim, s. 107-111
- Rüstəmov X.N., Əkrərov Z.İ., Təlai C.M., Əhmədov M.Q., Abdullayev A.M., Abbasov M.Ə., Əhmədov M.A., Həsənova Q.M., Hacıyeva S.K., İbrahimov E.R.** (2017) Yeni bərk buğda sortu – “Korifey-88”// AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), cild 72, № 2, s. 89-94
- Rüstəmov X.N., Əkrərov Z.İ., Abbasov M.Ə.** (2017) Uzaq spontan hibridlərdən seçilmiş yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) nümunələrinin aqrobioloji göstəriciləri // AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri, VI cild, Bakı: Təknur, s. 6-12
- Алиев Д.А.** (2006) Селекция пшеницы в Азербайджане// Известия НАНА (Серия биологические науки), № 3-4, с. 3-32
- Дорофеев. В.Ф., Филатенко А.А., Мигушова Э.Ф.** и др. (1979) Культурная флора СССР. /Под общим руководством В.Ф.Дорофеева. Т. 1. Пшеница. Л.: Колос, 346 с.
- Молканова О.И., Коротков О.И., Ветчинкина Е.М., Мамаева Н.А., Васильева О.Г.** (2010) Генетические банки растений: проблемы формирования, сохранения и использования // Вестник Удмуртского университета. Серия «Биология. Науки о Земле», № 3, с. 33-39
- Рустамов Х.Н.** (2016) Генофонд пшеницы (*Triticum* L.) в Азербайджане. LAP LAMBERT Academic Publishing, 164 с.
- Чесноков Ю.В.** (2007) Парадигмы оценки и использования генетических ресурсов, сохраняемых в генных банках растений // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции, т. 164, с. 31-32
- Чесноков Ю.В., Косолапов В.М.** (2016) Генетические ресурсы растений и ускорение селекционного процесса. Москва: Угрешская типография, 172 с.
- Alexandratos N.** (2009) Critical Evaluation of Selected Projections // Proceedings of the Expert Meeting on “How to feed the world in 2050”, 24-26 June 2009, FAO Headquarters, Rome. [www.fao.org/3/ak542e/ak542e00.htm](http://www.fao.org/3/ak542e/ak542e00.htm)
- Tadesse W., Sanchez-Garcia M., Thabet A.S., Tawkaz S.** et al. (2019) Wheat breeding Handbook at ICARDA. Beirut, Lebanon, 122 p.
- [www.biofile.ru/psy/1984.html](http://www.biofile.ru/psy/1984.html) Традиционная и маркерная селекция в генетике
- [www.NatWorld.info/](http://www.NatWorld.info/) Генетическое разнообразие: суть, функции, причины...
- [www.ru-ecology.info/term/7720/](http://www.ru-ecology.info/term/7720/) Отбор по фенотипу
- [www.fao.org/genetic-resources/ru/](http://www.fao.org/genetic-resources/ru/)

## РОЛЬ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ В СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ

**З.И.Акперов<sup>1</sup>, \*Х.Н.Рустамов<sup>1-2</sup>, М.А.Аббасов<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Институт генетических ресурсов НАНА;

<sup>2</sup>Научно-исследовательский институт земледелия

Статья посвящена результатам многолетних научно-исследовательских работ по созданию сортов устойчивых к биотическим и абиотическим факторам, формирующих устойчивые урожаи с высоким качеством зерна. Освящены пути создания исходного селекционного материала, генетических источников и доноров с привлечением Мирового и Национального генетических ресурсов для обеспечения продовольственной безопасности страны. Показана важность исполь-

зования генетических ресурсов согласно современным требованиям для углубления исследований по направлениям создания новых адаптивных сортов с высоким качеством зерна. Опыты проводились на Тертерской и Гобустанской зональной опытной станциях НИИ Земледелия, в орошаемых и богарных условиях. Агроклиматические условия в зонах исследований по годам резко отличались. Материалом для исследований служили районированные и перспективные сорта пшеницы, местные селекционные материалы, обогащённые из-за интенсификации гибридизации и отбора в последние годы, а так же генотипы, отобранные из богатого исходного материала, в результате сотрудничества с международными организациями. В последние годы в Институте генетических ресурсов НАНА и Научно-исследовательском институте земледелия путём экспедиций, обмена и интродукции генофонд культурных, редких видов пшеницы и их диких сородичей значительно обогатился. Собран ценный исходный материал, признаковая коллекция, включающий виды пшеницы - *T.boeoticum* Boiss., *T.montanum* Makush., *T.dicoccum* (Schrank) Schuebl., *T.durum* Desf., *T.polonicum* L., *T.turgidum* L., *T.aestivum* L., *T.spelta* L., *T.compactum* Host., в том числе внутри- и межвидовые спонтанные и индуцированные гибриды. Отобранные по хозяйственно-ценным признакам, по устойчивости к биотическим и абиотическим факторам генотипы пшеницы твёрдой, мягкой, полбы, компактной и спельты, после паспортизации переданы в Национальный генбанк. Кроме того, в различных агроклиматических условиях изучено агробиологические признаки и особенности аборигенных и современных сортообразцов различных видов пшеницы. По всем изученным показателям обнаружен внутривидовой полиморфизм. В статье также показаны потенциальные возможности и неотложные проблемы по созданию новых адаптивных сортов пшеницы.

**Ключевые слова:** генетические ресурсы, селекция, *Triticum L.*, пшеница, сорт, адаптивность, урожайность

## ROLE OF GENETIC RESOURCES IN WHEAT BREEDING

Z.I.Akparov<sup>1</sup>, \*Kh.N.Rustamov<sup>1,2</sup>, M.A.Abbasov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genetic Resources Institute of ANAS;

<sup>2</sup>Research Institute of Crop Husbandry

The article is devoted to the results of long-term research work on the creation of varieties resistant to biotic and abiotic factors to generate sustainable yields with high grain quality. Sanctified by way of creation of initial breeding material and genetic sources and donors, with the assistance of the World and National genetic resources for food security of the country. Is shown the importance of using genetic resources in accordance with modern requirements for research deepening in the areas of creating new adaptive varieties with high grain quality. The experiments were conducted in the Terter and Gobustan Regional Experimental Stations of the Research Institute of Crop Husbandry, in irrigated and rainfed conditions. The agroclimatic conditions in the research areas differed sharply over the years. The research material was zoned and promising wheat varieties, local breeding materials enriched because of the intensification of hybridization and selection in recent years, as well as genotypes selected from rich source material as a result of cooperation with international organizations. In recent years, the Institute of Genetic Resources of ANAS and the Research Institute of Crop Husbandry through expeditions, exchange and introduction of the gene pool of cultivated, rare species of wheat and their wild relatives has significantly enriched. Was collected valuable source material, an indicative collection related to wheat species *T.boeoticum* Boiss., *T.montanum* Makush., *T.dicoccum* (Schrank) Schuebl., *T.durum* Desf., *T.polonicum* L., *T.turgidum* L., *T.aestivum* L., *T.spelta* L., *T.compactum* Host., including intraspecific and interspecific spontaneous and induced hybrids. Selected genotypes for economically valuable traits, for resistance to biotic and abiotic factors durum wheat, bread wheat, emmer, compact and spelt wheat safter passportisation transferred to the National Genebank. In addition, under various agroclimatic conditions have been studied the agrobiological characters and characteristics of landraces and modern varieties of different types of wheat. For all studied parameters detected intraspecific polymorphism. The article, also shows the potential and urgent problems of creating new adaptive varieties of wheat.

**Keywords:** genetic resources, breeding, *Triticum L.*, wheat, variety, adaptability, yield

UOT 635.654.3:631.52

## ƏRZAQ PAXLALILARININ DƏN MƏHSULDARLIĞINA BÖLGƏNİN VƏ İLİN TƏSİRİ, YÜKSƏK MƏHSULDARLIQ POTENSİALI İLƏ SEÇİLƏN NÜMUNƏLƏR

A.İ.ƏSƏDOVA b.ü.f.d., dosent

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr., 155

[almas.i.asadova@gmail.com](mailto:almas.i.asadova@gmail.com)

Məqalədə Abşeron bölgəsinin və becərilmə ilinin lobya, inək noxudu, at paxlası və əkin lərgəsi nümunələrinin məhsuldarlığına təsirindən və yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə fərqlənən nümunələrin seçilməsindən bəhs edilir. Tədqiqat 2005-2016-cı illəri əhatə edir. Öyrənilən nümunələrin məhsuldarlığında bölgənin və ilin təsirindən geniş diapazonda variasiyalaşma baş vermişdir. İllər üzrə adi lobyanın öyrənilən sortnümunələrinin dən məhsuldarlığı 31-600 q; inək noxudu sortnümunələrində 10,2-670,0 q; at paxlası sortnümunələrində 150-1500 q; əkin lərgəsi sortnümunələrində isə 75-1300 q arasında variasiyalaşması baş vermişdir. Tədqiqat illərində məhsuldarlığını sabit saxlamış adi lobya, vigna, at paxlası və əkin lərgəsi nümunələrindən donor formalar seçilmişdir. Adi lobyanın kol formalarından olan K-13036, K-15274, AzePHA-k-34, AzePHA-t/3, AzePHA-20 st.Yerli Piyada sortundan; yarımşarmaşan və şarmaşan formalarından AzePHA-15, AzePHA-t/6, AzePHA-t/16, AzePHA-t/15, AzePHA-29, K-13040, AzePHA-7.5, AzePHA-41, AzePHA-t/5, AzePHA-7.3 nümunələri isə st.Qalibiyət sortundan kompleks kəmiyyət göstəricilərinə görə üstün olmuşdur. Vignaya aid K-271, K-265, AzeVİG-2 və K-268 nümunələrinin gövdələri yığcam kol (kompakt) olmaqla determinant tipə malik olmuşdur. Nümunələrdən AzeVİG-1 bir bitkidə paxlanın (27 ədəd) və dənin sayına (257 ədəd), bir bitkidə dəninin kütləsinə (62,5 q) görə st.K-263-dən (16 ədəd; 162 ədəd; 14,3 q) kifayət qədər yüksək olması ilə seçilmişdir. At paxlasının İspaniyadan və ICARDA-dan alınmış: Elisar (12,0-2,4 sm), Aduadulce (22,0-2,0 sm) və VİFA-İSPAN (24,2-2,1 sm) nümunələri paxlanın ölçüsünə görə st.VİFA-2-93-dən (10,0-2,0 sm) kifayət qədər yüksək olmuşdur. 1000 dəninin kütləsinə görə FLİP12-149 FB (1340 q), Elisar (1470 q) və VİFA-İSPAN (1646 q) nümunələri st.-dan (1190 q) üstün olmaqla fərqlənmişdir. FLİP14-004FB nümunəsinin 1 m<sup>2</sup>-də məhsuldarlığı isə st.VİFA-2-93-dən (700 q) 2 dəfədən çox olmuşdur. Əkin lərgəsinə aid İFLA-254, İFLA-160, İFLA-134, İFLA-148, GP58, İFLA-157 və GP51 nümunələri seçilmişdir. Bu nümunələr gələcək seleksiya işlərində donor forma kimi çox əhəmiyyətlidir.

*Açar sözlər: məhsuldarlıq, bölgə, illin təsiri, ərzaq paxlalıları*

## GİRİŞ

Məhsul – heç də sadə deyil, mürəkkəb olmaqla (Boroyeviç, 1984) özündə çox sayda kəmiyyət xarakterli əlamətləri birləşdirir. Tədqiqatçıların məhsuldarlığa baxışları çox müxtəlifdir. Belə ki, məhsuldarlığa münasibətdə tədqiqatçıların böyük əksəriyyəti bunun daha dəyişkən olduğunu qeyd edirlər (Verbitskiy, 1981; Davletov, 1993). N.İ.Vavilova görə məhsuldarlıq ekoloji amillərlə (iqlim, torpaq və ilin şəraiti) müəyyən olunur (Vavilov, 1966).

V.S.Fedotov (1960) hesab edir ki, ərzaq paxlalılarının dən məhsuldarlığı: 1) paxlada dəninin sayı; 2) dəninin iriliyi; 3) çiçək tacında paxlanın sayı; 4) bitkidə fertil buğumların sayı; 5) bitkidə paxlanın sayı; 6) bitkidə dəninin sayı; 7) bitkidə dəninin kütləsi kimi struktur elementlərinin variasiya əmsalının dərəcəsinə asılıdır (Fedotov, 1960).

Korsakovun göstəricilərinə görə isə bir bitkidə paxlanın sayı, dəninin eyni böyüklüyü, paxlada dəninin sayı və 1000 dəninin kütləsi onun məhsuldarlığını xarakterizə edir və eyni zamanda da nümunələr bu əlamətlərə görə geniş diapazonda variasiyalaşır. Bəzi müəlliflər isə hesab edir ki, dənli paxlalılarda məhsuldarlıq elementlərindən ən az dəyişəni 1000 dəninin kütləsidir

(Korsakov, 1975; Adamova, 1976). Digərləri ekoloji sabitliyə görə birinci yerdə paxlada dənin sayını görürlər (Rodin, 1981).

Aparılan çox sayda tədqiqatlar göstərir ki, ərzaq paxlalılarında dən məhsuldarlığı əsas etibarını ilə aşağıdakı elementlərdən: məhsuldar və ya fertil buğumların sayından, çiçək tacında çiçək və paxlanın sayından, bitkidə paxlanın və dəninin sayından, paxlada dəninin sayından, 1000 dəninin kütləsindən asılıdır. Texniki yetişmə fazasında təzə paxla məhsuldarlığı isə bir bitkidə paxlanın kütləsi, paxlanın sayı və bir paxlanın kütləsi ilə müəyyən edilir. Toxum məhsuldarlığı həm də yığım vaxtı vahid sahədəki bitkinin sayına da bağlıdır.

Digər tərəfdən müxtəlif tədqiqatçıların nəticələrinə əsasən hər bir bölgə üçün sabit məhsuldar sortlar mütləq hansı məqsədlər üçün istifadə olunmasından asılı olaraq yetişmə müddətinə və morfoloji əlamətlərinə görə fərqləndirilməklə sort sistemi əsasında yaradılmalıdır (Donskay və b., 2015; Yoseph, 2014; Kim et al., 2014). Məlum olduğu kimi, sort və xətlərin məhsuldarlığı başlıca olaraq müxtəlif coğrafi bölgələrin iqlim və aqrotexniki şəraitində əldə olunmuş məhsul ilə müəyyən olunur. Dən məhsuldarlığı adətən komponentlər arasındakı tarazlığın dayanıqlılığı hesabına təmin olunur. Belə ki, şəraitdən asılı olaraq komponentin birinin artması digərinin azalmasına və ya əksinin baş verməsinə səbəb olur. Maksimum məhsul – onun bütün komponentlərinin əlverişli olaraq tarazlığının tənzimlənməsidir.

Tədqiqatda əsas məqsəd Abşeronda ərzaq paxlalılarının müxtəlif növ və növmüxtəlifliklərinə aid sortnünunələrində dən məhsuldarlığına bölgənin və iqlimin təsirinin müəyyən edilməsidir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işi AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Elmi Tədqiqat Təcrübə sahəsində yerinə yetirilmişdir. İl ərzində havanın temperaturu yanvar və fevral aylarında ən aşağı olub, orta temperatur 4,5-5,0<sup>0</sup> C, ən isti iyul və avqust aylarında havanın orta temperaturu 24,7-25,8<sup>0</sup> C olur. Bu aylarda maksimum temperatur 27,8<sup>0</sup> C-yə bərabərdir. İllik yağıntının miqdarına görə Abşeron yarımadası respublikanın ən quraq rayonlarından biridir. İllik yağıntıların əsas hissəsi (55-57%) yaz və payız aylarının payına düşür. Yay aylarında yağıntıların miqdarı kəskin minimuma enir. Bu aylarda yağıntıların miqdarı ümumilikdə 3,1 mm-dən çox olmur. Bunu da qeyd edək ki, 2010-cu ildən ölkəmizdə də anomaliyə baş verir.

Tədqiqat materialı olaraq respublikanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış, həmçinin xarici ölkə genbanklarından alınmış adi lobyaya (*Phaseolus vulgaris* L.), inəknoxudu (*Vigna* Savi), at paxlası (*Vicia faba* L.) və əkin lərgəsi (*Lathyrus sativus* L.) sortnünunələri götürülmüşdür. Tədqiqatda 106 adi lobyaya, 25 inək noxudu, 120 at paxlası, 75 əkin lərgəsi nümunələri öyrənilmişdir. Tədqiqat işi N.İ.Vavilov adına Bitkiçilik İnstitutunun qəbul etdiyi metodika (1975), həmçinin də Beynəlxalq Biomüxtəliflik İnstitutunda bu bitkilər üçün qəbul edilmiş metodika (2011) əsasında aparılmışdır.

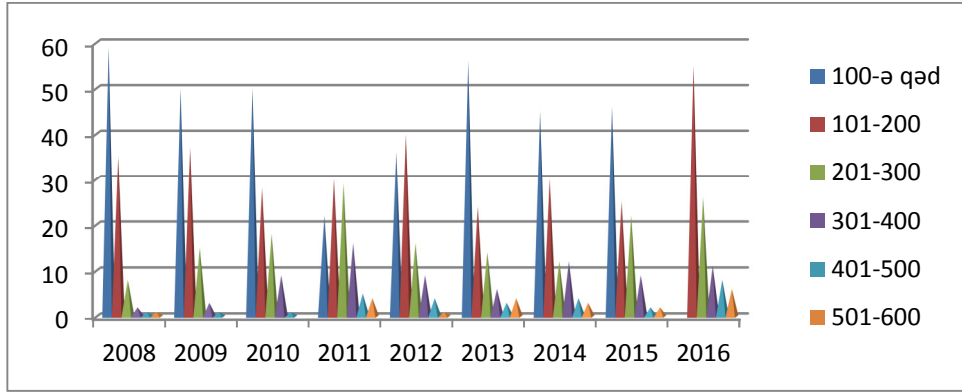
Qeyd edək ki, tədqiqat müxtəlif bitkilərdə eyni vaxtda başlamadığından nəticələr adi lobyada 2008-2016-cı; inək noxudunda (vignada) 2007-2016-cı; at paxlası və əkin lərgəsində 2005-2016-cı illəri əhatə edir.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

### Adi lobyanın dən məhsuldarlığına bölgənin və ilin təsiri, yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən nümunələr

Adi lobyanın öyrənilən sortnünunələrinin məhsuldarlığında illər üzrə (2008-2016) meydana gələn dəyişiklik amplitudası kifayət qədər geniş olmuşdur: 2008-ci ildə 96-521 q; 2009-cu ildə 96-465 q; 2010-cu ildə 31-350 q; 2011-ci ildə 60-500 q; 2012-ci ildə 80-320 q; 2013-cü ildə 93-600 q; 2014-cü ildə 110-430 q; 2015-ci ildə 50-600 q; 2016-cı ildə 145- 556 q. Bu nümunələr

illərə görə məhsuldarlıqda rast gəlinən dəyişiklik əsasında fenotipik siniflərdə paylaşmışdır. Şəkil 1-də adi lobya nümunələrinin illərə görə məhsuldarlığında rast gəlinən dəyişiklik əsasında fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər; 101-200 q; 201-300 q; 301-400 q; 401-500 q; 501-600 q) paylaşması öz əksini tapmışdır.



**Şəkil 1.** Adi lobya nümunələrinin illərə görə dən məhsuldarlığında rast gəlinən dəyişiklik əsasında fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər, 101-200 q, 201-300 q, 301-400 q, 401-500 q, 501-600 q arasında) paylaşması

Şəkil 1-dən görüldüyü kimi, adi lobya nümunələrində 2008-2010; 2013 və 2015-ci illərdə illərə görə məhsuldarlıq ən çox 100 q-a qədər; 2012 və 2016-cı illərdə isə 101-200 q arasında dəyişmişdir. Yalnız 2011-ci ildə məhsuldarlığı ən çox 101-200 q və 201-300 q arasında dəyişən nümunələrin sayı bərabər olmuşdur. Lakin bütün bunlara baxmayaraq şəkil 1.-ə fikir versək müxtəlif ekoloji-coğrafi bölgələrdən toplanmış adi lobya genotiplərinin məhsuldarlığının 200-300 q arasında artmasını və bunların Abşeron şəraitinə adaptasiyasını görmək olar.

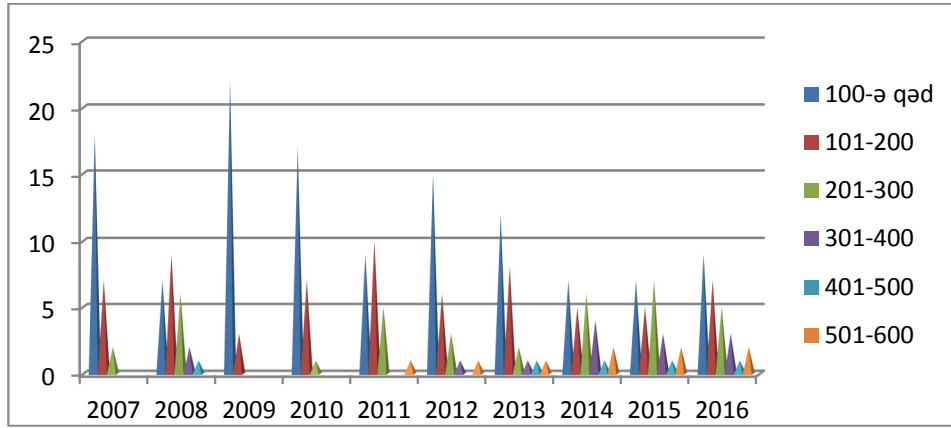
Beləliklə, tədqiq olunan adi lobya nümunələrdən 48,6%-nin məhsuldarlığı 101-300 q; 8,1%-nin məhsuldarlığı 301-400 q; 38,1%-nin məhsuldarlığı isə 100 q-a qədər olmuşdur. Çox az nümunənin məhsuldarlığı (5,2%) 401-600 q arasında olmuşdur.

Tədqiqat illərində sabit məhsuldarlığını saxlamış adi lobya nümunələrindən dən məhsuldarlığına görə donor formalar seçilmişdir. Yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən bu nümunələr bir çox göstəricilərinə görə st.Yerli Piyada və st.Qalibiyət sortlarından üstün olmuşdur. Kol morfotipindən olan K-13036, K-15274, AzePHA-k-34, AzePHA-t/3, AzePHA-20 nümunələri st.Yerli Piyada sortundan; yarımşarmaşan və şarmaşan formalardan AzePHA-15, AzePHA-t/6, AzePHA-t/16, AzePHA-t/15, AzePHA-29, K-13040, AzePHA-7.5, AzePHA-41, AzePHA-t/5, AzePHA-7.3 nümunələri isə st.Qalibiyət sortundan kompleks kəmiyyət göstəricilərinə görə üstün olmuşdur.

### **İnək noxudunun dən məhsuldarlığına bölgənin və ilin təsiri, yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən nümunələr**

Abşeron şəraitində inək noxuduna aid sortnümunələrinin məhsuldarlığı 2007-2016-cı illər ərzində yüksək dəyişikliyə məruz qalmışlar. Bu nümunələrin 2007-2016-cı illərdə məhsuldarlığı: 2007-ci ildə 10,2-127,2 q; 2008-ci ildə 4,8-438,7 q; 2009-cu ildə 2,3-121,4 q; 2010-cu ildə 16,6-438,7 q; 2011-ci ildə 19,6-850,4 q; 2012-ci ildə 8,6-180,9 q; 2013-cü ildə 20,1-663,5 q; 2014-cü ildə 81-670 q; 2015-ci ildə 98-610 q; 2016-cı ildə 87-543 q təşkil etmişdir. Şəkil 2-də inək noxudu nümunələrinin illərə görə məhsuldarlığında (100 q-a qədər və 101-600 q arasında) rast gəlinən dəyişiklik əsasında fenotipik siniflərdə paylaşması verilmişdir.





**Şəkil 2.** İnək noxudu nümunələrinin illərə görə məhsuldarlığında rast gəlinən dəyişiklik əsasında fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər, 101-200 q, 201-300 q, 301-400 q, 401-500 q və 501-600 q arasında) paylaşması

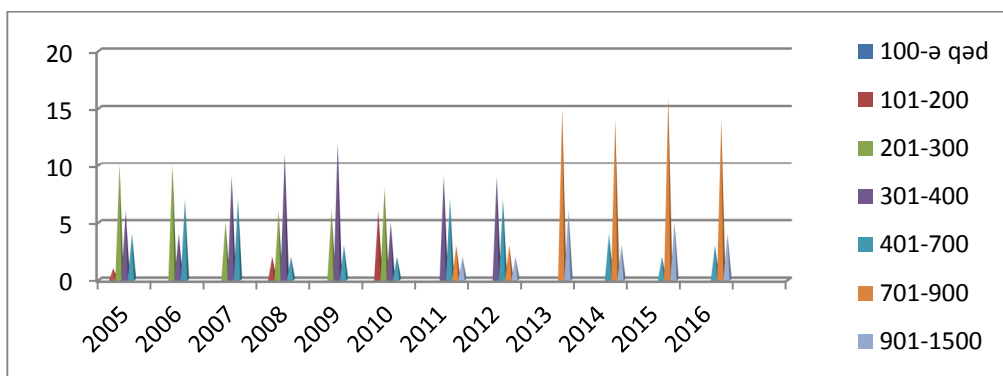
Şəkil 2-dən görüldüyü kimi, 2008 və 2011-ci illərdən başqa bütün illərdə inək noxudu nümunələrində məhsuldarlıq ən çox 100 q-a qədər olmuşdur. Bu nümunələrdə 2014-2016-cı illərdə isə fenotipik siniflər arası fərqlərin azaldığı və 2011-ci ildən məhsuldarlığı 401-600 q arasında olan nümunələrin sayının artdığı müşahidə olunur.

Ümumiyyətlə, öyrənilən inək noxudu genotiplərinin böyük əksəriyyətində (49,0%) illərə görə məhsuldarlıq 100 q-a qədər olmuşdur. Nümunələrin 40,5%-də məhsuldarlıq 101-300 q; 7,5%-də 301-500 q; 3,0%-də isə 501-600 q arasında dəyişmişdir. Bu nümunələrin arasından yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə fərqlənən nümunələr seleksiyada istifadə olunması üçün mənbə kimi qiymətləndirilərək seçilmişdir. Seçilmiş bu nümunələrdən K-271 (84 sm), K-265 (90 sm), AzeVİG-2 (80 sm) və K-268 (77 sm) gövdələri yığcam (kompakt) kol olmaqla determinant tipə; K-265 (162,2 q), AzeVİG-3 (165,6 q), AzeVİG-1 (170,8 q), K-269 (187,3 q), AzeVİG-2 (192,4 q) və K-268 (201,5 q) nümunələri isə 1 m<sup>2</sup>-də məhsuldarlığa görə yüksək göstəriciyə malik olmuşdur. Nümunələrdən AzeVİG-1 bir bitkidə paxlanın (27 ədəd) və dəninin sayına (257 ədəd), bir bitkidə dəninin kütləsinə (62,5 q) görə st.K-263-dən (16 ədəd; 162 ədəd; 14,3 q) kifayət qədər yüksək olması ilə fərqlənmişdir.

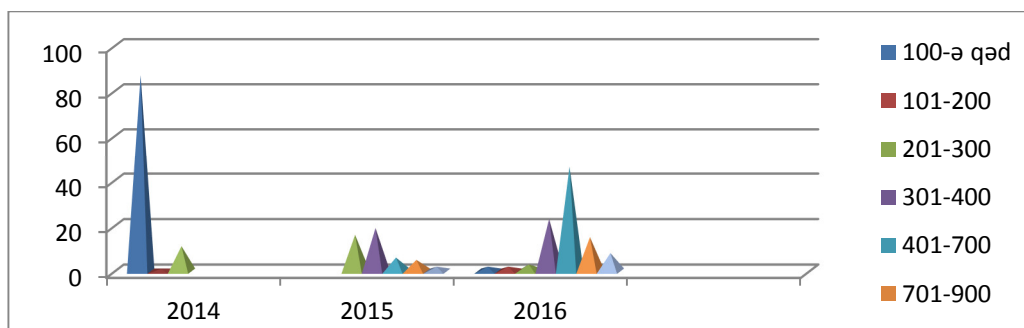
#### **At paxlasının dən məhsuldarlığına bölgənin və ilin təsiri, yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən nümunələr**

At paxlasına aid sortnümunələrində illərə görə məhsuldarlıqda meydana gələn dəyişiklik amplitudası aşağıdakı kimi qiymətləndirilmişdir. 2005-2016-cı illər ərzində I qrupda (yerli formalarda): 2005-ci ildə 185-450 q; 2006-cı ildə 225-593 q; 2007-ci ildə 270-432 q; 2008-ci ildə 186-453 q; 2009-cu ildə 211-432 q; 2010-cu ildə 150-700 q; 2011-ci ildə 223-1000 q; 2012-ci ildə 325-1100 q; 2013-cü ildə 715-1500 q; 2014-cü ildə 20,0-160 q; 2015-ci ildə 310-1400 q; 2016-cı ildə 500-1300 q; II qrupda (ICARDA-dan 2014-cü ildə alınmış nümunələrdə): 2014-cü ildə 20-220 q; 2015-ci ildə 246-1235 q; 2016-cı ildə 98-1500 q təşkil etmişdir.

Şəkil 3.1.-də at paxlası kolleksiyasına daxil olan I qrup (yerli formalar) nümunələrinin (2005-2016); şəkil 3.2.-də isə at paxlası kolleksiyasına daxil olan II qrup (ICARDA) nümunələrinin (2014-2016) illərə görə fenotipik siniflərdə (100-ə qədər, 101-1500 q arasında) paylaşması verilmişdir.



**Şəkil 3.1.** Abşeron şəraitində at paxlasına (*Vicia faba* L.) aid I qrup (yerli formalar) nümunələrinin 2005-2016-cı illərdə məhsuldarlığa görə fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər, 101-1500 q arasında) paylaşması.



**Şəkil 3.2.** At paxlasına (*Vicia faba* L.) aid II qrup (ICARDA) nümunələrinin illərə görə fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər, 101-1500 q) paylaşması.

I qrup nümunələrinin böyük əksəriyyətində (87,8%) məhsuldarlıq 201-700 q, 8,7%-də 900-1500 q, çox az hissəsində (3,5%) isə 101-200 q arasında dəyişmişdir. II qrup nümunələrinin 36,1%-də məhsuldarlıq 100 q-a qədər, 50,4%-də 201-700 q, 8,7%-də 701-900 q, çox az hissəsində (4,3%) isə 901-1500 q arasında dəyişmişdir. Ümumiyyətlə, məhsuldarlıq 2005-2016-cı illər ərzində tədqiq olunan at paxlası nümunələrinin 17,8%-də 100 q-a qədər; 2,4%-də 101-200 q; 15,0%-də 201-300 q, 21,4%-də 301-400 q, 20,0%-də 401-700 q, 17,0%-də 701-900 q, 6,4 %-də isə 901-1500 q arasında dəyişmişdir.

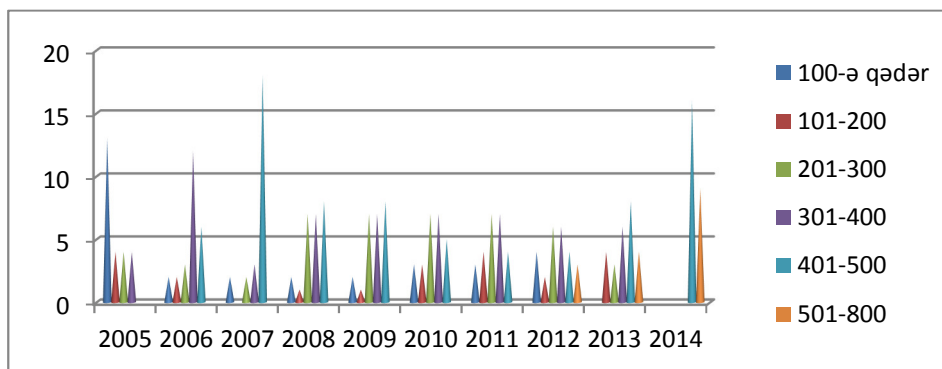
At paxlasının yerli və introduksiya olunmuş nümunələrinin məhsuldarlığının dəyişiklik amplitudası nə qədər geniş olsa da bunlar arasında yüksək məhsuldarlıq potensialına malik, sabit məhsuldar formalar mövcud olmuşdur. İspaniyadan və ICARDA-dan alınmış bu nümunələr alçaqboylu (88-100 sm) olmaqla kompleks kəmiyyət göstəricilərinə malikdirlər. Elisar (12,0-2,4 sm), Aduadulce (22,0-2,0 sm) və VİFA-İSPAN (24,2-2,1 sm) nümunələri paxlanın ölçüsünə görə st.VİFA-2-93-dən (10,0-2,0 sm) kifayət qədər yüksək olmuşdur. 1000 dənin kütləsinə görə FLİP12-149 FB (1340 q), Elisar (1470 q) və VİFA-İSPAN (1646 q) nümunələri st.-dan (1190 q) üstün olmaqla fərqlənmişdir. FLİP14-004FB nümunəsinin 1 m<sup>2</sup>-də məhsuldarlığı st.VİFA-2-93-dən (700 q) 2 dəfədən çox olmuşdur.

### **Əkin lərgəsinin dən məhsuldarlığına bölgənin və ilin təsiri, yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən nümunələr**

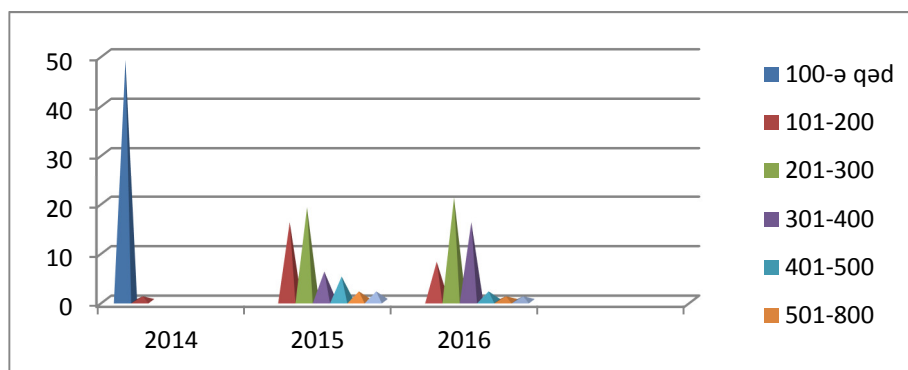
Əkin lərgəsi nümunələrində yerli formalarda (yerli formalarda) 2005-2013-cü illər ərzində məhsuldarlıqda meydana gələn dəyişiklik amplitudası: 2005-ci ildə 75-180 q; 2006-cı ildə 82-

190 q; 2007-ci ildə 96-200 q; 2008-ci ildə 90-200 q; 2009-cu ildə 82-179 q; 2010-cu ildə 92-198 q; 2011-ci ildə 98-150 q; 2012-ci ildə 95-470 q; 2013-cü ildə 136-450 q; 2014-cü il-190,0-650,0 q; II qrup (ICARDA-dan 2014-cü ildə alınmış nümunələr) nümunələrdə isə: 2014-cü ildə 14-150 q; 2015-ci ildə 149,0-820,0 q; 2016-cı ildə 300-1300 q təşkil etmişdir.

Şəkil 4.1.-də əkin lərgəsi kolleksiyasına daxil olan I qrup (yerli) nümunələrinin (2005-2014); şəkil.4.2.-də isə əkin lərgəsi kolleksiyasına daxil olan II qrup (ICARDA) nümunələrinin (2014-2016) illərə görə fenotipik siniflərdə (100-ə qədər, 101-1300 q arasında) paylaşması verilmişdir.



Şəkil 4.1. Əkin lərgəsinə (*Lathyrus sativus* L.) aid I qrup (yerli) nümunələrinin Abşeron şəraitində məhsuldarlığa görə fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər və 101-800 q arasında) paylaşması.



Şəkil 4.2. Əkin lərgəsinə (*Lathyrus sativus* L.) aid II qrup (ICARDA) nümunələrinin Abşeron şəraitində məhsuldarlığa görə fenotipik siniflərdə (100 q-a qədər və 101-1300 q arasında) paylaşması.

I qrup nümunələrinin (şəkil 4.1.) 50,4%-də məhsuldarlıq 101-180 q, 30,8%-də 181-200 q, 5,2%-də 201-500 q, cəmi 1,2% nümunədə 501-800 q arasında dəyişmişdir. Bu nümunələrin 12,4%-də isə məhsuldarlıq 100 q-a qədər olmuşdur. II qrup nümunələrinin (şəkil 4.2.) 32,7%-də məhsuldarlıq 100 q-a qədər, 43,4%-də 101-180 q; 21,3%-də 181-500 q arasında dəyişmişdir. II qrup nümunələrinin cəmi 2,6%-də məhsuldarlıq 801-1300 q olmaqla yüksək göstəriciyə malik olmuşdur. İntroduksiya olunmuş bu nümunələr yerli şəraitə adaptasiya olunmaqla məhsuldar sortların yaradılmasında ilkin material kimi də çox əhəmiyyətlidir. Bu nümunələrdən İFLA-254, İFLA-160, İFLA-134, İFLA-148, GP58 və İFLA-157-nin alçaqboylu (45-75 sm) (st.LASA-5-69-da 115 sm) olması müəyyən edilmişdir. GP51 (420 q), İFLA-148 (530 q), GP58 (540 q), İFLA-157 (820 q) nümunələri alçaqboylu olmaqla, həm də məhsuldar (st.-da 230 q) olmuşdur. Yüksək məhsuldarlıq potensialı ilə seçilən bu nümunələrdən gələcək seleksiya işlərində istifadə olunması nəzərdə tutulur.

## NƏTİCƏLƏR

Öyrənilən nümunələrin məhsuldarlığında bölgənin və ilin təsirindən geniş diapazonda variasiyalaşma müəyyən edilmişdir. İllər üzrə (2005-2016) adi lobyanın öyrənilən sortnünunələrində dən məhsuldarlığının 31-600 q; inək noxudu sortnünunələrində 10,2-670,0 q; at paxlası sortnünunələrində 150-1500 q; əkin lərgəsi sortnünunələrində isə 75-1300 q arasında variasiyalaşması baş vermişdir. Müvafiq növ və növmüxtəlifliklərindən yüksək məhsuldarlıq potensialına malik: K-13036, K-15274, AzePHA-k-34, AzePHA-t/3, AzePHA-20, AzePHA-15, AzePHA-t/6, AzePHA-t/16, AzePHA-t/15, AzePHA-29, K-13040, AzePHA-7.5, AzePHA-41, AzePHA-t/5, AzePHA-7.3; K-265 AzeVİG-3 AzeVİG-1, K-269, AzeVİG-2 və K-268; Elisar, Aduadulce və VİFA-İSPAN, FLİP14-004FB; İFLA-254, İFLA-160, İFLA-134, İFLA-148, GP58, İFLA-157 və GP 51 seçilmişdir. Bu nümunələr gələcək seleksiya işlərində donor forma kimi çox əhəmiyyətlidir.

## ƏDƏBİYYAT

- Адамова О.П.**(1976) Зависимость некоторых биологических и хозяйственных признаков гороха от условий выращивания // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. ВИР. 1., - т. 57. -вып. 3. - с. 46 - 58
- Боревич С.**(1984). Принципы и методы селекции растений (перевод с сербо-хорватского). М.: «Колос». 344 с.
- Вавилов Н.И.**(1966). Избранные сочинения. Генетика и селекция. М., изд-во«Колос». 559 с.
- Давлетов Ф.А.**(1993). Селекция зернового гороха в условиях республики Башкортостан. Уфа.с. 3-51.
- Донской М.М., Наумкин В.П., Донская М.В., Мазалов В.И.**(2015). Практическое руководство по возделыванию чины посевной. Орел: ФГБНУ ВНИИЗБК.32 с.
- Корсаков К.** (2014). Отзывчивость томатов в открытом грунте на регуляторы роста // Овощеводство и тепличное хозяйство. № 6. с. 80.
- Родин Е.А.** (1981).Корреляция признаков у растений гороха // Труды Кировского СХИ.- с.170-175
- Федотов В.С.** (1976). Горох, вика, бобы, фасоль в Нечерноземной полосе / В.С. Федотов. – Изд. 2-е, перераб. – Л.: Лениздат.80 с.
- Kim D., Kim Y., Chon S., Rim Y., Choi J., Kwon O.** (2014). Growth response and nutrient content of cowpea sprouts based on growth temperature and genetic resources// Kor. J. Crop Sci. 59: 332–340
- Methodology** (2011) for the definition of a key set of characterization and evaluation descriptors for bean (*Phaseolus vulgaris*); descriptors for faba bean (*Vicia faba*); descriptors for cowbean [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]; descriptors for grass pea (*Lathyrus sativus*). Key Characterization and Evaluation Descriptors: Methodologies for the Assessment of 22 Crops. Bioversity International Via dei Tre Denari, 472/a 00057 Maccarese Rome, Italy. Bioversity International. p. 42- 255
- Yoseph T.** (2014). Performance evaluation of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) varieties under moisture conservation practices for yield and yield components at Alduba, Southern Ethiopia// Journal of Natural Sciences Research, v. 4, n. 7, p. 7-11

## ВЛИЯНИЕ РЕГИОНА И ГОДА НА ЗЕРНОВУЮ ПРОДУКТИВНОСТЬ ПИЩЕВЫХ БОБОВЫХ КУЛЬТУР, ОБРАЗЦЫ С ВЫСОКИМ ПОТЕНЦИАЛОМ ПРОДУКТИВНОСТИ

А.И.Асадова

*Институт генетических ресурсов НАНА*

В статье рассматривается влияние Апшеронского региона и года выращивания на продуктивность образцов фасоли, вигны, конских бобов и чины посевной, а также выбор образцов с высоким потенциалом продуктивности. Исследование охватывает 2005-2016 годы. В продуктивности исследованных образцов, в зависимости от региона и года, наблюдался широкий диапазон вариаций. За годы у изученных сортообразцов обыкновенной фасоли варьирование урожайности семян было в пределах 31-600 г; от 10,2 до 670,0 г у образцов вигны; 150-1500 г у образцов конских бобов; 75-1300 г у образцов чины посевной. Донорские формы были отобраны из образцов фасоли, вигны, конских бобов и чины, которые сохраняли стабильную урожайность в годы исследования. Образцы K-13036, K-15274, AzePHA-k-34, AzePHA-t/3, AzePHA-20, которые являются кустарниковыми формами обыкновенной фасоли, превосходили стандартный сорт Yerli Piyada; образцы AzePHA-15, AzePHA-t/6, AzePHA-t/16, AzePHA-t/15, AzePHA-t/15, AzePHA-29, K-13040, AzePHA-7.5, AzePHA-41, AzePHA-t/5 и AzePHA-7.3, представляющие собой полувьющиеся и вьющиеся формы обыкновенной фасоли, превосходили стандартный сорт Qalibiyuət по комплексным количественным показателям. Стебли образцов вигны K-271, K-265, AzeVIG-2 и K-268, были детерминантного типа с компактным кустом. AzeVIG-1 достаточно сильно отличался от стандартного образца K-263 (16 шт.; 162 шт.; 14,3г) по количеству бобов на растении (27 шт.), количеству (257 шт.) и массе зёрен (62,5 г). По размерам бобов, образцы конских бобов Elisar (12,0-2,4 см), Aduadulce (22,0-2,0 см) и VIFA-SPANISH(24,2-2,1 см), привезенные из Испании и ICARDA, были значительно крупнее, чем стандартный образец VIFA-2-93 (10,0-2,0 см). По массе 1000 зерен образцы FLIP12-149 FB (1340 г), Elisar(1470 г) и VIFA-SPANISH (1646 г) были больше, чем стандартные (1190 г). Урожайность FLIP14-004FB с 1 м<sup>2</sup> была в 2 раза выше, чем у стандарта VIFA-2-93 (700 г). Были отобраны образцы чины IFLA-254, IFLA-160, IFLA-134, IFLA-148, GP58, IFLA-157 и GP.51. Данные образцы важны в качестве донорской формы в будущей селекционной работе.

*Ключевые слова: продуктивность, регион, эффект года, продовольственные бобовые*

## IMPACT OF THE REGION AND THE YEAR ON SEED PRODUCTIVITY OF FOOD LEGUMES, SAMPLES WITH HIGH PRODUCTIVITY POTENTIAL

A.I.Asadova

*Genetic Resources Institute of ANAS*

The article discusses the impact of the Absheron region and the year of cultivation on the productivity of bean, cowbean, horse bean and grass pea samples and the selection of samples with high productivity potential. The study covers the years 2005-2016. The productivity of the studied samples varied widely over the influence of the region and the year. Over the years (2005-2016) in the studied varieties of beans variation of seed yield occurred between 31-600 g; between 10.2-670.0 g in samples of cow bean; between 150-1500 g in horse bean samples; 75-1300 g in the samples of grass pea. Donor forms were selected from samples of bean, cow bean, horse beans, and grass pea that maintained stable yields during the study years. K-13036, K-15274, AzePHA-k-34, AzePHA-t/3, AzePHA-20, which are common bush forms of beans, were superior to the standard Yerli Piyada; variety in terms of complex quantitative indicators. The samples AzePHA-15, AzePHA-t/6, AzePHA-t/16, AzePHA-t/15, AzePHA-t/15, AzePHA-29, K-13040, AzePHA-7.5, AzePHA-41, AzePHA-t/5 and AzePHA-7.3, which are semi-climbing and climbing forms of beans out performed the standard; Qalibiyuət; variety in terms of complex quantitative indicators. The stems of K-271, K-265, AzeVIG-2 and K-268 samples belonging to Cow bean were of a determinant type with a compact bush. Among the samples, AzeVIG-1 differed from

the standard K-263 sample (16 pieces; 162 pieces; 14, 3q) in terms of beans per plant (27 pieces), number of grains (257 pieces) and grain weight per plant (62.5 g). Elisar (12.0-2.4 cm), Aduadulce (22.0-2.0 cm) and VIFA-SPANISH (24.2-2.1 cm) samples of horse beans brought from Spain and ICARDA were significantly higher than the standard VIFA-2-93 sample (10.0-2.0 cm) in terms of the size of the bean. Samples FLIP12-149 FB (1340 g), Elisar (1470 g) and VIFA-SPANISH (1646 g) were more performant than the standard (1190 g) as for the weight of 1000 grains. Productivity of FLIP14-004FB per 1 m<sup>2</sup> was more than 2 times higher than standard VIFA-2-93 (700 g). The samples IFLA-254, IFLA-160, IFLA-134, IFLA-148, GP58 and IFLA-157GP51 belonging to grass pea were selected. These examples are also very important as a donor form in future selection work.

**Keywords:** *productivity, region, year effect, food legumes*

**BİOLOJİ**  
**EHTİYATLAR**  
**BIOLOGICAL RESOURCES**

UOT 635.25

## AZƏRBAYCAN FLORASININ İTMƏK TƏHLÜKƏSİNDƏ OLAN YABANI SOĞAN (*ALLIUM* L.) NÖVLƏRİ İNTRODUKSİYA ŞƏRAİTİNDƏ

\*S.R.HƏSƏNOV b.ü.f.d., A.Ə.İSGƏNDƏROVA

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr., 155  
[Hhasanovsabir92@gmail.com](mailto:Hhasanovsabir92@gmail.com)

Azərbaycan florasında yabani soğanların 50 növü yayılmışdır ki, onlardan da 7-si (*Allium stamineum* Boiss., *Allium moschatum* L., *Allium callidiction* C.A.M., *Allium kunthianum* Vved., *Allium transcaucasicum* A.Grossh., *Allium Mariea* E.Bordz., *Allium ampeloprasum* L.) itirilmək təhlükəsi altındadır. Məqalədə bu növlərin kulturaya keçirilməsi zamanı bioloji xüsusiyyətlərindən bəhs olunur. Eyni zamanda soğanların introduksiyasının müvəffəqiyyət dərəcəsi qiymətləndirilmişdir. Qiymətləndirmə Rusiya Elmlər Akademiyasının Baş Botanika Bağının metodikasına əsasən aparılmışdır. Bunun üçün 3 ballıq şkaladan istifadə edilmişdir. Qiymətləndirmə 7 göstərici üzrə aparılmışdır: 1.Bitkilərin meyvə əmələgətirmə intensivliyi; 2.Toxumların cücərmə qabiliyyəti; 3.Toxumların təbii olaraq tökülüb cücərməsi; 4. Vegetativ yolla çoxalma qabiliyyəti; 5. Bitkilərin kulturadakı vəziyyəti və qabitusu; 6. Bitkilərin xəstəlik və zərərvericilərə qarşı davamlılığı; 7. Bitkilərin qışlamadan sonrakı vəziyyəti. Növlərin introduksiyasının müvəffəqiyyətliliyi (kulturaya keçirmənin perspektivliliyi) hər bir göstəriciyə görə balla (10-dan aşağı - perspektivsiz, 10-13 ball - az perspektivli, 18-21 ball - perspektivli növlər) qiymətləndirilmişdir. Azərbaycan florasının 7 növünün introduksiyası zamanı 4 növ çox perspektivli, bir növ perspektivli, iki növ isə az perspektivli kimi qiymətləndirilmişdir. Bu növlərin toxumla və vegetativ yolla çoxaldılması göstəriciləri çox aşağı olmuşdur. Bu növlərin introduksiya sınaqları göstərdi ki, onlardan 5-ni qida, vitamin mənbəyi və dekorativ bitki kimi Abşeron şəraitində, kulturada becərmək olar. Bu növlərin kulturada becərilməsinə mühafizənin bir üsulu kimi də baxmaq olar.

*Açar sözlər:* introduksiya, kultura, növ, *Allium*, perspektiv

## GİRİŞ

Soğanlar qida, vitamin mənbəyi və dərman bitkiləri kimi insanların həyatında çox mühim əhəmiyyətə malikdirlər. Onlar həm də bal verən və yem bitkiləridirlər. Bu bitkilərdən dekorativ məqsədlərlə parkların və xiyabanların bəzədilməsində istifadə olunur (Hasanov, Shikhlinski 2017; Hasanov, Shikhlinski, 2017).

Tədqiqatçılar göstərir ki, soğanlarda soğanaqların əmələ gəlməsi onların həyatında çox mühüm rol oynayır. Soğanaqlar çox qısalmış yeraltı gövdələrdir. Bəzi növlərdə soğanaqların əvəzinə kökümsovlar olur (Гасанов, Акперов, Мамедова, 2017).

Ekoloji şəraitin dəyişməsi, antropogen təsir bəzi yabani növlərin areallarının kiçilməsinə və bu növlərin itirilmək təhlükəsində olmasına səbəb olmuşdur. Növlərin yayıldıqları ərazilərdə bitkilərin toxum əmələ gətirməmiş biçilməsi, istifadə üçün soğanaqlarla birlikdə çıxarılması və müəyyən xəstəliklər bioloji tənəzzülə gətirib çıxarır ki, bu da həmişə məhvolma təhlükəsi yaradır. Buna görə də növləri mühafizəyə dair tədbirlərlə nəinki qoruyub saxlamaq, həmçinin təhlükəni qabaqcadan görmək və xəbər vermək də vacibdir (Абрамова, Каримова, 2004; Тухватуллина, Абрамова, 2012; Тухватуллина, 2015).

Yabani soğan növlərindən daimi və səmərəli istifadənin təmin olunması məqsədilə, onların mədəni kulturaya keçirilməsi aktual məsələlərdəndir. Bu iş onların genetik xüsusiyyətləri nəzərə alınmaqla planlı şəkildə aparılmalıdır. Ona görə də yabani soğan növlərinin vegetativ və



generativ orqanları ilə introduksiya imkanlarının öyrənilməsi çox mühüm əhəmiyyətə malikdir [Тухватуллина, 2009; Тухватуллина, Маслова, Абрамова, 2007).

Araşdırmalar göstərir ki, Azərbaycan ərazisində yayılmış *Allium* L. cinsinin bəzi növlərinin arealları getdikcə kiçilir, bitkilərin sayı azalır. Ona görə də respublika üzrə xüsusi mühafizəyə ehtiyaçı olan 10 növ müəyyənləşdirmişdir. *A.ursinum* L., *A.victoralis* L.və *A.paradoxum* (M.B.) Don., növlərinin arealları getdikcə kiçilir. *A.rubellum* M.B., *A.pseudoflavum* Vved., az saylı növlərdir, onlar ancaq 1-3 coğrafi nöqtədə mövcuddur. *A.talışense* Misc. növünə 2012-ci ildən sonra rast gəlinməmişdir. *A.kunthianum* Vved., *A.leucantum* C.Koch., *A.szovitsii* Rgl., *A.lenkoranikum* Miscz. növlərinin arealdakı bitkilərinin sayı sürətlə azalır. Ona görə də *Allium* L. cinsinin itmək təhlükəsində olan növlərinin qorunması aktual problemlərdən biri olaraq qalmaqdadır (Həsənov, 2017; Həsənov, 2018).

Tədqiqatın məqsədi itmək təhlükəsində olan soğan növlərinin mədəni kulturadakı davamlılığını və perspektivliliyini müəyyənləşdirməkdir.

Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən, fərqli torpaq-iqlim şəraitindən toplanmış yabanı soğan növlərinin soğanaqları Abşeron şəraitində əkilmiş və növlərin bitkilərinin yeni şəraitdə həyatilik qabiliyyətləri tədqiq edilmişdir.

Məqalədə Azərbaycanın Abşeron şəraitində itmək təhlükəsində olan yabanı soğan növlərinin kulturadakı bioloji xüsusiyyətlərindən bəhs olunur.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Təcrübədə Respublika ərazisindən toplanmış 7 yabanı (*A.stamineum* Boiss., *A.moschatum* L., *A.callidiction* C.A.M., *A.kunthianum* Vved., *A.transcaucasicum* A.Grossh., *A. Mariea* E.Bordz., *A.ampeloprasum* L.) soğan növündən istifadə olunmuşdur.

Yabanı soğanların introduksiyasının müvəffəqiyyət dərəcəsinin qiymətləndirilməsi Rusiya Elmlər Akademiyasının Baş Botanika Bağının metodikasına əsasən aparılmışdır (Томилова, 1982). Bunun üçün 3 ballıq şkaladan istifadə edilmişdir. Qiymətləndirmə 7 göstərici üzrə aparılmışdır:

1. Bitkilərin meyvəmələgətirmə intensivliyi;
2. Toxumların cücərmə qabiliyyəti;
3. Toxumların təbii olaraq tökülüb cücərməsi;
4. Vegetativ yolla çoxalma qabiliyyəti;
5. Bitkilərin kulturadakı vəziyyəti və qabitusu;
6. Bitkilərin xəstəlik və ziyanvericilərə qarşı davamlılığı;
7. Bitkilərin qışlamadan sonrakı vəziyyəti.

Növlərin introduksiyasının müvəffəqiyyətliliyi (kulturaya keçirmənin perspektivliliyi) hər bir göstəriciyə görə balla (10-dan aşağı - perspektivsiz, 10-13 ball - az perspektivli, 18-21 ball-perspektivli növlər) qiymətləndirilmişdir.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Ərkək soğan (*Allium stamineum* Boiss.)Azərbaycanda Naxçıvan MR-in dağlıq və düzənlik ərazilərində, orta və aşağı dağ qurşaqlarında, quru daşlı və çınqıllı yamaclarda yayılmışdır. 4-cü kateqoriyaya daxildir. Statusu: sayı azalmağa olan növ kimi xarakterizə olunur. Fenoritmotipi cəlbedicidir, uzunmüddətli vegetasiya dövrünə malikdir. Yayda sükunət dövrünü keçirir. Yaz inkişafı aprel ayının 1-2-ci dekadasına qədər davam edir. Mayın 3-cü dekadasında generativ zoğlar inkişaf edir. Çiçəkləmə iyulun 1-ci dekadasında başlayır və iyulun 3-cü dekadasında qurtarır. Soğanın cəlbedici vegetasiya dövrü iyulun ortalarında başa çatır.Toxumların yetişməsi iyulun sonu avqustun əvvəlində baş verir. Çiçəkləmənin uzunluğu ayrı-ayrı fərdlərdə 23-25 gün təşkil edir, tək-tək çətirlərdə 16-18 gün, bir çiçəyin açılması isə 4-5 gün çəkir. Cücərmənin

başlamasından toxumların yetişməsinə qədər 107-115 gün keçir.

Bir çiçək tacında 26-74 (orta hesabla 47,6) ədəd çiçək, 22-70 (orta hesabla 42,6) ədəd meyvə əmələ gəlir. Çətirin meyvə bağlaması 90 % təşkil edir. Bir generativ zoğun real toxum əmələgətirməsi orta hesabla 118,4 ədəd, potensialı isə 282 ədəd, çətirin məhsuldarlıq əmsalı isə cəmi 44%-dir. Bir meyvədə təqribən 2,85 ədəd toxum olur, bu isə meyvənin 47%-ni təşkil edir. Toxumun xalis çəkisi 1,3 q-dır. Çoxalması toxumla və vegetativ yolla. Toxumların cücərmə qabiliyyəti 94%-dir. Növün introduksiyasının müvəffəqiyyət dərəcəsi 11 balla qiymətləndirilmişdir.

Cəviz soğan (*Allium moschatum* L.) Böyük Qafqazın Quba rayonu ərazisində aşağı və orta dağ qurşaqlarında, Abşeronda, Qobustanda yayılmışdır. 4-cü kateqoriyaya daxildir. Statusu: sayı azalmağa olan növ kimi xarakterizə olunur. Fenoritmotipi: vegetasiya dövrü uzunmüddətli olan növdür. Qışda sükunət dövrü keçirir, yayda orta müddətə çiçəkləyən növdür. Qar əriyən kimi, aprelin 1-2-ci dekadasında, vegetasiya dövrü başlayır. May ayının sonu və iyun ayının əvvəlində çiçək zoğu əmələgəlməyə başlayır və 36-42 gün davam edir. İyunun 3-cü iyulun 1-ci dekadasında çiçəkləmə fazası başlayır və iyulun 2-3-cü dekadasında qurtarır. Ayrı-ayrı bitkilərin çiçəkləməsi illərdən asılı olaraq 21-30 gün çəkir. Ayrı-ayrı bitkilərdə isə 16-18 gün çəkir. Bir çiçəyin açılması isə 8-10 gün davam edir. *Allium moschatum* L. növü toxumlarının yetişmə müddətinə görə tez yetişən növlər sırasına daxildir. Cücərmədən toxumların yetişməsinə qədər keçən müddət 43-50 gün olur. Toxumlar avqustun 2-3-cü dekadasında yetişir. Nadir hallarda isə bu proses sentyabrın əvvəlinə qədər davam edir. Vegetasiya dövrü temperatur aşağı düşənə qədər davam edir. Toxum məhsuldarlığının orta göstəriciləri: bir çiçək çətirində 28-60 çiçək (orta hesabla 47,2 ədəd) ola bilər. Meyvə sayı isə 22-61 arasında (orta hesabla 42 ədəd) olur. Növün meyvə əmələgəlmə əmsalı 85,5% təşkil edir. Qutucuqdakı toxumların sayı 1,4-3,2 (orta hesabla 2,2 ədəd) təşkil edir. Meyvələrdə toxum əmələgəlmə 36,1%-dir. Bir generativ zoğda əmələ gələn real toxum sayı orta hesabla 87,5 ədəddir. Potensial toxum məhsuldarlığı 290 ədəddir. Zoğların məhsuldarlıq əmsalı 31,2%-dir. Toxum kütləsi 1,46-1,61 q-dır.

*A. moschatum* L. növü həm toxum, həm də vegetativ yolla çoxalır. Laboratoriya şəraitində bu növün toxumlarının cücərmə qabiliyyəti müxtəlif illərdə 59-69% olmuşdur. Vegetativ çoxalma əmsalı 2,8-dir. Introduksiya potensialı isə 20 bal olmuşdur.

Qəşəng torlu soğan (*Allium callidiction* C.A.M.) Azərbaycanın Naxçıvan MR. ərazisində aşağı dağ qurşağında quru yamaclarda bitir. 4-cü kateqoriyaya daxildir. Statusu: təbiətdə say dinamikası ardıcıl azalmağa davam edərək məhv olmaq təhlükəsinə yaxındır. Fenoritmotipi: uzunmüddətli vegetasiya dövrünə malikdir. Yayı yaşıl formada keçirir və yayda çiçəkləyir. Vegetasiyası aprelin 2-ci dekadasında başlayır. Generativ zoğ mayın 3-cü dekadasında əmələ gəlir. Çiçəkləmə fazası iyunun 2-ci dekadasının sonunda başlayır və iyulun 1-ci fazasında başa çatır. Toxumlar iyulun 2-3-cü dekadasında yetişir. Növ tez çiçəkləyən, tezyetişəndir. Bəzi nümunələrdə çiçəkləmə dövrü illərdən asılı olaraq 13-20 (orta hesabla 15) gündür. Ayrı-ayrı çətirlərdə 11-12 gündür. Bir çiçək 4-6 günə açılır. Cücərmədən toxumun yetişməsinə qədər keçən günlərin sayı illərdən asılı olaraq 107-132 gün çəkir. Toxumlar yetişdikdən sonra yarpaqlar tədricən saralır.

Bir soğanın çətirində 110-175 (orta hesabla 139,5 ədəd) çiçək, 100-139 ədəd (orta hesabla 118,7 ədəd) meyvə olur. Bir çətirdə 86% meyvə əmələ gəlir. Bir generativ zoğun real toxum məhsulu 421,5 ədəddir. Bu növün potensial toxum məhsuldarlığı 832 ədəddir. Çətirin məhsuldarlıq əmsalı 51,6%-dir. Bir meyvədəki toxum sayı 3,7 ədəddir, meyvənin toxum əmələgətirmə faizi 59,6-dır. Növün toxumları 3 küncüldür, uzunsov formadadır, uzunluqları 3,38-3,65, eni 1,58-1,63 mm-dir. Toxumların mütləq kütləsi 1,5-1,8 q-dır. Çoxalması generativ və vegetativ yolla. Toxumların laboratoriya şəraitində cücərmə qabiliyyəti 86%-dir. Vegetativ yolla çoxalma əmsalı 1,6-a bərabərdir. Introduksiyanın müvəffəqiyyət faizi 19 balla qiymətləndirilmişdir.

Kunt soğan (*Allium kunthianum* Vved.) Böyük Qafqazın Azərbaycan hissəsində Quba rayonu ərazisində Subalp və Alp qurşaqlarda dağ çəmənliklərində və qayalıqlarda yayılmışdır. 7-ci kateqoriyaya daxildir. Statusu: aztəhlükə altında olan növdür.

Fenoritmotipi: qisamüddətə vegetasiya edir, hemiefemeroiddir. Aprelin 2-ci dekadasında cücərməyə başlayır, mayın 2-ci dekadasında çiçək zoğları əmələ gəlir. Bitkilərin uzanması 14-16 gün davam edir. Çiçəkləmə fazası may ayının 3-cü dekadasının əvvəlindən başlayır, təqribən 16 gün davam edir, uyunun əvvəlində çiçəkləmə başa çatır. İyunun sonu və iyulun əvvəlində toxumlar yetişir. Bu növün vegetasiya dövrü qısadır. Meyvələr yetişməyə başladıda yarpaqlar qurumağa başlayır, iyulun əvvəlində vegetasiya dövrü başa çatır. Böyümənin başlamasından toxum yetişməyə qədər 69-77 gün keçir. İntroduksiyanın müvəffəqiyyət dərəcəsi 7 balla qiymətləndirilmişdir.

Zaqafqaziya soğanı (*Allium transcaucasicum* A.Grossh.) Naxçıvan MR-in və Lənkəranın orta dağ qurşaqlarında quru otlu və çınqıllıqlarında bitir. 7-ci kateqoriyaya daxildir. Statusu: az təhlükə altında olan növdür. Fenoritmotipi: uzun müddətə vegetasiya edir, yayı yaşıl halda keçirir, orta müddətə çiçəkləyənədir. Aprelin 1-2 dekadasında vegetasiyası başlayır. İyunun 2-ci dekadasında çiçək zoğu əmələ gətirir. 8-16 gün ərzində kütləvi çiçəkləmə baş verir. Çiçəkləmə fazası iyulun 2-3-cü dekadasında başlayır avqustun 3-cü dekadasında başa çatır (bəzən sentyabrın əvvəlində başa çatır). Ayrı-ayrı fərdlərin çiçəkləməsi 30-50 gün davam edir. Ayrı-ayrı çiçək çətirlərində isə çiçəkləmə 22-28 gün davam edir. Çiçəklərin açılması 6-14 gün çəkir. Növ uzun müddət çiçəkləyənədir. Toxumların yetişməsi avqustun sonunda başlayır sentyabrın sonuna qədər davam edir. Vegetasiya dövrünün başlanğıcından çiçəkləmənin başlamasına qədər olan fazalararası müddət hava şəraitindən asılı olaraq 62-104 gün təşkil edir. Yetişməsinə qədər keçən müddət 140-177 gün çəkir.

Mariya soğanı (*Allium Mariea* E.Bordz.) Azərbaycanın Naxçıvan MR ərazisində orta və aşağı dağ qurşağında bitir. 5-ci kateqoriyaya daxildir. Statusu: məhdud areal və sahələrdə yayılmış, mənfi təsirlərə məruz qalan həssas növdür. Fenoritmotipi: qısa vegetasiya dövrünə malik hemiefemeroiddir, erkən yazda çiçəkləyir. Aprelin 1-2-ci dekadasında böyüyür mayın 2-ci dekadasında generativ zoğ əmələ gətirir. İyunun 2-ci dekadasında çiçəkləmə fazası başlayır və iyulun 3-cü dekadasında qurtarır. Toxumları iyulun 2-3-cü dekadasında yetişir. Nümunələrin çiçəkləməsi illərdən asılı olaraq 23-26 gün çəkir. Bəzi çətirlərdə 15-17 gün olur, çiçəklərin açılması isə 5-6 gün çəkir. Bu növ tezyetişənədir. Böyümədən toxum yetişməsinə qədərki orta müddət illərdən asılı olaraq 94-104 gün olur. Toxumun yetişməsi dövründə yarpaqlar tədricən saralmağa başlayır. Artıq avqust ayında bitkilərin yarpaqları tam quruyur və onlar sükunət dövrünə keçirlər.

Mariya soğanın bir çiçək çətirində 168-313 (ortahesabla 230,2 ədəd), çiçək 136-254 meyvə (orta hesabla 196,1 ədəd) əmələ gəlir. Çətirin meyvə bağlaması 85,1%-dir. Bir meyvədəki toxumların sayı 3,41 ədəddir. Bir generativ zoğda olan real toxum məhsuldarlığı 670 ədəddir, potensial toxum məhsuldarlığı 1381,2 ədəddir. Zoğun məhsuldarlıq əmsalı 48,5%-dir. Toxumun mütləq kütləsi 2,4-2,5 q-dır.

Mariya soğanı toxumla və vegetativ yolla çoxalır, vegetativ yolla çoxalma əmsalı çox aşağıdır, cəmi 1,3-dür. Toxumlarının laboratoriya şəraitində cücərməsi qabliyyəti 33%-dir. Stratifikasiya olunduqda cücərmə faizi iki dəfə artır. İntroduksiya potensialı 18 balla qiymətləndirilmişdir.

Üzümlük soğanı (*Allium ampeloprasum* L.) Azərbaycanın Cənub bölgəsində Yardımlı rayonu ərazisində aşağı dağ qurşağında yayılıb. 5-ci kateqoriyaya daxildir. Statusu: sayı azalmaqdadır.

Fenoritmotipi: uzunmüddətli vegetasiya dövrünə malik yayda yaşıl olur. Yayın ortalarında çiçəkləyənədir. Vegetasiyası aprelin 2-ci dekadasında başlayır. İyunun 1-ci dekadasında generativ zoğ inkişafa başlayır. İyulun 2-ci dekadasında çiçəkləmə başlayır. Çətirdəki çiçəklər uzun intervalla açılmağa başlayır, ona görə də çiçəkləmə dövrü 25-30 gün çəkir. Bir çiçəyin açması 5-

8 gün çəkir. Kütləvi çiçəkləmə dövründə yarpaqlar tədricən qurumağa başlayır. Çiçəkləmədən sonra vegetasiya dövrü bitir. Avqustun 2-3-cü dekadasında toxumlar yetişir. 100-toxumun kütləsi 1,25-1,3 q-dır.

Bir çiçək tacında 52 çiçək sayılmışdır ki, onlardan da orta hesabla 48 ədəd toxum alınmışdır. Bir çətirdə 91,6% toxum əmələ gəlir. Çətirdən alınan real toxum məhsulu 200 ədəddir. Bir çətirin məhsuldarlıq əmsalı 69,4%-dir. Bir meyvədəki toxum sayı 4,54 ədəddir. Meyvənin toxum məhsuldarlığı 75,6 %-dir. Toxumla və vegetativ yolla çoxalır. Toxumlarının laboratoriya şəraitində cücərmə qabiliyyəti 66%-dir. Toxumlar stratifikasiya edildikdə cücərmə faizi iki dəfə artır. İntroduksiya potensialı 14 balla qiymətləndirilmişdi.

Azərbaycan florasının 7 növünün introduksiyası zamanı dörd növ çox perspektivli bir növ perspektivli, iki növ isə az perspektivli kimi qiymətləndirilmişdir. Bu növlərin toxumla və vegetativ yolla çoxaldılma göstəriciləri çox aşağı olmuşdur.

## NƏTİCƏLƏR

Azərbaycan florasında olan 7 soğan növünün introduksiya sınaqları göstərdi ki, onlardan 5-ni qida, vitamin mənbəyi və dekorativ bitki kimi Abşeron şəraitində, kulturada becərmək olar. Bu növlərin kulturada becərilməsinə onların mühafizənin bir üsulu kimi də baxmaq olar.

## ƏDƏBİYYAT

- Həsənov S.R.** (2017) Azərbaycanda yayılmış *Allium* L. cinsi növlərində idioadaptasiya // Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Əsərləri Məcmuəsi, XXVIII cild, Bakı: Müəllim, s.70-73
- Həsənov S.R.** (2018) Yabani soğan (*Allium* L.) növlərinin geniş yayıldığı ərazilərdəki ehtiyatı // Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Əsərləri Məcmuəsi, XXX cild, Bakı: Müəllim, s.119-222
- Абрамова Л. М., Каримова О.А., Шигапов З.Х.** (2004) Охрана биоразнообразия ex situ в Башкортостане: состояние проблемы, стратегия и перспективы // Вестник АН РБ. т.9, №3, с. 60-68
- Гасанов С.Р., Аккерров З.И., Мамедова С.А.** (2017) Интродукционный потенциал видов рода *Allium* L. флоры Азербайджана // Труды Института генетических ресурсов НАНА. т.VI, №1-2, с. 74-82
- Томилова Л.И.** (1982) Эндемики Урала в ботаническом саду в Свердловске // Бюллетень Главного ботанического сада АН СССР. Вып. 126, с.25-31
- Тухватуллина Л.А.** (2015) Декоративные луки Уфимского ботанического сада Уфа: Гилем, Башк. Энцикл., 128 с.
- Тухватуллина Л.А., Абрамова Л. М.**(2012) Интродукция дикорастущих луков в Ботаническому саду г.Уфы. Уфа: Гилем, 268 с.
- Тухватуллина Л.А.** (2009) Коллекция рода *Allium*L. в Ботаническом саду г.Уфы // Биоразнообразие растений на Южном Урале и при интродукции // Труды Ботанического сада-института УНЦ РАН: к 75-летию образования. Уфа, с.152-169
- Тухватуллина Л.А., Маслова Н.В., Абрамова Л. М.**(2007) Опыт выращивания *Allium nutans* (*Alliaceae*) в Ботаническом саду института Республики Башкортостан// Растительные ресурсы, №2, с. 30-38
- Hasanov S.R., Shikhlinski H.M.** (2017) Features of the biology of flowering and fruiting individual wild species of the genus *Allium* L. at introduction // World journal of pharmacy and pharmaceutical sciences. Volume 6, Issue 5, p.32-39 [www.wjpps.com](http://www.wjpps.com)
- Hasanov S.R., Shikhlinski H.M., Namazova Ch.T., Huseynzade G.A.** (2017) Introduction of wild onion *A. fuscoviolaceum* Fom and *A. Marie* E. Bordz to naturalization // World journal of pharmacy and pharmaceutical sciences. Volume 6, Issue 6, p.373-377 [www.wjpps.com](http://www.wjpps.com)

**НАХОДЯЩИЕСЯ НА ГРАНИ ВЫМИРАНИЯ ДИКОРАСТУЩИЕ ВИДЫ  
ЛУКА (*Allium* L.) АЗЕРБАЙДЖАНСКОЙ ФЛОРЫ В УСЛОВИЯХ ИНТРОДУКЦИИ**

**С.Р.Гасанов, А.А.Искандарова**

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Во флоре Азербайджана встречается 50 дикорастущих видов лука, из них 7 видов (*A.stamineum* Boiss., *A.moschatum* L., *A.callidiction* С.А.М., *A.kunthianum* Vved., *A.transcausicum* A.Grossh., *A.Mariea* E.Bordz., *A.ampeloprasum* L.) находятся на грани вымирания. В статье рассматриваются биологические особенности, и проводится оценка успешности внедрения в культуру данных видов лука. Оценку успешности интродукции дикорастущих видов лука проводили по методике Главного ботанического сада РАН. Для этой цели использована 3-балльная шкала. Оценка проводилась по 7 показателям: интенсивность плодоношения, всхожесть семян, способность к семенному размножению в культуре путем самосева, способность к вегетативному размножению, состояние растений в культуре и их габитус, устойчивость растений к болезням и вредителям, состояние растений после перезимовки. Успешность интродукции (перспективность культивирования) вида определяли по сумме баллов, полученных по каждому показателю. К неперспективным в культуре относили виды, получившие сумму баллов меньше 10, к малоперспективным – 10 - 13, к очень перспективным больше 18 - 21 баллов. По результатам оценки успешности интродукции из семи видов четыре вида оценены как очень перспективные, один вид – перспективный и два вида малоперспективны для культивирования на Апшероне. Эти виды имеют низкие показатели семенного и вегетативного размножения. Интродукционное испытание семи видов лука азербайджанской флоры показало, что пять из них могут быть рекомендованы для выращивания на Апшероне в качестве пищевых, витаминоносных и декоративных растений. Введение в культуру дикорастущих видов лука может рассматриваться как один из способов сохранения этих видов.

**Ключевые слова:** интродукция, культура, вид, *Allium*, перспектива

**ENDANGERED WILD SPECIES OF ONION OF AZERBAIJAN FLORA  
IN CONDITIONS OF INTRODUCTION**

**S.R.Hasanov, A.A.Iskandarova**

*Institute of Genetic Resources of ANAS*

In the flora of Azerbaijan, 50 species of onion are found, including endangered 7 species (*Allium stamineum* Boiss., *Allium moschatum* L., *Allium callidiction* CAM, *Allium kunthianum* Vved., *Allium transcausicum* A. Grossh., *Allium Mariea* E. Bordz., *Allium ampeloprasum* L.). The article describes the biology of this species in a culture. Evaluation of the success of the introduction of wild onions was carried out according to the methodology of the Main Botanical Garden of the Russian Academy of Sciences. In this case, a 3-point scale was used for the following seven indicators: regularity and intensity of fruiting, seed germination, ability to seed propagate in the culture by self-sowing, the ability to vegetative propagation, the state of plants in the culture and their habit, the resistance of plants to diseases and pests, state of plants after overwintering. The success of the introduction (and the prospects of cultivation) of the species was determined by the sum of the points obtained for each indicator. Unpromising (NP) in the culture included species that received a score of less than 10, unpromising (MP) - 10 - 13, promising (P) - 14-17, and very promising (OP) - 18 - 21 points. According to the results of evaluating the success of introducing seven species, four species were evaluated as very promising, one species was promising, and two species were unpromising for cultivation in Absheron. These species have low rates of seed and vegetative propagation, as well as a low score for the state of plants after overwintering; they quickly drop out of the culture. An introduction tests, of seven species of onions of the Azerbaijan flora showed that five of them can be recommended for cultivation as food, vitamin-bearing and ornamental plants. Introduction to the culture of wild species of onion can be considered as one of the ways to preserve this species.

**Keywords:** introduction, culture, species, *Allium*, perspective

UOT 91633.11:631.527

## AZƏRBAYCANDA YAYILMIŞ YERLİ VƏ İNTRODUKSIYA OLUNMUŞ ƏNCİR (*Ficus carica* L.) NÜMUNƏLƏRİ MÜXTƏLİFLİYİNİN POMOLOJİ ƏLAMƏTLƏR ƏSASINDA TƏDQIQI

Q.S.QURBANOVA

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr., 155  
[gamargurbanova91@gmail.com](mailto:gamargurbanova91@gmail.com)

Əncir subtropik bitkilər içərisində zəngin qidalılıq, kalorilik, müalicəvi keyfiyyətlərinə görə yüksək qiymətləndirilir və istifadə olunur. Azərbaycanda əncirin yayılması, biomorfoloji, pomoloji əlamətləri araşdırılsa da, bu istiqamətdə müasir elmi əsərlər azlıq təşkil edir. Buna görə cari tədqiqat Azərbaycanda yayılmış yerli və introduksiya olunmuş əncir nümunələrinin pomoloji əlamətlər əsasında statistik təhlilinə əsaslanmışdır. Tədqiqat zamanı AMEA-nın Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun 3 müxtəlif bazasından toplanmış əncir sort və formalarından istifadə olunmuşdur. Abşeron və Ağdaş Təcrübə Bazaları, Saray Dayaq Məntəqəsində yerləşən ümumilikdə 90 əncir sort və forması üzərində pomoloji analizlər aparılmış, məhsuldarlıq göstəriciləri qeyd olunmuşdur. Pomoloji analiz zamanı meyvənin eni və hündürlüyü, saplağın uzunluğu, 5 meyvənin kütləsi və meyvənin şirəlilik dərəcəsi təyin olunmuşdur. Bu əlamətlərə əsaslanaraq PAST və SPSS proqram paketləri ilə nəticələrin statistik təhlili aparılmışdır. Nümunələr arasında yaxınlığı öyrənmək məqsədilə PAST statistik proqram paketinin Vard ilişiklik metodu əsasında klaster analizi aparılmış və dendroqram tərtib olunmuşdur. Nümunələr üç əsas klasterdə qruplaşmışlar. I klasterə daxil olan nümunələr meyvənin kütləsi əlamətinə görə yüksək, II klasterə daxil olan nümunələr aşağı, III klasterə daxil olan nümunələr isə orta göstərici nümayiş etdirmişlər. SPSS statistik proqram paketi ilə əlamətlər arasında asılılıq müəyyənəndirilmiş, korrelyasiya analizi nəticəsində 1% etibarlı korrelyasiyalar aşkarlanmış, həmçinin ən yüksək pirson korrelyasiya əmsalı ( $r=0,686$ ) meyvənin hündürlüyü və meyvənin eni əlamətləri arasında qeydə alınmışdır. Bundan sonra daha yüksək korrelyasiya meyvənin eni və meyvənin kütləsi əlamətləri arasında qeydə alınmış ( $r=0,651$ ) və onlar da orta etibarlılığa malik olmuşlar. SPSS statistik proqram paketi ilə aparılmış əsas komponent analizi (PCA) ilə isə öyrənilən əlamətlər üzrə 2 əsas komponent (PC) alınmış və ümumi variyasiya 70,0% olmuşdur. Ümumi variyasiyanın 49,8%-i PC1-in payına düşmüşdür. Öyrənilən əlamətlər arasında meyvənin hündürlüyünün daha çox variyasiya (0,886%) nümayiş etdirdiyi məlum olmuşdur.

*Açar sözlər: əncir, pomoloji əlamətlər, klaster analizi, korrelyasiya, əsas komponent analizi*

### GİRİŞ

*Ficus* fəsiləsi (*Moracea*) dünyanın tropik və subtropik regionlarında 800-dən çox forma, epifit və kol müxtəlifliyinə malik olmaqla, Örtülütəoxumluların ən böyük siniflərindən biridir (Həsənov, Həsənova, 2007). Bu sinif *Mulberry* fəsiləsinin 40 sinfindən biridir. Asiya-Avstraliya regionu 500 *Ficus* növündən ibarət olmaqla, ən zəngin növ müxtəlifliyi olan ərazi sayılır (Həsənov, 2007). Azərbaycanda da əncir çox qədimdən becərilir. Əncirin becərilməsi ilə, əsasən, Abşeron zonasında məşğul olunur (Həsənov, Əliyev, 2007). Lakin respublikamızın ərazisində bu bitkiyə Xəzər sahili boyunca olan ərazilərdə (Гасанов, 2000), Şirvan zonasında, Qərb bölgəsində, Cənub zonasında geniş təsadüf olunur. Bununla yanaşı, Azərbaycanda əncirin yabani formalarına Ordubad rayonunun Kotam kəndində, Lerik rayonu ərazisində rast gəlinmişdir (Həsənov, Həsənova, 2007).

Əncir yüksək qidalı meyvə olmaqla bərabər, müalicə və pəhriz xüsusiyyətlərinə, həm də yüksək kaloriliyə malikdir. Təzə əncirdə 25-dən artıq, qurusunda isə 75%-dək asan həzm olunan şəkər, bundan başqa çoxlu miqdarda zülal, vitamin (əsasən A və B vitaminləri) və mis vardır (Aslanov, 1962). Əncir bitkisi subtropik meyvə ağacı olmaqla, hündürlüyü 1-15 m-ə çatır. Gövdəsi hamar və boz rəngdədir, üzərində dayaz çatlar və ağ ləkələr olur. Çətiri enli, dağınıq, qollu-budaqlı, şarvari formadadır. Yarpaqları kələ-kötür, az və ya çox yarılmış, budaq üzərində növbəli düzülüşlüdür, kənarı tam, bəzən az dişlidir, üst tərəfdən tünd-yaşıl, alt tərəfdən açıq-yaşıldır. Əncir ikievlı bitkidir (Məmmədov, 2010). Lakin Azərbaycanda becərilən əncir sort və formaları bievli olmaqla, bir meyvədə həm diş, həm erkək çiçəklərə rast gəlmək olur. Əncir bitkisinde erkək çiçəklər kaprifiqi, diş çiçəklər isə fiqilər adlanır (Həsənov, 2007) və bu çiçəklər meyvənin içərisində yerləşir.

Bütün dünya miqyasında əncirin sortları çoxdur. Lakin Azərbaycanda 300-ə kimi yerli, gətirilmə sortlar və formalar vardır. Bunlara Abşeron sarı ənciri, Armud ənciri, Sarı Gəncə, Buzovburnu, Malax ənciri, Kadota, Soçinski-4, Muasson, Fioletoviy, Bionşet, Finikoviy, Çapla, Roland, Fiq blanş, Fraqa belaya, Kalimirna, Fraqa çernaya, Sarı lob, Azəri, Xəzəri, Şəlalə, Bol əncir və s. kimi sortları misal çəkmək olar (Həsənov, 2007; Арендт, 1972).

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat materialı kimi, Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron və Ağdaş Təcrübə Bazaları, həmçinin Saray Dayaq Məntəqəsində becərilən 90 əncir nümunəsindən istifadə olunmuşdur (Cədvəl 1). Nümunələr arasında həm yerli, həm də introduksiya olunmuş sortlar vardır.

Cədvəl 1. Tədqiqatda istifadə olunmuş əncir nümunələri

№	Sort və formaların adı	Kod	№	Sort və formaların adı	Kod
1	Bol əncir	B1	46	Finikoviy	F2
2	Radiomutant	R1	47	Sultan 3/30	S6
3	Şəlalə	SH1	48	Vüqarlı	V1
4	Nikitskiy aromatsız	NA1	49	Qara əncir-1	QE1
5	Kadota	K1	50	Forma №21	N21
6	Lənkəran fraqası	L1	51	Krımkiy	K3
7	Lənkəran-1	L2	52	Ağ əncir	AE
8	Çapla	CH1	53	Turetskiy	T1
9	Kadotadan seçilmiş forma №5	N5	54	Sarı Gəncə	S7
10	Sarı Abşeron	S1	55	Forma №7	N7
11	Sarı tozlayıcı	S2	56	Sarı lobdan seç.forma	S8
12	Finik	F1	57	Hibrid forma	H1
13	Sarı lob	S3	58	Qara əncir	QE2
14	Dalmat	D1	59	Yerli göy əncir	GE
15	Fioletoviy	F2	60	Nikitskiy 486	N486
16	Armudu əncir	A1	61	Aqalina	A4
17	Buzovburnu	B2	62	Mapoxed	M3
18	Açıq rəngli forma №53	N53	63	Konservniy	K4
19	İri Abşeron	IA1	64	Yaltinskiy	Y1
20	Kalimirno	K2	65	Priyatniy	P1
21	Soçinskiy	S4	66	Rana ot Sadapolma	R2
22	Lardaro	L3	67	Suxofruktoviy-472	S9
23	Muasson	M1	68	Alisson	A5
24	Məktəbi	M2	69	Belaya fraqa	B5
25	Hibrid №26	N26	70	Limonfiq	L5
26	Bronz qruşevidniy	B3	71	Soçinskiy-1	S10
27	Smena	S5	72	Roşnik	R3
28	Adriatik	A2	73	Belaplodniy pozdniy	B6

№	Sort və formaların adı	Kod	№	Sort və formaların adı	Kod
29	Forma №4 Rənaz	N4	74	Fretskiy	F3
30	Forma №21	FN21	75	Bolşoy Marselskiy	BM
31	Novxanı ənciri	NE	76	Gəncə-3	G3
32	Qala-1	Q1	77	Osbørnskiy	O2
33	Qala-2	Q2	78	Dosertniy	D2
34	Qala-3	Q3	79	Verdino	V2
35	Lənkəran-2	L4	80	Denanskiy jeoltiy	D3
36	Göy əncir	G1	81	Nikitskiy 4067	N4067
37	Astara Şəkər	A3	82	Roland	R4
38	Göyçay Vahid	G2	83	Priyatniy krupniy	P2
39	Çakvin ənciri	CH2	84	Alisson krupniy	AK
40	Yerli forma №12	N12	85	Sabrutsiya krupnoplodniy	SK
41	Seçmə forma №19	N19	86	Çernomorskiy	CH3
42	Seçmə forma №9	N9	87	İz Axtapola	IA
43	Blek Smerna	BS1	88	Neqro Largo	NL
44	Biləsuvar Nəriman	B4	89	Miçurin-2	M4
45	Oktyabrskiy	O1	90	Gəncə-1	G4

Tədqiqat ilində nümunələr üzərində fenoloji, biomorfoloji və pomoloji analizlər aparılmış, onların morfoloji xüsusiyyətləri, məhsuldarlıq göstəriciləri öyrənilmişdir.

- Fenoloji müşahidə: birillik zoğların rəngi, yarpaq ölçüləri, boy tumurcuğunun xarici görünüşü və rəngi.
- Morfoloji parametrlər: bitkinin boyu (h/d), birillik zoğların uzunluğu, diametri, buğumalarının sayı, yarpaq ayasının xarici görünüşü.
- Məhsuldarlıq göstəriciləri: meyvənin yetişmə müddəti, meyvənin ölçüsü, kütləsi, məhsuldarlıq.
- Pomoloji göstəricilər: meyvə saplağının uzunluğu, meyvənin rəngi və forması, lətinin rəngi, meyvənin partlaması, budaqda quruması, dequstasiya balı.

Bütün bu əlamətlər Ümumrusiya Bitkiçilik İnstitutunun (VİR) və Krım Dövlət Nikitski Nəbatət bağının əməkdaşlarının hazırladığı proqram və metodika əsasında öyrənilmiş və beynəlxalq deskriptorlara əsasən nəticələr qeyd olunmuşdur (Хохлов, Панюшкина, Мельников, 2018). Həmçinin nümunələri məhsuldarlıq göstəricilərinə görə qruplaşdırmaq məqsədilə SPSS statistik proqram paketinin qruplararası ilişikli metodunu əsasında klaster analizi aparılmış və dendroqram tərtib edilmiş, bundan əlavə əlamətlər arasında asılılığı öyrənmək üçün SPSS statistik proqram paketi ilə korrelyasiya analizi aparılmış və onların əhəmiyyətlik dərəcəsi öyrənilmişdir. Bundan başqa, SPSS proqram paketi ilə əsas komponent analizi (principal component analyses) aparılmış və öyrənilən əlamətlər üzrə hansı əlamətin daha çox variasiya nümayiş etdirməsi müəyyən olunmuşdur.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Əncir bir çox praktiki istifadə sahələrinə görə mühüm mədəni əhəmiyyət kəsb edən bitkilərdən biridir. Bu bitki, həmçinin öz bioloji fəaliyyəti ilə bütün dünya tədqiqatçılarının diqqətini cəlb edir (Badii, Olfa, Mars, 2012). Meyvələr adətən təzə halda, bəzən isə qurudulmuş



formada istifadə olunur. Demək olar ki, bütün quru meyvələr orqanizmi zəruri qidalı maddələr və sağlamlığı qoruyan bioaktiv inqrediyentlərlə təmin edir ki, bunlar da xroniki xəstəliklərin qarşısını almaqla onlara yoluxma riskini azaldır. Təbii məhsulların insan və canlılar üçün müalicəvi dərmanların hazırlanması potensialı vardır (Гасанов, 2000). Bu səbəbdən əncir bitkisinin öyrənilməsi, tədqiq olunması və seleksiya istiqamətində çoxaldılması böyük əhəmiyyət kəsb edir. Bu məqsədlə, AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron və Ağdaş Təcrübə Bazaları, həmçinin Saray Dayaq Məntəqəsində yerləşən 90 əncir sort və forması üzərində ümumilikdə 5 əlamətə görə (saplağın uzunluğu, meyvənin hündürlüyü, meyvənin eni, 5 meyvənin kütləsi, meyvənin şirəliliyi) pomoloji analizlər aparılmış və nəticələr statistik analiz olunmuşdur.

Pomoloji analizlərdən meyvənin hündürlüyü və eni əlamətinə görə ən yüksək göstərici Dalmat formasında (6,8 x 5,4 sm), ən aşağı göstərici isə Belaplodniy pozdny formasında (2,5 x 3,4) qeydə alınmışdır. Ümumilikdə Radiomutant, Çapla, Finikoviy kimi sort və formalar da yüksək göstəriciləri ilə fərqlənmiş, Verdino, Roland sort və formaları isə aşağı göstəricilərlə seçilmişlər. Pomoloji göstəricilərdən 5 meyvənin kütləsinin öyrənilməsi məhsuldarlığın müəyyən edilməsində mühüm rol oynayır. Daha iri meyvəli sortların bazar tələbatı da yüksək olunur. Tədqiq olunan nümunələr içərisində bu əlamətə görə ən yüksək göstərici Konservniy (415 qr), Dalmat (386,0 qr), Soçinskiy (365,4 qr), Oktyabrskiy (360 qr), Krımskiy (360 qr) sortunda qeydə alınmışdır (şəkil 1). Ən aşağı göstərici isə müvafiq olaraq, 94 qr, 116 qr, 136 qr, 138 qr olmaqla, Nikitskiy 4067, Belaplodniy pozdny, Adriatik, Gəncə-1 formalarında müəyyən olunmuşdur (şəkil 2).



Şəkil 1. İri meyvəli Soçinskiy sortu.

Şəkil 2. Kiçik meyvəli Məktəbi sortu.

Meyvənin keyfiyyətinin digər əlamətlərindən biri də onun şirəliliyidir. Daha şirin meyvələrə malik sortlar yüksək qiymətləndirilir və daha çox tələb olunur. Nümunələr içərisində müvafiq olaraq, Şəlalə - 26,1%, Fioletoviy - 23,3%, Forma №21-23,5 %, daha çox şirəli formalar kimi qeydə alınmışdır. Nisbətən aşağı göstəricilərə malik sortlar isə Miçurin-2(13%), Soçinskiy-1(14%), Sarı Abşeron (14,2%), Kalimirno (14,8%) olmuşdur.

Meyvə dərilərkən onun zədələnməməsi üçün saplağın uzunluğu əlamətinin də böyük rolu vardır. Nümunələr içərisində meyvə saplağı daha uzun olanlar Gəncə-3 (1,9 sm), Qala-2 (1,7 sm), Alisson (1,3) kimi sortlar olmuşdur.

Tədqiq olunan 90 əncir sort və formasında yaxınlığı müəyyən etmək üçün PAST statistik proqram paketinin Vard ilişiklik metodu əsasında klaster analizi aparılmış və dendroqram tərtib olunmuşdur (şəkil 3).

Nümunələr əsasən 3 klasterdə qruplaşmışlar. Üçüncü klaster özündə bütün nümunələrin 46%-ni təşkil etməklə ən böyük klaster hesab olunmuşdur. Burada 90 nümunədən ümumilikdə 42 nümunə cəmləşmişdir. Ümumiyyətlə, klasterlərə daxil olan nümunələrdə əsasən meyvənin hündürlüyü, meyvənin eni, 5 meyvənin kütləsi əlamətlərinə görə oxşarlıq qeydə alınmışdır.



III klasterə daxil olan nümunələr isə MK əlamətinə görə orta göstəricili nümunələr hesab olunurlar. Belə ki, bunlarda bu əlamət 205-280 qr aralığında dəyişmişdir. Bura Finik, Fioletoviy, Denanskiy joltiy, Roland, Sarı Gəncə və s. kimi 42 nümunə daxil olmuşdur.

Tədqiq olunan nümunələrdə pomoloji əlamətlər arasında olan asılılığı müəyyən etmək üçün SPSS statistik proqramı ilə korrelyasiya analizi aparılmış və bir çox əhəmiyyətli nəticələr alınmışdır (cədvəl 2). Cəmi 5 əlamət götürülmüşdür: saplağın uzunluğu (SU), meyvənin hündürlüyü (MH), meyvənin eni (ME), 5 meyvənin kütləsi (MK), meyvənin şirəliliyi (MS). Tədqiq olunan əncir nümunələrinin 5 əlamət üzrə analizi zamanı bir çox 1% etibarlı korrelyasiyalar aşkar olunmuşdur. Belə ki, MH və ME, MH və MK, MH və MS, ME və MK, həmçinin ME və MS arasında 1% etibarlı müsbət korrelyasiya aşkar olunmuşdur. MH və ME ən yüksək korrelyasiyaya malik olmuş və burada pirson korrelyasiya əmsalı  $r=0,686$  olmuşdur.

Bundan sonra daha yüksək korrelyasiya ME və MK əlamətləri arasında qeydə alınmış ( $r=0,651$ ) və onlar da orta etibarlılığa malik olmuşlar. Belə ki, oxşar nəticəyə K.Abbasi və İ.Arjinin əncir bitkisi ilə apardığı tədqiqat işi zamanı meyvənin uzunluğu və meyvənin forması əlaməti arasında 1% müsbət etibarlı korrelyasiya aşkarlanmış və pirson korrelyasiya əmsalı  $r=0,573$  olmuşdur (Ali-Shtayeh, Jamous et al., 2014). ME və SU əlamətləri arasında heç bir korrelyasiya aşkar olunmamışdır. Təkcə saplağın uzunluğu əlaməti heç bir əlamətlə etibarlı müsbət korrelyasiya nümayiş etdirməmişdir ki, bu da məntiqli və izah olunandır.

**Cədvəl 2.** Əncir (*Ficus carica* L.) nümunələrinin pomoloji göstəriciləri arasında korrelyasiya

	SU	MH	ME	MK	MS
SU	1	0,188	0,000	0,155	0,109
MH	-	1	<b>0,686</b> **	0,610**	0,381**
ME	-	-	1	0,651**	0,298**
MK	-	-	-	1	0,152
MS	-	-	-	-	1

\*\* =  $P < 0.01$

Nümunələr arasında müxtəlif əlamətlərin əhəmiyyətliliyini öyrənmək məqsədilə əsas komponent analizi (principal component analyse) aparılmış və əhəmiyyətli nəticələr alınmışdır. Belə ki, öyrənilən əlamətlər üzrə 2 əsas komponent (PC) alınmış və ümumi variasiya 70,0% olmuşdur (cədvəl 3). Ümumi variasiyanın 49,8%-i PC1-in payına düşmüşdür. Badii G., Olfa S. və başqalarının 17 əncir bitkisi ilə apardığı tədqiqat işində əsas komponent analizi zamanı morfoloji və pomoloji əlamətlər üzrə ümumi 51,9 % variasiya aşkarlanmış və əsas dəyişkənlik zoğun uzunluğu əlamətinin payına düşmüşdür (Хохлов, Панюшкина, Мельников, 2018).

Əsas komponent 1-də ən çox variasiya meyvənin hündürlüyü (0,886) əlamətinin payına düşmüşdür. Bundan sonra yüksək variasiya müvafiq olaraq, 0,862, 0,813, 0,498 və 0,232 olmaqla meyvənin eni, 5 meyvənin kütləsi, meyvənin şirəliliyi və saplağın uzunluğu əlamətində qeydə alınmışdır. Bununla demək olar ki, ümumilikdə variasiyanın çox hissəsi meyvənin hündürlüyü əlamətinin payına düşür.

**Cədvəl 3.** Pomoloji əlamətlərə görə variasiyanın qiymətləndirilməsi

Əlamətlər	Əsas komponentlər (Principal components)	
	PC 1	PC 2
Saplağın uzunluğu	0,232	<b>0,930</b>
Meyvənin hündürlüyü	<b>0,886</b>	0,005
Meyvənin eni	0,862	-0,280
5 meyvənin kütləsi	0,813	-0,114
Meyvənin şirəliliyi	0,498	0,229
Variasiya %	49,832	20.176
Ümumi variasiya %	49,832	70.007

Əsas komponent 2-də isə variasiya 20,1% təşkil etmişdir. Burada ən çox dəyişən əlamət saplağın uzunluğu (0,930) olmuşdur. Bəzi əlamətlər (meyvənin eni, 5 meyvənin kütləsi) isə ümumiyyətlə variasiya nümayiş etdirməmişdir. Belə ki, onlarda bu göstərici müvafiq olaraq -0,280 və -0,114 olmuşdur. Beləliklə, ümumi nəticəyə görə daha çox variasiya PC1-də qeydə alınan meyvənin hündürlüyü, meyvənin eni, 5 meyvənin kütləsi əlamətləridir. Bunlar ümumi variasiyanın böyük hissəsini təşkil edirlər.

Beləliklə, cari tədqiqat işində əncir bitkisinde pomoloji əlamətlər öyrənilmiş və statistik analiz olunmuşdur. Əlamətlər arasında bir çox əhəmiyyətli korrelyasiyalar aşkar olunmuş və bunlar orta etibarlılıq göstərmişlər. Bununla gələcəkdə hansısa əlamətə təsir etməklə digərinin də ondan asılı olaraq dəyişməsinə müşahidə etmək olar. Həmçinin klaster analizi ilə nümunələr oxşar əlamətlərə görə qruplaşdırılmış, meyvənin kütləsi əlamətinin dendrogramın topologiyasına təsir edən əsas amil olması müəyyən edilmişdir. Əsas komponent analizi ilə isə daha yüksək variasiya meyvənin forması və meyvənin kütləsi əlamətində aşkar olunmuş və gələcəkdə daha çox bu əlamətlərə diqqət yetirilməsi nəzərdə tutulmuşdur.

## ƏDƏBİYYAT

**Aslanov S.R.** (1962) Əncir. Bakı. Azərbaycan SSR EA nəşriyyatı, 64s.

**Həsənov N.Ə., Həsənova A.H.** (2007) Azərbaycan əncirin vətənlərindən biridir// Azərbaycan aqrar elmi, 1-3: s.83-85

**Həsənov N.Ə.** (2007) Azərbaycanda əncir bitkisinin yayılma arealı// Akademik H.Əliyevin 100 illik yubileyinə həsr olunmuş "Ekologiya, Təbiət və Cəmiyyət problemləri" beynəlxalq elmi konfransın materialları, s.228-230.

**Həsənov Z.M., Əliyev C.M.** (2007) Meyvəçilik, Bakı, 432 s.

**Məmmədov T.S.** (2010) Abşeronun ağac və kolları. Bakı: "Elm və təhsil", s. 468.

**Арендт Н.К.** (1972) Сорта инжира // Труды Никит. ботан. сада, Т. 56, 233 с.

**Гасанов Н.А.** (2000) Биологические и хозяйственно-ценные свойства растения инжира, распространенные вдоль Каспийского побережья Куба-Хачмазского района. Тбилиси-Баку, стр.9-13.

**Хохлов С. Ю, Панюшкина Е. С, Мельников В. А.** (2018) Оценка показателей качества плодов зизифуса // Труды Никит. ботан. сада, Т.128, стр.133-136

**Gaaliche Badii, Saddoud Oifa, Messaoud Mars** (2012) Morphological and Pomological Diversity of Fig (*Ficus carica* L.) Cultivars in Northwest of Tunisia //ISRN Agronomy, 9 p.

**Abbasi K., Arjil.** (2014) Pomological diversity of fig (*Ficus carica* L.) accessions of Kermanshah, Iran// Journal of Biodiversity and Environmental Sciences, Vol.5, № 3, p.202-209

**Ali-Shtayeh M.S., Jamous R.M., Abu Zaitoun S.Y., Mallah, Ayat O.B., Mubaslat Kh.** (2014) Genetic Diversity of the Palestinian Fig (*Ficus carica* L.) Collection by Pomological Traits and RAPD Markers// American Journal of Plant Sciences, Vol.5, p.1139-1155

## ИЗУЧЕНИЕ РАЗНООБРАЗИЯ РАСПРОСТРАНЁННЫХ В АЗЕРБАЙДЖАНЕ МЕСТНЫХ ИНТРОДУЦИРОВАННЫХ ОБРАЗЦОВ ИНЖИРА (*Ficus carica* L.) НА ОСНОВЕ ПОМОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ

Г.С.Гурбанова

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Среди субтропических растений высоко ценятся плоды инжира, богатая питательная ценность, калорийность и целебные свойства которых широко используются. В научной литературе сведения о распространении, биоморфологических и помолологических особенностях инжира весьма ограничены. В ходе данного исследования был проведен анализ помолологических особенностей местных и интродуцированных образцов инжира в условиях Азербайджана. Материалом исследования послужили сорта и формы инжира, собранные с трех разных баз

Института генетических ресурсов НАН Азербайджана. Были проведены помологические анализы и отмечены показатели продуктивности 90 сортов и форм инжира, произрастающих на участках экспериментальных баз в Апшероне, Агдаше и Сарае. В ходе помологического анализа были определены: длина и ширина плода, длина стебля, вес 5 плодов и степень сочности плода. На основании этих измерений был проведен статистический анализ результатов с использованием программных пакетов PAST и SPSS. Для изучения сходства между выборками был проведен кластерный анализ на основе метода Ward's из пакета статистического программного обеспечения PAST, и была построена дендрограмма. Изучаемые образцы инжира были сгруппированы в три основные группы в зависимости от массы плода. Образцы, включенные в кластеры I, II и III показали высокие, низкие и средние значения массы плодов соответственно. Корреляционный анализ, проведенный при помощи статистического программного обеспечения SPSS выявил достоверную корреляцию с 1% уровнем значимости, а самый высокий коэффициент корреляции Пирсона ( $r = 0,686$ ) был зафиксирован между признаками высоты и ширины плода. Кроме того, с умеренной достоверностью была определена более высокая корреляция между шириной и массой плода ( $r = 0,651$ ). Был проведен метод главных компонент, с помощью статистического программного пакета SPSS, и получены два основных компонента (PC), при этом общая вариабельность составила 70,0%. На долю PC1 пришлось 49,8% от общей вариабельности. Также было обнаружено, что среди всех изученных признаков высота плодов демонстрировала наибольшую вариабельность (0,886%).

**Ключевые слова:** инжир, помологические признаки, кластерный анализ, корреляция, метод главных компонент

## STUDY OF DIVERSITY OF LOCAL AND INTRODUCED FIG (*Ficus carica* L.) SAMPLES SPREAD IN AZERBAIJAN ON THE BASIS OF POMOLOGICAL PARAMETERS

G.S.Gurbanova

*Genetic Resources Institute of ANAS*

Among subtropical plants, fig fruits are highly valued for their nutritional value, the calorific value and healing properties of which are widely used. In the scientific literature, information about the distribution, biomorphological and pomological features of figs is very scarce. This study was carried out by analyzing the pomological features of local and introduced samples of figs in Azerbaijan. The research materials were varieties and forms of figs collected from three different bases of the Genetic Resources Institute of National Academy of Sciences of Azerbaijan. Pomological analyzes were carried out and performance indices of 90 varieties and forms of figs growing in the areas of experimental bases in Absheron, Agdash and Saray were noted. During the pomological analysis, the following features were assessed: fetal length, fetal width, stem length, the weight of 5 fruits and the degree of the juiciness of the fetus. Based on these measurements, a statistical analysis of the results was carried out using the PAST and SPSS software packages. To study the similarity between the samples, a cluster analysis was carried out based on the Ward's correlation method from the PAST statistical software package, and a dendrogram was compiled. The studied fig samples were grouped into three main groups depending on the weight of the fetus. Samples included in clusters I, II, and III showed high, low, and average fruit masses, respectively. Correlation analysis performed using the statistical software SPSS revealed a reliable correlation of 1%, and the highest Pearson correlation coefficient ( $r = 0.686$ ) was recorded between the signs of the height and width of the fetus. In addition, a higher correlation between the width and weight of the fetus ( $r = 0.651$ ) was determined with moderate certainty. When identifying the main components among the studied traits (PCA), also performed using the statistical software package SPSS, 2 main components (PC) were obtained, with a total variability of 70.0%. PC1 accounted for 49.8% of the total variability. It was also found that among all studied traits, the sign of fruit growth showed the greatest variability (0.886%).

**Keywords:** fig, pomological signs, cluster analyses, correlation, principle component analyses

УДК 634.6

## СОРТА ГРАНАТА НАРОДНОЙ СЕЛЕКЦИИ В УЗБЕКИСТАНЕ

\* К.И.БАЙМЕТОВ<sup>1</sup>, д-р с.-х. наук, проф., Ф.Х.АБДУЛЛАЕВ<sup>1</sup>, канд. с.-х. наук,  
У.Х.ТУРАКУЛОВ<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Узбекский НИИ растениеводства, Узбекистан, UZ111202, Ташкентская область,  
Кибрайский район, пос. Ботаника  
f\_abdullaev@yahoo.com

<sup>2</sup>Сурхандарьинская опытная станция НИИ растениеводства, Узбекистан,  
Сурхандарьинская область, Кумкурганский район

В статье излагаются результаты экспедиционных обследований в южном регионе Узбекистана, который отличается большим сортовым разнообразием культуры граната обыкновенного (*Punica granatum* L.). Особенности почвенно-климатических условий – резкая континентальность, дефицит водных ресурсов, продолжительный вегетационный период, высокая сумма эффективных температур, способствовали формированию сортов граната, наиболее приспособленных к засушливому климату, засухоустойчивых и устойчивых к стрессовым факторам внешней среды.

Местные сорта граната имеют важное значение в селекции, как исходный материал для выведения новых сортов. Но, в последние годы под влиянием различных факторов, в основном антропогенных, наблюдается сокращение ареала и угроза исчезновения местных генетических ресурсов сельскохозяйственных культур и их диких сородичей. Это наблюдается и с местными сортами граната.

В результате обследования фермерских хозяйств и приусадебных участков ряд районов Сурхандарьинской области было выявлено большое разнообразие сортов и форм граната, которые различаются по сроку созревания, лежкости, товарным и вкусовым качествам плодов и другим хозяйственным признакам. Местное население на своих приусадебных участках предпочитает заниматься выращиванием граната, поскольку эта культура в местных условиях является экономически выгодной и наиболее приспособленной к почвенно-климатическим условиям. Местное население даёт названия образцам по окраске и толщине кожуры, вкусу плодов, срокам созревания и в некоторых случаях по происхождению. Основная масса местных сортов граната созревает в III декаде сентября - I декаде октября. Наиболее ранние сорта («Августовский») созревают в первой половине августа, а наиболее поздние («Юпка пучак») в середине октября. Выявлены высокоурожайные крупноплодные сорта граната, имеющие высокую лежкость, а также малораспространенная форма граната с желтой кожурой без покровной окраски.

В период экспедиционного обследования изучены народные способы борьбы с болезнями и вредителями, которые наносят большой ущерб гранатовым плантациям на фермерских хозяйствах и приусадебных участках. Установлено, что против вредителей, в частности гранатовой огневки-плодожорки (*Euzophera punicaella* Mooge.), местным населением применяются не только рекомендуемые препараты, но и используются такие народные методы, как заполнение чашечки плода глиной, смешанной с ядохимикатами.

В результате экспедиционного обследования южного региона Узбекистана – территорий Сурхандарьинской области, были собраны местные сорта и формы граната обыкновенного. Данные образцы привлечены в мировой генофонд плодово-ягодных культур и винограда Научно-исследовательского института растениеводства с целью надежного сохранения их для будущего поколения и использования в качестве ценного исходного материала в различных направлениях биологической науки, а также народного и сельского хозяйства.

**Ключевые слова:** гранат, экспедиционное обследование, местные сорта, разнообразие, товарные и вкусовые качества, урожайность, болезни и вредители

## ВВЕДЕНИЕ

Гранат обыкновенный (*Punica granatum* L.) относится к роду Гранат (*Punica* L.), семейству Дербенниковые (*Punicaceae*). В Узбекистане гранат является ведущей субтропической культурой. Гранат выращивается во всех регионах республики. Основные гранатовые плантации расположены в областях Ферганской долины, Кашкадарьинской, Сурхандарьинской, Самаркандской и Бухарской областях. В республике гранат также встречается и в дикорастущем состоянии. Дикорастущие формы граната представляют интерес в селекционных целях. Они произрастают в бассейнах рек Тупаланг, Сангардак, в горных системах Западного Тянь-Шана, Ферганском и Гиссарском хребтах. Они растут одиночными кустами или в сообществе (Красная книга Узбекской ССР, 1984).

Центральная Азия является одним из центров происхождения культурных растений (Вавилов, 1982). Она богата местными сортами и формами культивируемых видов плодовых культур. Климат Узбекистана характеризуется резкой континентальностью, засушливостью, дефицитом водных ресурсов, обилием тепла и света. Более 60% культивируемых земель засолены в различной степени. Регионы республики отличаются почвенно-климатическими условиями. Условия Ферганской и Зеравшанской долины, Хорезмского и Бухарского оазисов, предгорных и горных районов, южные регионы республики резко отличаются друг от друга. В этих условиях формировались местные сорта плодовых культур, в том числе и граната, наиболее приспособленные к засушливому климату, засухоустойчивые, солеустойчивые и устойчивые к стрессовым факторам внешней среды.

Различие регионов по продолжительности вегетативного периода, сумме эффективных температур, наступлению минимальных и максимальных температур и по другим метеорологическим элементам, сильно влияет на формирование местного сортимента и по этой причине каждый регион имеет свой сортимент граната, хорошо приспособленный к местным условиям.

Местные сорта граната имеют важное значение в селекции, как исходный материал для выведения новых сортов. Но, в последние годы под влиянием различных факторов, в основном антропогенных, наблюдается сокращение ареала и угроза исчезновения местных генетических ресурсов сельскохозяйственных культур и их диких сородичей. Это наблюдается и с местными сортами граната.

Поэтому сбор местных сортов и форм граната обыкновенного, установление их ареала, привлечение их в мировой генофонд плодово-ягодных культур и винограда Научно-исследовательского института растениеводства (ранее *Среднеазиатский филиал Всесоюзного научно-исследовательского института растениеводства имени Н.И.Вавилова*), изучение образцов с хозяйственно-ценными признаками и свойствами имеет научное и практическое значение и является весьма актуальным.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Определение ареалов распространения сортов и форм сельскохозяйственных культур, экспедиционные сборы, а также помологическое описание плодов осуществлялись по методическим указаниям Всероссийского научно-исследовательского института генетических ресурсов растений имени Н.И.Вавилова и Bioversity International (Витковский и др., 1970; Петрова и др., 1989; Пейнтинг, 1997).

## РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Экспедиционные обследования проводились в южных регионах Узбекистана – в Сурхандарьинской области, где широко возделываются культура граната обыкновенного.

*Климатические условия.* Область имеет своеобразные почвенно-климатические условия, отличающиеся от других регионов. Географическое положение позволяет защищаться от северных, восточно-северных и восточных холодных ветров. Поэтому здесь зимой и летом довольно высокая температура воздуха и климат сходен с климатом сухих субтропиков. По этой причине широкое распространение имеют субтропические культуры. Безморозный период длится более 265 дней. Зима теплая и короткая. Лето продолжительное, сухое и жаркое. Максимальная температура воздуха составляет 48-50<sup>0</sup>С. Количество осадков до 400 мм в год, ввиду чего невозможно выращивать гранат без орошения.

Для южных зон Узбекистана засухоустойчивость, жаростойкость и устойчивость к поздневесенним заморозкам являются важнейшими биологическими свойствами сортов, определяющими их продуктивность в местных условиях. Экспедиционные обследования проводились в Шерабадском, Кумкурганском, Джаркурганском, Денауском, Дашнобадском районах. Местное население на своих приусадебных участках предпочитает заниматься выращиванием граната, поскольку эта культура в местных условиях является экономически выгодной и наиболее приспособленной к почвенно-климатическим условиям.

В результате экспедиционного обследования фермерских хозяйств и приусадебных участков были собраны местные сорта граната. Отбор образцов проводился по следующим критериям: 1) вкусовые и товарные качества плодов; 2) лежкость; 3) урожайность; 4) окраска зерна и сока; 5) размер плодов; 6) пригодность плодов к переработке; 7) устойчивость к стрессовым факторам внешней среды: к засухе, к низким отрицательным температурам; 8) устойчивость к болезням и вредителям и по другим хозяйственно-ценным признакам.

В Сурхандарьинской области имеется большое разнообразие граната, и очень часто встречаются одноименные образцы, хотя они различаются по некоторым хозяйственным признакам. Давая имя образцу местное население больше обращает внимание на окраску - «Кизил анор» (*красный гранат*), «Пуштианор» (*розовый гранат*) и толщину кожуры - «Юпкапучак» (*тонкая кожура*), «Калин пучак» (*толстая кожура*); на вкус плодов - «Ширин анор» (*сладкий гранат*), «Аччиканор» (*кислый гранат*); на сроки созревания - «Эртапишар» (*ранозревающий*), «Августовский»; по месту произрастания образца - «Дашнабад», «Ташкурган» и т.д. Некоторые сорта называют по двум признакам - «Кара кайнопучак» (*Кара кайин белая кожура*), «Кара кайин кизил пучак» (*Кара кайин красная кожура*). Чтобы систематизировать существующее разнообразие граната необходимо детальное изучение основных морфологических признаков и биологических особенностей местного сортимента граната.

Основная масса местных сортов граната Сурхандарьинской области созревает в конце сентября - в начале октября. Наиболее поздние сорта - «Юпкапучак» (*Джаркурганский район, село «Порлокюлдуз», фермер- Аликулов М.*) созревают в середине октября, наиболее ранний сорт - «Августовский» (*Шерабадский район, село «Ашир-Хаваст», фермер- Юсупалиев Г.*) созревает в первой половине августа.

Выявлены высокоурожайные, крупноплодные сорта граната, с хорошей лежкостью плодов. Отобраны крупноплодные сорта, средняя масса их плодов составляет 710-740 г сорта «Кампиртепа-1» и «Кампиртепа-2» (*табл. 1, рис. 1-2*). По средней массе плода они превосходят стандартный сорт граната «Казак анор». У них достаточно высокая транспортабельность. Высокие вкусовые качества плодов имеют сорта граната «Лола» и «Юпкапучак». Средняя масса их плодов составляет 619-666 г. У выявленных сортов граната плоды имеют высокую лежкость. Плоды сорта граната «Кампиртепа-1» хорошо хранятся до апреля месяца, не теряя товарных и вкусовых качеств плодов. По этим показателям сорт находится на уровне стандартного сорта граната «Казак анор». При этом незначительно превосходит его по массе плодов.



Таблица 1. Основные хозяйственно-ценные признаки местных сортов граната обыкновенного, собранных в период экспедиционного обследования Сурхандарьинской области

Место сбора образца	Название образца	Масса плода, г	Размеры плода в диаметре, см	Сроки созревания	Продолжительность хранения
<i>Джаркурганский район</i>					
Село «Хужакишлок»	Сариканор	156	7,0 x 6,4	III дек. августа I дек. сентября	Январь
	Калин пучак	371	9,1 x 8,9	15-20 октября	Февраль
Село «Туркман»	Кизил пучак	465	9,8 x 9,2	15 октября	Март
Село «Порлокюлдуз»	Юпкапучак	666	11,0 x 9,9	15-20 октября	Март
Село «Мингчинор»	Казакеанор	678	10,9 x 10,2	20 октября	Апрель
<i>Шерабадский район</i>					
Фермерское хозяйство «Сухроб»	Лола	619	11,1 x 10,2	1 октября	Декабрь
	Кампиртепа-1	711	12,0 x 10,1	15-20 октября	Апрель
Фермерское хозяйство «Навруз»	Калин пучак	440	9,6 x 8,7	15 октября	Март
Фермерское хозяйство «Низомиддин Сухроб»	Кампиртепа-2	739	11,7 x 10,4	25 сентября – 10 октября	Март



Рисунок 1. Разнообразие образцов граната обыкновенного, собранных в период экспедиционного обследования Сурхандарьинской области



**Рисунок 2.** Сорт граната обыкновенного «Кампиртепа-2», собранный в фермерском хозяйстве «Низомиддин Сухроб» в Шерабадском районе Сурхандарьинской области

В селе «Хужа кишлак» Джаркурганского района в приусадебном участке Вафоева Л. был обнаружен оригинальный образец – желтый гранат без полурозовой окраски. Созревает в конце августа – начале сентября. Плоды мелкие, массой 150-160 г, в лежке хорошо сохраняются до января. При защите плодов от прямых солнечных лучей они становятся очень привлекательными. Вкус удовлетворительный. Сорт имеет хорошую рыночную ценность. Необходимо изучить его основные биологические особенности.

В период экспедиционного обследования изучены народные способы борьбы с болезнями и вредителями, которые наносят большой ущерб гранатовым плантациям в фермерских хозяйствах и приусадебных участках. Особый интерес представляет изучение народных способов борьбы с болезнями и вредителями граната. Важнейшим вредителем граната является гранатовая огневка-плодожорка – *Euzopherapunicaella* Moore. Она распространена повсеместно, дает 4-5 поколений в зависимости от климатических условий местности. Бабочка откладывает яйца в чашечки или трещины плодов. Отрождаются гусенички и внедряются в плоды через чашечку. Вследствие этого плоды загнивают, теряют товарные и вкусовые качества и, в конечном счете, резко снижается урожайность.

Для борьбы с гранатовой огневкой-плодожоркой местное население, кроме химических мер борьбы, применяют традиционные народные методы. Чашечку каждого плода в отдельности очищают специальными прутиками из айвового побега. После чего в чашечки закладывают глиняный раствор. Иногда в глину добавляют ядохимикаты. Более популярным средством борьбы с плодожоркой является изоляция каждого плода мешочками из грубой хлопчатобумажной ткани. Мешочки защищают плоды не только от плодожорки, но и от солнечных ожогов. Плоды в мешочках имеют более выгодный товарный вид. Мешочки можно использовать повторно несколько лет.

Таким образом, в результате экспедиционного обследования территорий Сурхандарьинской области – южного региона Узбекистана собраны местные сорта и формы граната обыкновенного и они привлечены в мировой генофонд плодово-ягодных культур и винограда Научно-исследовательского института растениеводства с целью надежного сохранения их для будущего поколения и использования в качестве ценного исходного

материала в различных направлениях биологической науки, а также народного и сельского хозяйства.

## ВЫВОДЫ

Почвенно-климатические условия юга Узбекистана благоприятны для роста и развития культуры граната обыкновенного.

В течении нескольких столетий народными селекционерами были созданы высокопродуктивные сорта граната с высокими качествами плодов. Они формировались в местных условиях, хорошо адаптированы к ним и устойчивы к стрессовым факторам внешней среды. Этот процесс продолжается и по сей день. Это вызывает необходимость регулярного экспедиционного обследования не только на территории Узбекистана, но и в сопредельных государствах, где также имеются своеобразные местные сорта и формы граната обыкновенного.

Сорта или формы граната обыкновенного именуется местным населением по окраске и толщине кожуры, вкусу плодов, сроку созревания, по месту происхождения и т.д. Наиболее ранние местные сорта граната созревают в первой половине августа, а наиболее поздние в середине октября.

Выявлены крупноплодные сорта с хорошими товарными и вкусовыми качествами плодов. Сорта «Кампиртепа-1» и «Кампиртепа-2» имеют плоды массой более 750 г. Они имеют хорошую транспортабельность. Сорта «Лола» и «Юпка пучак» отличаются высокими вкусовыми качествами плодов. Большинство выявленных сортов граната имеют высокую лежкость и хорошо хранятся, не теряя товарные и вкусовые качества плодов до марта - апреля месяца.

Обнаружена малораспространенная форма граната обыкновенного с желтой кожурой без покровной окраски. Но плоды ее мелкие и сохраняются до января месяца следующего года.

Против вредителей, в частности гранатовой огневки-плодожорки (*Euzopherapunicaella* Moore.), местным населением применяют не только рекомендуемые препараты, но и используют народные методы, такие как заполнение чашечки плода, глиной смешанной с ядохимикатами.

Мировой генофонд плодово-ягодных культур и винограда Научно-исследовательского института растениеводства обогащен новыми ценными образцами граната обыкновенного.

## ЛИТЕРАТУРА

**Вавилов Н.И.** (1982) Происхождение и география культурных растений // Москва: Наука, с. 33-126

**Изучение коллекции субтропических плодовых культур.** (1989) // Сост. Е.Ф.Петрова, В.Л.Витковский.- Ленинград: ВИР, 143 с.

**Красная книга Узбекской ССР.** (1984) // Ташкент: Фан, с. 40-41

**Пейтинг К.А.** (1997) Учебные материалы по эколого-географическому обследованию, планированию и проведению экспедиции по сбору гермоплазмы // Международный институт по генетическим ресурсам растений. Рим, 118 с.

**Программа и методика изучения сортов коллекции плодовых, ягодных, субтропических культур и винограда.** (1970) // Сост. В.Л.Витковский, Н.М.Павлова.- Ленинград: ВИР, 162 с.

## ÖZBƏKİSTANDA NARIN XALQ SELEKSİYA SORTLARI

\*K.I.Baymetov<sup>1</sup>, F.X.Abdullayev<sup>1</sup>, U.H.Turakulov<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bitkiçilik Elmi Tədqiqat İnstitutu

<sup>2</sup>Bitkiçilik Elmi Tədqiqat İnstitutunun  
Surxandərya təcrübə stansiyası

Məqalədə nar (*Punica granatum* L.) bitkisinin geniş müxtəlifliyi ilə xarakterizə olunan Özbəkistanın cənub bölgəsində aparılan ekspedisiya tədqiqatlarının nəticələri təqdim olunur. Torpaq və iqlim şəraitinin xüsusiyyətləri – kəskin kontinentallıq, su ehtiyatlarının çatışmazlığı, uzun vegetasiya dövrü yüksək effektiv temperatur cəmi, quraq iqlimə ən çox uyğunlaşan, quraqlığa və ekoloji stress amillərinə davamlı nar sortlarının yaranmasına şərait yaratmışdır.

Yerli nar sortları yeni sortların yaradılması üçün başlanğıc material olaraq seleksiyada vacibdir. Lakin son illərdə müxtəlif amillərin, əsasən antropogen amillərin təsiri altında, bitkilərin və onların yabanı əcdadlarının, yerli genetik ehtiyatlarının yoxolma təhlükəsi mövcuddur. Bu, yerli nar sortlarında da müşahidə olunur.

Fermer təsərrüfatları və həyətyanı sahələrində aparılan araşdırmalar nəticəsində Surxandərya vilayətinin bir sıra rayonlarında meyvələrin yetişmə müddəti, saxlanma müddəti, əmtəə və dad keyfiyyəti, və digər təsərrüfat göstəriciləri baxımından fərqlənən müxtəlif nar sort və formaları aşkar edilmişdir. Bu bitkinin yerli şəraitdə iqtisadi cəhətdən sərfəli olması və torpaq-iqlim şəraitinə çox uyğunlaşdığına görə yerli əhali həyətyanı ərazilərində nar becərməyə üstünlük verir. Yerli əhali nümunələrə qabığın rəngi və qalınlığına, meyvənin dadına, yetişmə müddətlərinə və bəzi hallarda isə mənşəyinə görə adlar verir. Yerli nar sortlarının əksəriyyəti sentyabr ayının üçüncü ongunluyunda - oktyabrın ilk ongunluyunda yetişir. Daha tez yetişən sortlar («Avgustovski») avqustun birinci yarısında, daha gec yetişənləri isə («Yupkapuçak») oktyabrın ortalarında yetişir. Yüksək saxlama keyfiyyətinə malik yüksəkməhsuldar irimeyvəli nar sortları, və az yayılan rəngsiz üst qatı olan sarı qabıqlı nadir forması müəyyən edilmişdir.

Ekspedisiya tədqiqatları zamanı fermer təsərrüfatları və həyətyanı sahələrdə nar plantasiyalarına böyük ziyan vuran xəstəlik və zərərvericilərə qarşı xalq mübarizə üsulları öyrənilmişdir. Zərərvericilərə, xüsusən də nar güvəsinə (*Euzophera punicaella* Moore.) qarşı yerli əhali yalnız tövsiyə olunan dərmanlardan istifadə etmir, eyni zamanda meyvə tacının pestisidlərlə qatılmış gil ilə doldurmaq kimi alternativ metodlardan istifadə edir.

Özbəkistanın cənub bölgəsi olan Surxandəryo vilayəti ərazilərində aparılan ekspedisiya tədqiqatı nəticəsində adi narın yerli sort və formaları toplanmışdır. Gələcək nəsillər üçün etibarlı qoruma və biologiya elminin, eləcə də xalq və kənd təsərrüfatının müxtəlif sahələrində qiymətli ilkin material kimi istifadəsi məqsədi ilə bu nümunələr Elmi Tədqiqat Bitkiçilik İnstitutunun meyvə-giləmeyvə bitkiləri və üzümün dünya genofonduna cəlb edilmişdir.

*Açar sözlər:* nar, ekspedisiya araşdırması, yerli sortlar, müxtəliflik, əmtəə və dad keyfiyyəti, məhsuldarlıq, xəstəlik və zərərvericilər

## FOLK BREEDING POMEGRANATE CULTIVARS OF IN UZBEKISTAN

\*K.I.Baymetov<sup>1</sup>, F.Kh.Abdullaev<sup>1</sup>, U.H.Turakulov<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Research Institute of Plant Industry,

<sup>2</sup>Surkhandarya Experimental Station, Research Institute of Plant Industry

The article presents the results of expeditionary surveys in the southern region of Uzbekistan, which is characterized by a large varietal diversity of pomegranate (*Punica granatum* L.). Peculiarities of soil and climatic conditions is sharp continentality, shortage of water resources, long growing season, high sum of effective temperatures, contributed to the formation of pomegranate cultivars most adapted to

the arid climate, drought-resistant and resistant to environmental stress factors.

Local pomegranate cultivars are important in breeding, as a source material for breeding of new cultivars. But, in recent years, under the influence of different factors, mainly anthropogenic, there has been a decrease in the range and the threat of extinction of the local genetic resources of agricultural crops and their wild relatives. This is also observed with local pomegranate cultivars.

As a result of a survey of farms and household plots, a number of districts of the Surkhandarya region revealed a wide diversity of cultivars and forms of pomegranate, which differ in terms of ripening, keeping capacity, marketability and taste of fruits and other economic characteristics. The local population prefers to cultivate pomegranate in their household plots, since this crop is economically profitable and most adapted to soil and climatic conditions in local conditions. The local population gives names to the samples according to the color and thickness of the peel, the taste of the fruit, the ripening dates and, in some cases, their origin. The bulk of the local pomegranate cultivars ripen in the third decade of September - the first decade of October. The earliest cultivars («Augustovskiy») ripen in the first half of August, and the latest («Yupkapuchak») in mid-October. High-yielding large-fruited pomegranate cultivars with high keeping capacity were identified, as well as a rare form of pomegranate with a yellow peel without a colored top coat.

During the expeditionary survey, folk methods of disease and pests control that do great damage to pomegranate plantations in farms and household plots were studied. It has been established that against pests, in particular pomegranate moth (*Euzophera punicaella* Moore.), the local population uses not only the recommended preparations, but also use alternative methods, such as filling a fetal cup with clay mixed with pesticides.

As a result of an expeditionary survey of the territories of the Surkhandarya region, the southern region of Uzbekistan, local cultivars and forms of pomegranate were collected and they were attracted to the global genepool of fruit and berry crops and grape of the Research Institute of Plant Industry in order to reliably conserve them for future generations and use them as valuable source material in different areas of biological science, as well as national economy and agriculture.

**Keywords:** *pomegranate, field survey, local cultivars, diversity, marketability and taste, productivity, diseases and pests*

# **FİZİOLOGİYA**

## **PHYSIOLOGY**

УДК 633.11 575

## ИЗУЧЕНИЕ УСТОЙЧИВОСТИ К ЗАСУХЕ И ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ, ВЫРАЩЕННЫХ В РАЗЛИЧНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ АЗЕРБАЙДЖАНА

Э.С.ГАДЖИЕВ\* д.ф.п.б., А.Д.МАМЕДОВА д.б.н., доцент, М.А.АББАСОВ д.ф.п.б., доцент, С.В.ГАДЖИЕВА, Р.Т.АЛИЕВ д.б.н., проф.

Институт генетических ресурсов НАНА, Баку, AZ1106, пр. Азадлыг, 155

elcin\_haciyev\_1985@mail.ru

В работе представлены результаты изучения устойчивости к засухе и генетического разнообразия 30 генотипов мягкой пшеницы, выращенных в различных условиях Азербайджана - на Апшероне (орошение) и в Гобустане (богара), с использованием ISSR маркеров. ISSR маркеры, представляющие собой случайно подобранные маркеры, основаны на полиморфизме 2 микросателлитных фрагментов ДНК генома. Этот тип маркера использовался нами при оценке разнообразия растений в различных исследованиях и было доказано, что полученные результаты согласуются с результатами специфических маркеров. У исследованных генотипов пшеницы были изучены основные элементы продуктивности. Для определения степени устойчивости образцов к засухе были использованы некоторые коэффициенты устойчивости, такие как индекс толерантности к стрессу (STI), средняя урожайность (MP) и средняя геометрическая урожайность (GMP), а также индекс толерантности (TOL) и индекс чувствительности к стрессу (SHI). Следует отметить, что высокие значения индекса устойчивости к стрессу, средней продуктивности и средней геометрической урожайности, а также низкие показатели индекса толерантности и индекса чувствительности к стрессу эквивалентны высокой стабильности исследуемых образцов, что позволяет оценивать их как стрессоустойчивые. Исследование генетического разнообразия генотипов мягкой пшеницы выявило наиболее высокие показатели средней урожайности (MP=48,1) у var. *murinium* (YBFS12), индекса толерантности (TOL) – у var. *erythroleucon* (YBFS35), среднегеометрической урожайности (GMP=46,1) и индекса толерантности к стрессу (STI=1,0) – у var. *cianotrics* (YBFS45), индекса стрессоустойчивости (SSI= -1,3) - у var. *erythroleucon* (YBFS35). В основном отмечена положительная статистически высокосвязанная связь между исследованными признаками. В целом было идентифицировано 121 фрагмента, из которых 97 были полиморфными. Количество амплифицированных полиморфных фрагментов варьировало в пределах 57-100%. Вариация показателей полиморфного информационного потенциала (PIC) у использованных 15 праймеров колебалась от 0.270 до 0.48. Из полученных 97 полиморфных локусов 37 были наиболее информативными. Кластер анализ выявил наиболее генетически близкими генотипы var. *albidum* (YBFS48) и var. *barbarossa* (YBFS43), у которых индекс генетической близости был равен 0.434.

**Ключевые слова:** мягкая пшеница, засуха, толерантность, генетическое разнообразие, генетическое сходство.

## ВВЕДЕНИЕ

Рост численности населения и снижение биоразнообразия создает проблемы для обеспечения людей продуктами питания.

Высокая и низкая температура, засуха, засоление почвы, наличие тяжелых металлов обычно нарушают жизненный цикл высших растений (Hoerling, Kumar, 2003; Peters et al.,

2004; Алиев и др., 2019), являясь главными факторами, ограничивающими урожайность растений (Flowers 2004; Parida, Das, 2005; Munns, Tester, 2008).

Засуха, один из основных отрицательных факторов внешней среды, оказывающий негативное влияние на продуктивность растений. В связи с глобальным потеплением климата возрастает размер площадей, на которых растения подвергаются действию водного дефицита (Chaves, Oliveira, 2004). Согласно сообщению межправительственной группы по изменению климата, средняя температура на планете к 2025 году может повыситься на 1°C, а к 2100 – на 3°C. В результате могут произойти существенные изменения ареалов дикой флоры, географического распределения культурных растений и продолжительности сельскохозяйственного сезона (Wahid et al., 2007; Kalefetoglu, Ekmekci, 2010), потери до 50% пахотных земель сельскохозяйственного назначения (Mahajan, Tuteja, 2005).

В этих условиях необходимо повысить урожайность растений, внедряя в производство сессустойчивые сорта, отличающиеся высокой продуктивностью. Создание таких сортов предполагает изучение генетического разнообразия популяций, накопление информации по характеристикам признаков растений. Для этого необходимо изучение генофонда растений, оценка разнообразия растений, их паспортизация (Fischer, Maurer, 1978; Mamedova et al., 2015; Nuriyeva et al., 2016) Использование генетических маркеров позволяет идентифицировать и сравнивать аллели различных генотипов (Esselman et al., 1999; Carvalho et al., 2009; Huseynova et al., 2018; Abbasov et al., 2019).

Разнообразие почвенно-климатических условий Азербайджана при резко выраженной вертикальной зональности привело к образованию большого количества форм культурных и диких злаков.

Селекция зерновых культур, в частности пшеницы, на территории Азербайджана относится к глубокой древности, к началу земледелия. Об этом свидетельствует сопоставление современных культурных сортов зерновых с родственными дикими формами, в частности с дикой двузернянкой (*Triticum araraticum* Jakubz.), широко распространенной на южном и юго-восточном склонах Ахсуинских гор (восточные отроги Большого Кавказа). Густые заросли этой пшеницы в сообществе с другим видом дикорастущей пшеницы (*Tr.aegilopoides* Balansa) впервые на территории Азербайджана были выявлены в 1931 г. М.М.Якубцинером (Якубцинер, 1932).

По мнению Н.И.Вавилова (Вавилов, 1926), Закавказье является самостоятельным очагом формообразования культурной пшеницы, подчеркивая, что, по-видимому, видообразовательный процесс происходил путем удвоения хромосомного набора, чему способствует температурные смены горных районов. Нахождение редких эндемических видов пшеницы (тимофееви, персикум, палеоколхикум) и локализация большого разнообразия 14- и 28-хромосомных дикой и культурной пшеницы в Азербайджане привлекали ученых-биологов для широкого изучения филогении и экологии этих форм.

Большая работа по изучению генетического фонда природного разнообразия пшеницы Азербайджана была проведена И.Д.Мустафаевым (Мустафаев, 1953). Сравнивая зерна пшеницы и ячменя, найденные в археологических раскопках, с современно возделываемыми, И.Д.Мустафаев установил глубокую древность возделывания зерновых злаков и первичность образования и распределения их на этой территории.

Институт Генетических Ресурсов Национальной Академии Наук Азербайджана занимается сбором, изучением и сохранением генетического фонда растений, в том числе мягкой пшеницы (Алиев и др., 2002; Рустамов, 2013; Гаджиев и др., 2018).

Оценка генетического разнообразия проводится различными методами: традиционными (морфологический), биохимическими (по белковым маркерам) и молекулярными маркерами (Rosielle, Hamblin, 1981; Carvalho et al., 2009; Гаджиев и др., 2015; Гаджиев и др., 2018; Huseynova et al., 2018).



В сравнении с другими сельскохозяйственными растениями, у зерновых культур, в частности у пшеницы, всесторонне исследованы такие морфологические признаки, как цвет колоса, зерна, остистость и опушенность колоса. Эти признаки на протяжении многих лет успешно применяются для оценки разнообразия видов, характеристики коллекций и отбора исходного материала для использования в селекционных программах.

С использованием биохимических и молекулярных маркеров началась новая эра в оценке генетического разнообразия пшеницы. Изучение с помощью глиадинового и глютеинового маркеров генотипов пшеницы позволила идентифицировать различные блоки аллельного компонента и выявить их роль в оценке различных признаков. Применение биохимических маркеров способствует определению генетического полиморфизма в разнообразии растений пшеницы.

Начиная с 1996 года для оценки генетического разнообразия растений стали использовать молекулярные маркеры, которые могут быть в форме активных фрагментов ДНК (генов) или фрагментов ДНК, которые не имеют генетических функций кодирования (Péter et al., 2013; Гаджиев и др., 2015).

ДНК-маркеры при анализе растений имеют ряд преимуществ по сравнению с другими маркерами. Так, анализ с помощью этих маркеров может быть проведен на любой стадии развития растений, позволяет получить точные результаты за короткое время исследования, не зависит от факторов окружающей среды и может охватить весь геном растения.

Молекулярные маркеры включают 3 группы: маркеры на основе гибридизации – RFLP, молекулярные маркеры на основе PZR и маркеры для локусов количественных признаков (QTL). Маркеры на основе PZR включают случайные (RAPD, ISR, AFLP, SRAP и т. д.) и специальные маркеры (SSR, SNP, CAPS и т. д.) (Mueller, Wolfenbarger, 1999; Lin et al., 2007). Эти маркеры адаптированы для выявления различий в разных фрагментах ДНК.

Использование RAPD, включающего 10 нуклеотидную последовательность, позволяет выявить полиморфизм случайных фрагментов, полиморфизм длин *амплифицированных фрагментов ДНК (RFLP)*, *однонуклеотидный полиморфизм (SNP)* (Wanjie et al., 2010).

Целью исследований явилось изучение генетического разнообразия с использованием различных маркеров ISSR. Как уже отмечалось, ISSR маркеры, представляющие собой случайно подобранные маркеры, основаны на полиморфизме 2 микросателлитных фрагментов ДНК генома. Этот тип маркера использовался нами при оценке разнообразия растений в различных исследованиях и было доказано, что полученные результаты согласуются с результатами специфических маркеров.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

В качестве объекта исследования было взято 30 генотипов мягкой пшеницы, выращенных в различных условиях Азербайджана - на Апшероне (орошение) и в Гобустане (богара) (таблица 1). У исследованных генотипов пшеницы были изучены основные элементы продуктивности.

Для определения степени устойчивости образцов к засухе были использованы некоторые коэффициенты устойчивости. Показатели толерантности рассчитывались по следующим формулам:

$$\text{Средняя урожайность } MP = (y_p + y_s)/2$$

$$\text{Индекс толерантности } TOL = y_p - y_s$$

$$\text{Средняя геометрическая урожайность } GMP = \sqrt{y_s \cdot y_p}$$

Таблица 1. Список образцов, использованных в работе

KOD	Növmüxtəlifliyi	KOD	Növmüxtəlifliyi
YBFS48	<i>Albidum</i>	YBFS75	<i>Geancolutescene</i>
YBFS43	<i>Barbarossa</i>	YBFS57	<i>Hostianum</i>
YBFS45	<i>Barbarossa</i>	YBFS59	<i>Hostianum</i>
YBFS72	<i>Cianotrics</i>	YBFS96	<i>Hostianum</i>
YBFS78	<i>Delfi</i>	YBFS63	<i>Leucospermum</i>
YBFS79	<i>Delfi</i>	YBFS65	<i>Leucospermum</i>
YBFS34	<i>Erythroleucon</i>	YBFS29	<i>Lutescens</i>
YBFS35	<i>Erythroleucon</i>	YBFS2	<i>Milturum</i>
YBFS36	<i>Erythroleucon</i>	YBFS3	<i>Milturum</i>
YBFS17	<i>Erythrospermum</i>	YBFS6	<i>Milturum</i>
YBFS31	<i>Erythrospermum</i>	YBFS8	<i>Milturum</i>
YBFS12	<i>Ferrugineum</i>	YBFS66	<i>ps.meridionale</i>
YBFS23	<i>Ferrugineum</i>	YBFS67	<i>ps.meridionale</i>
YBFS24	<i>Ferrugineum</i>	YBFS1	<i>Qraecum</i>
YBFS27	<i>Ferrugineum</i>	YBFS71	<i>Murinum</i>

Индекс чувствительности к стрессу  $SSI = (1 - y_s / y_p) / (1 - y_s^- / y_p^-)$

Индекс толерантности к стрессу  $STI = (y_p)(y_s) / (y_p^-)^2$

где

$y_p$  – урожайность любого генотипа в нормальных условиях;

$y_s$  – урожайность любого генотипа в стрессовых условиях;

$y_p^-$  – средняя урожайность всех генотипов при номинальных условиях

$y_s^-$  – средняя урожайность всех генотипов в стрессовых условиях.

Следует отметить, что высокие значения индекса толерантности к стрессу (STI), средняя урожайность (MP) и среднегеометрическая урожайность (GMP), а также низкие значения TOL и SHI эквивалентны высокой устойчивости у исследованных образцов позволяют оценивать их как устойчивые к стрессу.

*Молекулярный анализ:* Исследование генотипов мягком пшеницы проводилось с использованием 15 маркеров ISSR.

Экстракция ДНК осуществлялась согласно протоколу ЦТАБ (цетилтриметиламмоний бромид) Doyle et Doyle (Doyle, Doyle, 1987) с некоторыми модификациями. Концентрацию и степень чистоты молекулы ДНК определяли с помощью NanoDrop (Thermo, NANO Drop, 2000). Каждый образец разбавляли до 50 ng/μl для PZR (полимеразная цепная реакция). Амплификацию ДНК проводили в реакционной смеси объемом 20 мкл, содержащей 2 мкл 10 x ПЦР-буфера, 2 мкл смеси dNTP (5 mM), 1.5 μl MgCl<sub>2</sub> (50 mM), 2 мкл каждого праймера (10 pmol/μl), 0.1 μl фермента Taq-полимеразы (1 U/μl) и 2 μl выделенной ДНК (50 ng/μl).

Для мультилокусного анализа были использованы 15 праймеров ISSR длиной 11-18 нуклеотидов (таблица 4). Для ПЦР были подобраны следующие условия амплификации: предварительная денатурация при температуре 94°C в течение 5 мин, для каждого цикла – денатурация при 94° в течение 1 мин, различная температура отжига в зависимости от использованного праймера 45 с и при температуре 72 °C в течение 5 мин финальный цикл элонгации.

Амплификацию проводили на запрограммированном термоциклере T100 (Applied Biosystems, США). Электрофоретический анализ ПЦР-продуктов проводили на 2% агарозном геле с добавлением этидиум бромид и визуализировали в ультрафиолетовом свете с использованием системы гель-документации Bio-Rad.

*Статистический анализ.* Анализ амплицированных фрагментов был проведен с помощью компьютерной программы SPSS (Landau, Everitt, 2004). Оценка устойчивости к стрессу определяли по потенциалу урожайности ( $Y_p$ ), урожайности в условиях стресса ( $Y_s$ ), средней урожайности (MP) (Rosielle, Hamblin, 1981), средней геометрической урожайности (GMP) (Fernandez, 1992), (TOL) по обязательному снижению урожайности ( $Y_p - Y_s$ ) (Weir, 1990), индексу чувствительности к стрессу (SSI) (Fischer, Maurer, 1978), индексу толерантности к стрессу (STI) (Fernandez, 1992).

Для оценки генетического разнообразия генотипов пшеницы был рассчитан ряд статистических параметров, включая индекс генетического разнообразия (ИГР) (Weir, 1990) и полиморфный информационный потенциал (PIC) (Roldan-Ruiz et al., 2000).

Оценка генетической близости между образцами и построение дендрограммы были проведены на основе индекса генетического сходства Жаккарда, кластеризация осуществлялась с использованием метода UPGMA.

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

*Статистический анализ.* В таблице 2 представлены средние значения для исследованных признаков, стандартное отклонение (COт), стандартная ошибка (CO) и коэффициент вариации (CV%). Каждый из изученных признаков характеризовался высокой вариабельностью.

Таблица 2. Статистические показатели признаков

	TOL	SSI	STI	MP	GMP	$Y_p$	$Y_s$
<b>Среднее</b>	10.8	0.87	0.75	39.7	39.1	46.9	40.3
<b>Стандартная ошибка</b>	1.84	0.14	0.02	0.71	0.63	0.66	1.3
<b>Стандартное отклонение</b>	10.2	0.82	0.14	4.0	3.55	3.7	7.4
<b>Дисперсия</b>	105	0.68	0.02	16.0	12.6	13.8	56
<b>Диапазон</b>	41.6	3.40	0.50	15.0	13	14.1	35
<b>Минимум</b>	-9.8	-1.30	0.50	33.1	33.1	40.9	18
<b>Максимум</b>	31.8	2.1	1.00	48.1	46.1	55	53

Самым высоким коэффициентом вариации признаков отмечен для индекса толерантности (CV = 105,2%), наименьшим – для индекса стрессоустойчивости (CV = 0,02%).

Из исследованных нами генотипов мягкой пшеницы самую высокую среднюю урожайность (MP = 48,1) проявил генотип YBFS12 var. *murinium*. Самый высокий индекс толерантности зафиксирован для генотипа YBFS35 разновидности *erythroleucon*, составивший -9.8.

Индекс среднегеометрической урожайности является важным показателем урожайности, наличие высокого показателя которого свидетельствует о значительной устойчивости растения к стрессу. Этот показатель был самым высоким у генотипа YBFS017K-45 var. *cianotrics* (GMP=46,1).

Низкий показатель индекса толерантности (-1,3), свидетельствующий о высокой устойчивости растений к действию неблагоприятного фактора среды, отмечен для генотипа YBFS35 var. *erythroleucon*.

Согласно полученным данным, генотип YBFS45 var. *cianotrics*, у которого индекс толерантности к стрессу (STI) имел наибольшее значение, составив 1.0, является стрессустойчивый.

Анализируя литературные данные подобного направления, обращает на себя внимание исследования İmren Kutlu (İmren et al., 2017). Индекс стрессоустойчивости (SSI), при оценке устойчивости к засухе генотипов пшеницы, варьировал в пределах 0.02-11.25. Генотипы, у которых величина индекс стрессоустойчивости менее 1, считаются устойчивыми. В исследованиях Farshadfar и его коллег (Farshadfar et al., 2012) диапазон колебания индекса толерантности к стрессу (STI) составил 0,31-0,87.

*Корреляционный анализ.* В этой части исследований проводилось изучение корреляция между потенциальной урожайностью (Yp), урожайностью в условиях стресса (Ys) и индексами (таблица 3).

**Таблица 3.** Коэффициенты корреляции между Yp, Ys и показателями мягкой пшеницы

	Ys	MP	TOL	GMP	SSI	STI
Yp	0,594**	0,846**	0,823**	0,811**	0,493**	0,825**
	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Ys		0,841**	0,324**	0,834**	0,302	0,841**
		0,000	0,004	0,000	0,289	0,000
MP			0,811**	0,921**	0,412**	0,898**
			0,000	0,000	0,000	0,000
TOL				0,711**	0,697**	0,845**
				0,000	0,000	0,000
GMP					0,423*	0,894**
					0,060	0,000
SSI						0,465**
						0,000

В исследованиях Амири с коллегами (Amiri et al., 2014), при изучении взаимосвязи между между урожайностью в условиях стресса и потенциальной урожайностью у генотипов мягкой пшеницы, отмечена значительная положительная корреляция ( $r=0,534^{**}$ ) между указанными признаками. В наших исследованиях отмечена высокая взаимосвязь между урожайностью в условиях стресса и потенциальной урожайностью ( $r = 0,594^{**}$ ).

Как видно из данных, представленных в таблице, за исключением взаимосвязи между урожайностью в стрессовых условиях (Ys) и индексом стрессоустойчивости (SSI), между остальными исследованными индексами отмечена высокосignificantная зависимость. Так, между потенциальной урожайностью (Yp) и другими индексами наблюдается положительная корреляция. Значительной была зависимость между урожайностью в стрессовых условиях (Ys) и средней урожайностью (MP) ( $r=0,846$ ), между потенциальной урожайностью (Yp) и индексом толерантности к стрессу (STI) ( $r=0,825$ ).

Оценивая устойчивость к засухе генотипов мягкой пшеницы, Farshadfar с сотрудниками (Farshadfar, Elyasi, 2012) отметили высокосignificantную связь между потенциальной урожайностью (Yp) и индексом толерантности к стрессу (STI) ( $r=0,835$ ).

В наших исследованиях значительная корреляция отмечалась между урожайностью в стрессовых условиях (Ys) и среднегеометрической урожайностью (GMP), равная ( $r=0,837$ ), между средней урожайностью (MP) и среднегеометрической урожайностью (GMP) – ( $r=0,921$ ), между средней урожайностью (MP) и индексом толерантности к стрессу (STI) – ( $r=0,898$ ).

Fernandez (Fernandez, 1992) считает необходимым для изучения устойчивости к засухе и отбора высокопродуктивных генотипов использовать показатели индекса толерант-

ности к стрессу (STI), средней геометрической урожайности (GMP) и средней урожайности (MP).

В наших исследованиях зависимость между толерантностью (TOL) индексом толерантности к стрессу (STI) составил  $ag = 0,845$ , междусредней геометрической урожайностью (GMP) и индексом толерантности к стрессу (STI)  $r = 0,894$ , между индексом стрессоустойчивости (SSI) и индекс толерантности к стрессу (STI)  $r = 0,465$ . В основном, между признаками мягкой пшеницы отмечается высокозначимая зависимость (Farshadfar, Elyasi, 2012).

Таким образом, результаты наших исследований согласуются с данными других авторов.

*Молекулярный анализ.* Из исследованных 20 праймеров для анализа были отобраны 15 эффективных. Всего было идентифицировано 121 фрагментов, из которых 97 были полиморфными (80%) и 24 – мономорфными (20%).

Таблица 4. ISSR-праймеры и их статистические параметры

Праймеры	Тип повторяющейся последовательности	КАФ	КПФ	РІС	Полиморфизм, %	ИГР
UBC808	(AG) <sub>8</sub> C	6	5	0,4	83.3	0.8
UBC810	(GA) <sub>8</sub> T	7	4	0,28	57.1	0.67
UBC811	(GA) <sub>8</sub> C	8	8	0,44	100	0.9
UBC812	(GA) <sub>8</sub> A	6	5	0,36	83.3	0.83
UBC827	(AC) <sub>8</sub> G	6	5	0,28	83.3	0.6
UBC834	(AG) <sub>8</sub> YT	8	6	0,38	75.0	0.8
UBC840	(GA) <sub>8</sub> TT	10	8	0.36	80.0	0.81
UBC857	(AC) <sub>8</sub> TT	6	3	0,34	50.0	0.4
UBC868	(GAA) <sub>6</sub>	8	7	0.41	87.5	0.85
UBC873	(GACA) <sub>4</sub>	6	5	0.37	83.3	0.7
HB14	(CTC) <sub>3</sub> GC	8	7	0.43	87.5	0.8
ISSR3	TGT (AC) <sub>7</sub> A	7	6	0.4	85.7	0.7
ISSR16	CGT(CA) <sub>7</sub> C	9	6	0.48	66.7	0.9
IS 11	(AGC) <sub>6</sub> G	9	7	0.27	77.8	0.84
IS 15	(GA) <sub>8</sub> CG	10	9	0.43	90.0	0.92
Среднее значение	-	7.6	6.0	0.4	79.3	0.77
Всего	-	121.6	97.0	-	-	-

Количество амплифицированных фрагментов варьировало в пределах 6-10, длина полученных фрагментов составила 80-1100 нм. В среднем один праймер синтезировал 7,6 фрагментов. Большинство ампликонов было обнаружено при использовании праймеров UBC 840 и IS15. Количество полиморфных фрагментов ДНК варьировало от 3 до 9.

Наименьшая амплификация отмечалась при использовании праймера USB 857, наибольшая – IS15. Средний показатель полиморфных фрагментов составил 6. В зависимости от праймера амплифицированные полиморфные фрагменты варьировали в пределах 57-100%. Средний уровень полиморфизма ISSR праймера составил 79%. Уровень полиморфизма для UBC811 был равен 100%.

Значимость РІС рассчитывали на основе 15 отобранных праймеров. Известно, что у доминантных ISSR маркеров значение РІС находится в диапазоне 0-0,5 (Botstein et

al.,1980). У использованных нами 15 праймеров значение PIC варьировало от 0,270 до 0,48, в среднем составив 0,4 единицы. Самый низкий PIC отмечен для праймера IS11, самый высокий – для ISR16. Из 97 полученных полиморфных локусов 37 оказались более информативными. Наиболее часто встречаемые полиморфные локусы были отмечены при использовании повторов динуклеотидов (AG)<sub>8</sub> и (GA)<sub>8</sub> праймера, у которых полиморфизм составил 100%.

Установлено, что праймеры ISSR, в состав которых входит повторы (AG)<sub>n</sub>, более полиморфны, что соответствует результатам исследований Carvalho (Carvalho et al., 2009). Эффективность использования ISSR маркеров для изучения полиморфизма ДНК отмечалась нами и в других исследованиях (Huseynova et al.,2018; Гаджиев и др., 2015; Najiyev et al., 2018; Гаджиева и др., 2018).

Высокий полиморфизм маркеров ISSR объясняется их мультиаллельной и гипер-вариабельной природой.

В процессе исследований был рассчитан индекс генетического разнообразия (ИГР) для каждого локуса ISSR. Средняя величина индекса генетического разнообразия для каждого локуса ISSR составила 0,77 единицы. Самым высоким показателем индекса генетического разнообразия, равный 0,92 единиц, характеризовался праймер IS15.

Carvalho и соавторы (Carvalho et al., 2008) проанализировали 48 генотип мягкой пшеницы с использованием 18 праймеров ISSR, получили 245 амплифицированных фрагментов, из которых 233 были полиморфными. Хотя большинство генотипов принадлежали к одному и тому же виду, были сгруппированы в одном кластере, тем не менее внутри данного вида был отмечен полиморфизм.

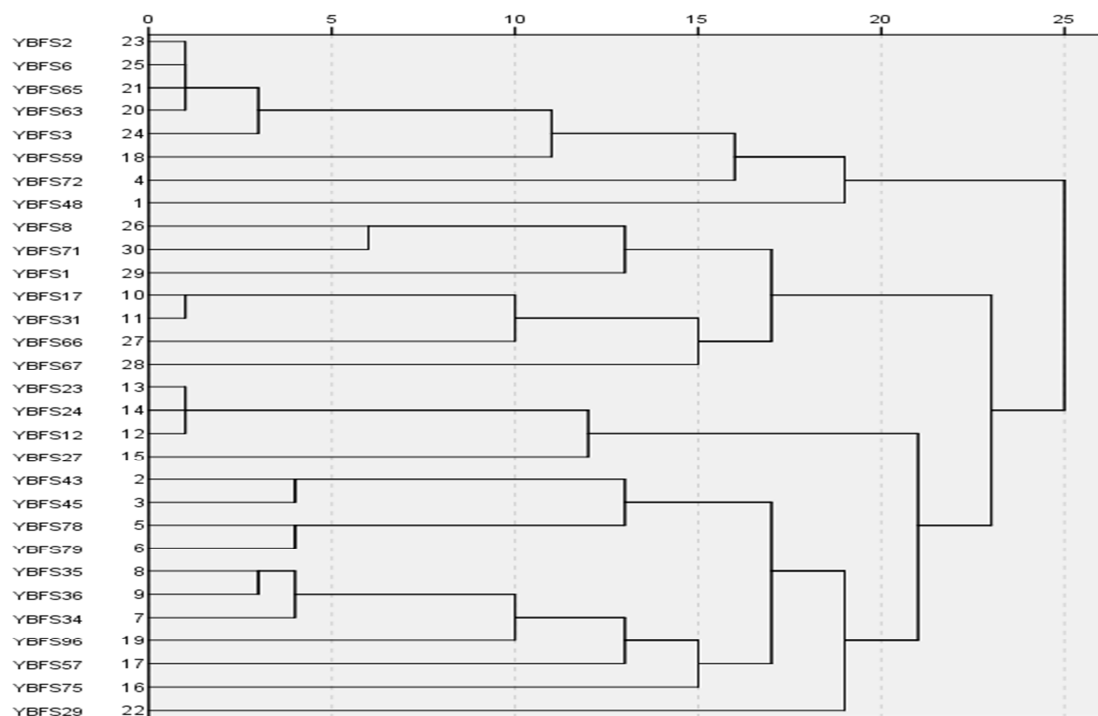
В исследованиях Yanfang с коллегами (Yanfang et al., 2011) генетического разнообразия 8 генотипов мягкой пшеницы с использованием 6 праймеров ISSR было идентифицировано 43 амплифицированных фрагмента, из которых 29 были полиморфными. Среднее число фрагментов в каждом праймере составило 7,2, а длина амплифицированных фрагментов варьировала в пределах 300-2000 нм.

Sofalian и его коллеги (Sofalian et al., 2008), используя праймеры ISSR, исследовали генетическое разнообразие 39 генотипов мягкой пшеницы, собранных на территории северного региона Ирана, в результате чего пришли к выводу о высоком полиморфизме пшеницы *landrase*. Проведенный ими кластер анализ показал, что праймеры ISSR являются эффективным инструментом для определения внутреннего генетического разнообразия пшеницы и с их помощью можно дифференцировать генотипы из разных регионов.

Таким образом, на основе анализа полученных данных и рассчитанных значений основных параметров, определенных информативностью маркеров, установлено, что использованные нами праймеры могут быть рекомендованы для характеристики генотипов мягкой пшеницы: для оценки полиморфизма генотипов пшеницы, для определения генетического сходства и генетической расстояния различных видов и форм. В сравнении с другим праймерами, IS15 и UBC811 выделены как наиболее высоко полиморфные (90% -100%).

*Кластерный анализ.* Известно, что кластерный анализ позволяет идентифицировать генотипы и выявить сходство и различие у растений (Гаджиева, 2020). Учитывая это, для оценки генетического родства изученных генотипов мягкой пшеницы был вычислен индекс генетического сходства методом Jakkard и составлена дендрограмма (рис.1).

При анализе дендрограммы обращает на себя внимание тот факт, что образцы одного и того же вида располагаются довольно близко, а коэффициенты их генетического сходства были близки к единице. Наиболее близкими в дендрограмме были генотипы YBFS48 var. *albidum* и YBFS43 var. *barbarossa*, у которых индекс генетического сходства составил 0,434. Наиболее близкими в дендрограмме было несколько генотипов. У ряда



**Рис. 1.** Дендрограмма, построенная по результатам ISSR-анализа на основе индекса генетического сходства Жаккарда

образцов этот показатель был равен единице.

Ранее Гаджиевы и коллегами, в результате исследований 110 генотипов местных генотипов *var. aestivum* была составлена дендрограмма генетического родства, включающая 12 кластеров (Гаджиева и др., 2018).

В дендрограмме, составленной Abou-Deif и его сотрудниками (Abou-Deif et al., 2013), при изучении генетической близости 20 генотипов пшеницы разных видов с помощью ISSR маркеров диплоидная и тетраплоидная пшеница были включены в единый кластер, а гексаплоидная – в другую группу, что подтверждает эффективность этих маркеров в идентификации различных видов, а также при оценке изменчивости видов.

Таким образом, в результате статистической оценки устойчивости генотипов мягкой пшеницы к засухе, а также исследований с использованием технологии молекулярных маркеров была подтверждена эффективность маркеров ISSR в оценке генетического разнообразия и генетического родства.

Богатое генетическое разнообразие коллекции, может быть связано с тем, что исследованные генотипы относятся к различным разновидностям.

Полученные результаты могут быть использованы при планировании будущих исследований по сбору генетических ресурсов мягкой пшеницы и в различных селекционных программах.

## ЛИТЕРАТУРА

- Алиев Дж.А., Акперов З.И. (2002) Генетические ресурсы растений Азербайджана // Изв. НАНА. № 1/6, с. 3–14
- Алиев Р.Т., Гаджиев Э.С., Мамедова А.Д., Шейхзаманова Ф.А., Рзаева С.П. (2019) Урожайность и содержание хлорофилла как показатель адаптивности к засухе генотипов мягкой пшеницы (*T. aestivum* L.), выращенных в различных климатических условиях // Материалы статей 2-ой Национальной научно-практической конференции «Актуальные

- проблемы биоразнообразия и природопользования». Симферополь: ИТ «АРИ АЛ», с.544-547.
- Вавилов Н.И.** (1926). Центры происхождения культурных растений// Тр. По прикладной ботанике, генетике и селекции. Т. 16, № 2, стр. С. 55–57
- Гаджиев Э.С., Акпаров З.И., Алиев Р.Т., Иззатуллаева В.И., Аббасов М.А., Мамедова А.Д.** (2018). Использование ДНК-маркеров для изучения генетического полиморфизма генотипов мягкой пшеницы (*T.aestivum* L.) Азербайджана/ Сборник научных трудов НАН Украины «Факторы экспериментальной эволюции организмов», Киев, с. 279-284
- Гаджиев Э.С., Акпаров З.И., Алиев Р.Т., Сеидова С.В., Иззатуллаева В.И., Бабаева С.М., Аббасов М.А.** (2015). Генетический полиморфизм образцов твердой пшеницы (*Triticum durum* Desf.) Азербайджана //Генетика,Т. 51. № 9,с. 1009-1017
- Гаджиева С.В., Акпаров З.И., Гасанов Н.А., Мустафаева З.П., Гаджиев Э.С., Мамедов А.Т., Иззатуллаева В.И., Бабаева С.М., Шарифова С.С., Мамедов А.М., Аббасов М.А.** (2018) ISSR-анализ изменчивости культивируемых форм и сортов граната (*Punica granatum* L.) Азербайджана //Генетика, Т. 54. № 2, с. 200-210
- Гаджиева С.В.** (2020) Изучение генетического разнообразия генотипов дикого граната (*Punica granatum* L.) Азербайджана с использованием маркеров ISSR // Вестник Крас. ГАУ. № 3, С. 20-28
- Мустафаев И.Д.** (1953) Исследования процесса видообразования зерновых культур в различных почвенно-климатических условиях Азербайджана. Баку: Элм,с. 9.
- Рустамов Х.Н.** (2013) Морфобиологический состав мягких пшениц (*Triticum aestivum* L.) Азербайджана // Вавиловский Журнал Генетики и Селекции. Т. 17, № 3, с. 520-523
- Якубцинер М.М.** (1932) К познанию дикой пшеницы Закавказья // Тр. По прикладной ботанике, генетике и селекции. сер.5, вып 1.
- Abbasov Mehraj, Brueggeman Robert, Raupp John, Akparov Zeynal, Aminov Naib, Bedoshvili David, Gross Thomas, Gross Patrick, Babayeva Sevda, IzzatullayevaVusala, Mammadova Sevinj A., Hajiyev Elchin, Rustamov Khanbala, Gill Bikram S.** (2019) Genetic diversity of *Aegilops* L. species from Azerbaijan and Georgia using SSR markers // Genetic Resources and Crop Evolution. V. 66, p. 453–463
- Abou-Deif M. H., Mohamed Abdel-Salam Rashed, Sallam M.,E.A.H. Mostafa, Walaa A. Ramadan** (2013) Characterization of twenty wheat varieties by ISSR marker // Middle East Journal of Scientific Research. V. 15, № 2, p. 168-175
- Amiri R., Bahraminejad S., Sasani Sh., Ghobadi M.** (2014) Genetic evaluation of 80 irrigated bread wheat genotypes for drought tolerance indices // Bulgarian Journal of Agricultural Science. V. 20, № 1, p. 101-111
- Botstein D., White R. Skalnick M.H., Davies R.W.** (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism // Am. J. Hum. Genet. V. 32, p. 314–331
- Carvalho A., Lima-Brito J., Macas B., Guedes-Pinto H.** (2009) Genetic diversity and variation among botanical varieties of Old Portuguese wheat cultivars revealed by ISSR assays // Biochem. Genet. V. 47, p. 276-294
- Carvalho A., Guedes-Pinto H., Martins-Lopes P., Lima-Brito J.** (2008) Genetic variability analysis of a collection of Old Portuguese bread wheat using ISSRs // Options Mediterraneennes. Ser. A, Sem. Medit. V. 81, p. 35-38
- Chaves M.M., Oliveira M.M.** (2004) Mechanisms Underlying Plant Resilience to Water Deficits: Prospects for Water-Saving Agriculture // J. Exp. Bot.V. 55, p. № 395, p. 2365-2384
- Doyle J.L., Doyle J.J.** (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue // Phytochem. Bull. V. 19, p. 11–15
- Esselman E., Jianqiang L., Crawford D.J., J.L.Windus, A.D. Wolfe** (1999) Clonal diversity in the rare *Calamagrostis porter* ssp.*insperata* (Poaceae) comparative result for allozymes and



- random amplified polymorphic DNA (RAPD) and inter simple sequence repeat (ISSR) markers // Molecular ecology. V. 8, p. 443-451
- Farshadfar E., Elyasi P.** (2012) Screening quantitative indicators of drought tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces // European Journal of Experimental Biology. V. 2, № 3, p. 577–584
- Fernandez G.C.J.** (1992) Effective selection criteria for assess-ing plant stress tolerance / In: Proceeding of the Inter national Symposium on adaptation of vegetable and other food crops in temperature and water stress. Taiwan, p. 257–270
- Fischer R.A., Maurer R.** (1978) Drought resistance in spring wheat cultivars, 1. Grain responses // Australian Journal of Crop Science. V. 29. P. 897–912
- Flowers T.J.** (2004) Improving crop salt tolerance // Journal of Experimental Botany. V. 55, № 396, p. 307-319
- Hajiyev E., Akparov Z., Aliyev R., Abbasov M., Babayeva S., Izzatullayeva V., Hajiyeva S., Ahmadova S., Mammadova Sh., Ram Sharma** (2018) Assessment of genetic polymorphism in durum and bread wheat accessions of Azerbaijan // Bulgarian Journal of Agricultural Science. V. 24, № 1, p. 64–73
- Hoerling M., Kumar A.** (2003) The Perfect Ocean for Drought // Science. V. 299, p. 691-694
- Huseynova E., Gaziev A., Abbasov M., Babayeva S., Hacıyev E., Karimov A., Sadiqov H., Rustamov Kh., Akparov Z.** (2018) Comparative analysis of genetic diversity of bread wheat genotypes based on protein and DNA markers // Bulgarian Journal of Agricultural Science, V. 24. № 6, p. 1034–1041
- İmren Kutlu, Ece Turhan, Özcan Yorgancilar, Aysel Yorgancilar** (2017) Changes in Yield Components and Antioxidant Enzyme Metabolism of Wheat Genotypes in Drought Stress // KSU J. Nat. Sci. V. 20. P. 273-277
- Kalefetoglu T., Ekmekci Y.** (2010) The effects of drought on plants and tolerance mechanisms// Gazi University Journal of Science. V. 18, № 4, p.723-740
- Landau S., Everitt B.S.** (2004) A Handbook of Statistical Analyses using SPSS. United States of America. P. 339 .
- Lin J., Gunter L.E., Harding S.A., Kopp R.F., McCord R.P., Tsai Ch., Tuskan G.A., Smart L.B.** (2007) Development of AFLP and RAPD markers linked to a locus associated with twisted growth in corkscrew willow (*Salix matsudana* 'Tortuosa') //Tree Physiol. V. 27, № 11, p. 1575-1583
- Mahajan S., Tuteja N.** (2005) Cold, salinity and drought stresses: an overview // Arch Biochem. Biophys. V. 444, № 2, p. 139-158
- Mamedova A.D., Aliyev R., Babayeva S., Abbasov M.** (2015) Adaptive reaction of cotton accessions of *G. hirsutum* L. and *G. barbadense* L. species to a drought stress. Genetika Serbia. V. 47, № 2, p. 617-626
- Mueller U.G., Wolfenbarger L.L.** (1999) AFLP genotyping and fingerprinting // Trends Ecol EV. V. 14, № 10, p. 389-394.
- Munns R., Tester M.** (2008) Mechanisms of salinity tolerance // Annu. Rev. Plant Biol. V. 59, p. 651-681
- Nuriyeva Sevinj, Akparov Zeynal, Hajiyev Elchin, Mehrac Abbasov, Ram Sharm** (2016) Evaluation of wheat genetic resources of Azerbaijan on normal and saline fields // Turkish Journal of Agriculture and Forestry. V. 40, № 2, p. 186-193
- Parida A.K., Das A.B.** (2005) Salt tolerance and salinity effects on plants: a review // Ecotoxicol Environ Saf. V. 60, № 3, p. 324-349
- Péter Poczai, Ildikó Varga, Maarja Laos, Andras Cseh, Neil Bell, Jari PT Valkonen, Jaako Hyvonen** (2013) Advances in plant gene-targeted and functional markers: a review //Plant Methods. V. 9, № 1, p. 225

- Peters D.P., Pielke R.A.Sr., Bestelmeyer B.T., Allen C.D., Munson-McGee S., Havstad K.M.** (2004) Cross-Scale Interactions, nonlinearities and Forecasting Catastrophic Events // Proc. Nalt. Acad. Sci. USA.V. 101,p. 15130-15135
- Roldan-Ruiz I., Dendauw J., Van Bockstaele E., Depicker A. De Loose M.** (2000) AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.) // Mol. Breed. V. 6, p. 125-134
- Rosielle A. A., Hamblin J.** (1981) Theoret icalasp ects of selection for yield in stress and Non-Stress environments // Crop Science. V. 21. № 6. P. 943-946
- Sofalian O., Chaparzadeh N., Javanmard A., Hejazi M.S.** (2008) Study the genetic diversity of wheat landraces from № rthwest of Iran based on ISSR molecular markers // Int. J. Agric. Biol. V. 10, p. 466-468
- Wahid A., Gelani S., Ashraf M., Foolad M.R.** (2007) Heat tolerance in plants: An overview // Environ. Exp. Bot. V. 61, p.199-223
- Wanjie Yang, Xiaolong Kang, Qingfeng Yang, Yao Lin, Meiyang Fang** (2010) Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity // Int. J. Mol. Sci . V. 11, № 5, p. 2079-2096
- Weir B.S.** (1990) Genetic Data Analysis Methods for Discrete Genetic Data. Sunderland, MA, USA: Sinauer Assoc. Inc.
- Yanfeng Zhu, Jin Hu, Rui Han, Yang Wang** (2011) Fingerprinting and identification of closely related wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using ISSR and fluorescence-labeled TP-M13-SSR markers // Australian Journal of Crop Science. V. 5, p. 846-850

## AZƏRBAYCANDA FƏRQLİ ŞƏRAİTDƏ BECƏRİLMİŞ YUMŞAQ BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN QURAQLIĞA DAVAMLILIĞININ VƏ GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN TƏDQIQI

E.S.Hacıyev, A.D.Məmmədova, M.Ə.Abbasov, S.V.Hacıyeva, R.T.Əliyev

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

Məqalədə ISSR markerlərindən istifadə edərək, Azərbaycanın müxtəlif şəraitlərində - Abşeron (suvarma) və Qobustan (dəmyə) ərazisində becərilmiş 30 yumşaq buğda genotipinin quraqlığa davamlılığı və genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsinin nəticələri təqdim olunur. Təsədüfi olaraq seçilmiş ISSR markerlər genomun 2 mikrosatel DNT fraqmentinin polimorfizminə əsaslanır. Tədqiq olunan buğda genotiplərində məhsuldarlığın əsas elementləri öyrənilmişdir. Nümunələrin quraqlığa davamlılığını müəyyən etmək üçün bir neçə davamlılıq indeksləri, stresə davamlılıq indeksi (STI), orta məhsuldarlıq (MP) və orta həndəsi məhsuldarlıq (GMP), həmçinin tolerantlıq indeksi (TOL) və stresə həssaslıq indeksi (SHI) hesablanmışdır. Qeyd etmək lazımdır ki, stresə qarşı davamlılıq indeksinin, orta məhsuldarlıq və orta həndəsi məhsuldarlıq indekslərinin yüksək göstəriciləri, habelə davamlılıq və stresə həssaslıq indekslərinin aşağı göstəriciləri tədqiq olunan nümunələrin yüksək dayanıqlığına bərabərdir və bu da onları stresə davamlı kimi qiymətləndirməyə imkan verir. Tədqiq etdiyimiz yumşaq buğda genotipləri içərisində ən yüksək orta məhsuldarlıq (MP=48.1) var. *murinium* (YBFS12), tolerantlıq indeksi (TOL) var. *erythroleucon* (YBFS35), orta həndəsi məhsuldarlıq (OHN=46,1) və stresə tolerantlıq indeksinə görə (STI=1,0) var. *cianotrics* (YBFS45), tolerantlıq indeksinə (TOL= -1,3) görə isə var. *erythroleucon* (YBFS35), növmüxtəlifliyinə aid genotip ən yüksək göstəriciyə malik olmuşdur. Əksər əlamətlər arasında müsbət yüksək əhəmiyyətli asılılıqlar olduğu müəyyən edilmişdir. Ümumilikdə 121 fraqment identifikasiya edilmişdir ki, bunlardan 97-si polimorf olmuşdur. Praymerdən asılı olaraq amplifikasiya olunmuş polimorf bəndlər 57-100% arasında dəyişir. Tədqiqatda istifadə olunmuş 15 praymer üçün PIC göstəricisi 0.270-0.48 arasında variasiya etmişdir. Əldə edilmiş 97 polimorf lokusdan 37-nin daha informativ olması aşkar edilmişdir. Klaster analizi genetik cəhətdən ən yaxın genotiplərin

*albidum* (YBFS48) və *barbarossa* (YBFS43) növmüxtəlifliklərinə aid genotiplər olduğunu göstərmiş, onlar arasındakı genetik oxşarlıq ideksi 0.434 əmsal təşkil etmişdir.

**Açar sözlər:** yumşaq buğda, quraqlıq, tolerantlıq, genetik müxtəliflik, genetik oxşarlıq

## STUDY OF DROUGHT RESISTANCE AND GENETIC DIVERSITY OF BREAD WHEAT GENOTYPES GROWN UNDER DIFFERENT ECOLOGICAL CONDITIONS OF AZERBAIJAN

E.S.Hajiyev, A.D.Mammadova, S.V.Hajiyeva, M.A.Abbasov, R.T.Aliyev

*Institute of Genetic Resources of ANAS*

The article presents the results of a drought tolerance study and genetic diversity assessment of 30 bread wheat genotypes grown in various conditions of Azerbaijan - on Absheron (irrigation) and Gobustan (rainfed) using ISSR markers. ISSR markers, which are randomly selected markers, are based on the polymorphism of 2 microsatellite DNA fragments of the genome. This type of marker was used by us in the assessment of the diversity of plants in various studies and it was shown that the results obtained are consistent with the results of specific markers. In the studied wheat genotypes, the basic elements of productivity were studied. To determine the degree of resistance of the samples to drought, several resistance indicators were used, such as the stress resistance index (STI), average yield (MP) and geometric mean productivity (GMP), as well as tolerance index (TOL) and stress sensitivity index (SHI). It should be noted that high values of the index of resistance to stress, average productivity and geometric mean productivity, as well as low indicators of the index of resistance and the index of sensitivity to stress are equivalent to the high stability of the studied samples, which makes it possible to evaluate them as stress-resistant. A study of the genetic diversity of bread wheat genotypes revealed high rates average yields (MP=48.1) in var. *murinium* (YBFS12), tolerance index (TOL) - in var. *erythroleucon* (YBFS35), geometrical average yield (GMP = 46.1) and stress tolerance index (STI = 1.0) - in var. *cianotrics* (YBFS45), stress resistance index (SSI = -1.3) - var. *erythroleucon* (YBFS35). Basically, a positive statistically highly significant relationship between the studied traits was noted. A total of 121 fragments were identified, of which 97 were polymorphic. The number of amplified polymorphic fragments varied in the range of 57-100%. The variation in PIC values for the used 15 primers ranged from 0.270 to 0.48. Of the obtained 97 polymorphic loci, 37 were the most informative. The cluster analysis revealed the closest genotypes of var. *albidum* (YBFS48) and var. *barbarossa* (YBFS43), in which the genetic affinity index was 0.43.

**Keywords:** bread wheat, drought, tolerance, genetic diversity, genetic similarity

UOT633.16 581.1/1

## MÜXTƏLİF DİAQNOSTİK METODLARLA BƏZİ ARPA SORTLARININ DUZA DAVAMLILIĞININ TƏDQIQI

\*G.S.MƏCİDOVA b.ü.f.d., N.Ə.GƏRAYBƏYOVA b.ü.f.d., S.İ.ŞƏFİZADƏ b.ü.f.d.,  
L.S.ABDULLAYEVA k.e.i., O.H.RƏHİMOV k.e.i.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr., 155

abdullayevalala76mail.ru

Məlumdur ki, duz stresinin bitki organizminə təsiri zamanı, bir sıra fizioloji və biokimyəvi proseslər baş verir. Biz də müxtəlif diaqnostik metodlarla bu prosesləri tədqiq etmək, bitkilərin duza davamlılığı haqqında ilkin məlumat verməyə çalışdıq. Tədqiqat üç arpa – Pallidum 596 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *pallidum*), Polongi (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*) və Flor (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*) sortları üzərində aparılmışdır.

İlkin mərhələdə duz stresinin bitkinin boyuna təsiri öyrənilmişdir. Məlumdur ki, duz stresinin təsiri zamanı boyu ləngidən inhibitorların toplanması prosesi baş verir və onun miqdarı boyu stimule edilən hormonlardan çox olduğundan böyümədə ləngimələr baş verir. Odur ki, stres almış bitkilərin boyu nəzarət variantı ilə müqayisəli öyrənilədi. Tədqiqat nəticəsində stres almış bitkilərin boyunda nəzarətlə müqayisədə ləngimələr müşahidə edildi. Stresə məruz qalmış bitkilərdə boya görə ləngimə 0,25%-li duzun təsirindən 4-5%; 0,5%-li duzun təsirindən isə 11-14% hüdudunda müşahidə edildi.

Bitkilərin stresə davamlılığının qiymətləndirilməsində istifadə olunan metodlardan biri də xlorofil (a+b)-nin miqdarında baş verən dəyişmələrin öyrənilməsidir. Bu göstəricinin tədqiqi göstərdi ki, 0,25%-li duzun təsiri öyrənilən sortların yarpaqlarındakı xlorofil (a+b)-nin miqdarında nəzarət variantı ilə müqayisədə ciddi dəyişikliklər yaratmamışdır. 0,5%-li duzun təsirindən isə yarpaqlarda xlorofil (a+b)-nin miqdarı nəinki azalmamış, əksinə Polongi və Flor 235 sortlarında bu göstərici artmışdır. Stresin təsirindən yaşıl plastidlərin dağılmaması, xlorofilin miqdarındakı artım öyrənilən arpa sortlarının xüsusilə də Polongi sortunun Pallidium 596 və Flor sortlarına nisbətən duza daha davamlı olduğunu deməyə əsas verir.

Davamlılığın biokimyəvi markeri olan prolin aminturşusunun tədqiqi göstərdi ki, stresin təsiri nəticəsində orqanizmdə bu turşunun miqdarında da dəyişmələr baş verir. Belə ki, stresin təsiri artdıqca toplanan prolin aminturşusunun miqdarı da artır. Bu göstəriciyə görə Polongi arpa sortu, Pallidium 596 və Flor sortlarına nisbətən duza daha davamlı kimi qiymətləndirilir. Aparığımız tədqiqat göstərdi ki, torpaqda duzun qatılığı artdıqca, stresin təsiri də artır və bu bitkinin morfoloji, fizioloji və biokimyəvi göstəricilərində özünü əhəmiyyətli dərəcədə göstərir.

*Açar sözlər:* arpa, duza davamlılıq, boya ləngimə, xlorofil (a+b), prolin aminturşusu

## GİRİŞ

Son zamanlar yer kürəsində baş verən iqlim dəyişmələri, ekoloji vəziyyətin ağırlaşmasına, əkinə yararlı torpaq sahələrinin şoranlaşmasına səbəb olmuşdur. Odur ki, stres amillərə qarşı davamlı, eyni zamanda iqtisadi cəhətdən əhəmiyyət kəsb edən bitki sort və formalarının aşkar edilməsi, onların belə torpaqlarda becərilməsinin təmin olunması günün aktual problemlərindən biridir. Stres amillərdən biri də duzluluqdur. Duzun bitki orqanizminə təsiri zamanı ilkin mərhələdə orqanizm düşüdü şərəitə müqavimət göstərərək adaptasiya olunmağa çalışır. Bu zaman bitki orqanizmində bir sıra fizioloji və biokimyəvi proseslər baş verir. Belə ki, nişastanın şəkərə, zülalların aminturşularına qədər parçalanma prosesləri, qeyri-zülali azotun miqdarının çoxalmasına və nəticədə isə hüceyrələrin zədələnməsinə gətirib çıxarır. Həmçinin ribonukleaza

fermentinin aktivliyi artır ki, bu da RNT-nin parçalanmasını sürətləndirir və DNT-nin sintezi dayanır.

Eləcə də duz stresi bitkinin boyunun dəyişməsinə təsir edir. Bu zaman boy artımını ləngidən inhibitorların (absis turşusu və etilen) toplanması prosesi baş verir, boy artımını stimula edən auksin və hibberelin kimi stimulyatorların miqdarı azalır. Nəticədə boy artımını ingibə edən hormonların miqdarı boy artımını stimula edən hormonlardan çox olduğundan bitkinin boy artımında ləngimə baş verir.

Duz stresi zamanı sorbitol, qlisinbetanin kimi üzvi birləşmələrin və xüsusilə də prolin amin turşusunun miqdarının dəfələrlə artması prosesi baş verir. Eləcə də duz stresi nəticəsində yaşıl plastidlərin dağılması baş verir ki, bu da təbii olaraq xlorofilin miqdarının azalmasına səbəb olur. Stres təsirindən xlorofilin miqdarı nə qədər az dəyişirsə, o bitki daha davamlı hesab olunur və bu da genotiplərin stresə qarşı davamlılığa görə qiymətləndirilməsinə imkan verir (Əliyev, Abbasov, Rəhimli, 2014).

Belə bir vəziyyətdə stresin təsiri dayanırsa, orqanizmdə baş verən fizioloji, biokimyəvi proseslər normallaşır. Əksinə orqanizm zərərli amillərin təsirinə davam gətirə bilmirsə bilmirsə bitki zəifləyir və hətta məhv ola bilər.

Odur ki, son dövrlərdə bitkilərin əlverişsiz ətraf mühit amillərinə davamlılığını müəyyən edən, baş verən fizioloji-biokimyəvi prosesləri tədqiq edən müxtəlif diaqnostik metodlardan istifadə olunur.

Duza tolerantlıq, bitkilərin duzluluq şəraitində normal böyümə və inkişafını sürətləndirmək qabiliyyətidir. Torpaqda NaCl duzunun miqdarı 0,5%-dən artıqdırsa, belə torpaqlar duzlu hesab olunur. Dünyada əkinə yararlı torpaq sahələrinin 30%-i duzluluq stresi altındadır (Əliyev, 2015).

Bunları nəzərə alaraq tədqiqatda duz stresinin arpa nümunələrinə təsirinin öyrənilməsinə qarşıya məqsəd qoyduq.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat 3 arpa sortu - Pallidium 596 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *pallidum*), Polongi (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*) və Flor (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*) üzərində aparılmışdır. Tədqiqatda müxtəlif diaqnostik metodlardan istifadə olunmuşdur.

Duz stresinin arpa nümunələrinə təsirini öyrənmək məqsədilə yuxarıda adı çəkilən sortların toxumları dibçəklərdə əkilmişdir. Tədqiqat işi nəzarət; torpaq+0,25% NaCl; torpaq+0,5% NaCl sxemi ilə aparılmışdır. Bir həftədən sonra nəzarət və təcrübi variantlarda olan bitkilərin boyu ölçülmüş və yarpaqlardan xlorofil (a+b)-nin və prolin amin turşusunun miqdarının təyini üçün nümunələr götürülmüşdür. Xlorofilin miqdarında baş verən dəyişmələr Rusiya Bitkiçilik İnstitutunun təklif etdiyi metod əsasında (УДОВЕНКО, 1975) həyata keçirilmişdir. Götürülmüş yarpaq dairəciklərinin üzərinə 96%-li spirt əlavə edilmişdir. 5-6 gün ərzində qaranlıq yerdə saxlanıldıqdan sonra (dairəciklər tam ağarana kimi) xlorofilin miqdarı spektrofotometrə (UV-3100PC) 2 dalğa uzunluğunda (E 665-649nm), karotinoidlərin miqdarı isə 450nm-də təyin edilmişdir. Stresin təsirindən sonra piqmentlərin miqdarının (xl "a" və xl "b") nəzarətə görə dəyişmə faizini müqayisə etməklə stres-depressiya dərəcəsi tapılmış və həmin nümunələrin stres amillərə nə dərəcədə davamlı olması müəyyən edilmişdir. Stresin təsirindən piqmentlərin miqdarı nə qədər az dəyişilirsə, nümunələr bir o qədər davamlı olurlar.

Bitkilərin duzluluq stresinə davamlılığının qiymətləndirilməsində prolin aminturşusunun da böyük əhəmiyyəti var. Fizioloji normal şəraitdə prolinin müəyyən bir miqdarı bitkilərin reproduktiv orqanlarına nəql olunur. Bu turşu toxum və tozcuqların əmələ gəlməsi üçün vacibdir.

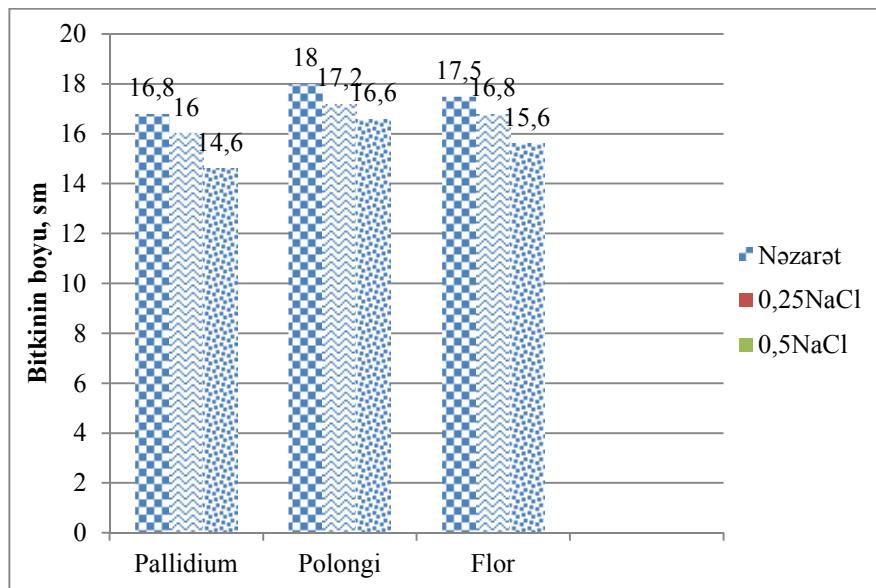
Stres şəraitində isə prolin aminturşusu yığılaraq miqdarca artır, antioksidant kimi çıxış edib bitkini mühitin neqativ təsirlərindən qoruyur. Ona görə də bu göstəricidən davamlılığın biokimyəvi markeri kimi istifadə olunur. Prolin aminturşusunun miqdarı isə Bates metodu ilə 520 nm dalğa uzunluğunda təyin edilmişdir (Bates, Woldren, Teare, 1973).

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Məlumdur ki, bitkilərdə stres zamanı bir sıra fizioloji və biokimyəvi proseslər baş verir. Bu proseslərin bir çoxu müdafiə xarakterli olduğundan bitkinin düşdüyü mühitə adaptasiya olunmasına şərait yaradır. Stres müvəqqəti davam edərsə, bitki öz-özünü bərpa etmək qabiliyyətinə malikdir.

Bitkilərdə stres amillərin təsirindən baş verən morfofizioloji və biokimyəvi dəyişikliklər müxtəlif diaqnostik metodlarla tədqiq olunur.

Bitkilərin böyüyüb inkişaf etdiyi torpaq mühiti onların istifadə etdiyi həll olunan duzların daşıyıcısıdır. Lakin həll olunan duzların miqdarı bitkilərin tolerantlıq həddindən yüksək olduqda bir sıra çətinliklər ortaya çıxır.



**Şəkil 1.** Müxtəlif qatılıqlı duz stressi təsirindən bitkilərin boyunda baş verən dəyişikliklər

Tədqiqat-təcrübi variantlardan-birində torpağa 0,25% NaCl, digərində isə torpağa 0,5% NaCl əlavə edilməklə, dibçəklərdə nəzarətlə müqayisəli 3 arpa sortu üzərində aparılmışdır. Standart kimi Pallidium 596 arpa sortu götürülmüş, Flor və Polongi arpa sortları onunla müqayisəli tədqiq edilmişdir.

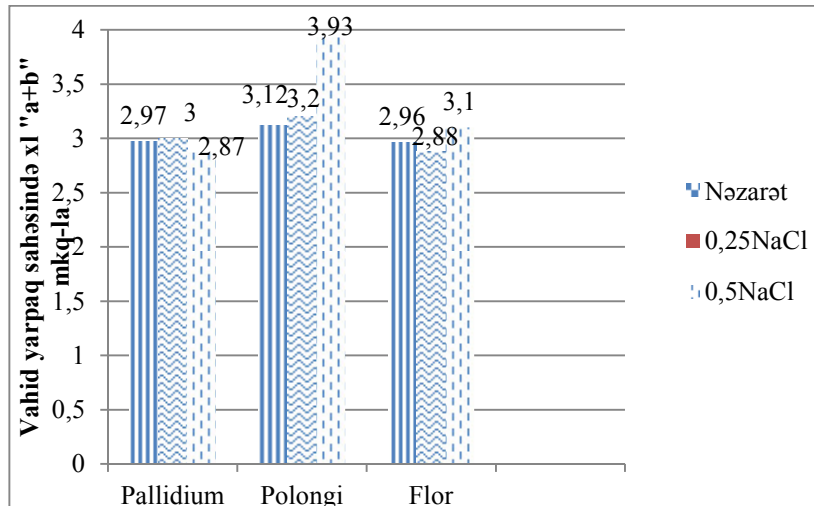
Bir həftədən sonra nəzarətlə müqayisəli təcrübi variantlarda olan bitkilərin boyu ölçülmüş və yarpaqlarda xlorofil (a+b)-nin və prolin amin turşusunun miqdarı təyin edilmişdir.

Bitkilər üzərində aparılan müşahidələr göstərdi ki, 0,25% duz əlavə edilmiş torpaqda bitən bitkilərin boyu ilə nəzarət variantında bitən bitkilərin boyu arasında fərq çox cüzdür və təcrübə variantlarında boya görə ləngimə nəzarətlə müqayisədə 4-5% arasındadır.

Bitkilərin boy artımında ləngimə daha çox 0,5%-li duzun təsirindən müşahidə edilmişdir. Belə ki, nəzarətlə müqayisədə bu göstərici sortlar arasında 11-14% hüdudundadır.

Duzun 0,25%-li təsiri öyrənilən sortların yarpaqlarında xl (a+b)-nin miqdarında nəzarət variantı ilə müqayisədə ciddi dəyişikliklər yaratmamışdır. 0,5%-li duzun təsirindən isə yarpaqlarda xl (a+b)-nin miqdarı nəinki azalmamış, əksinə Polongi və Flor sortlarında bu göstərici 1,2%-1,0%-ə qədər artmışdır.

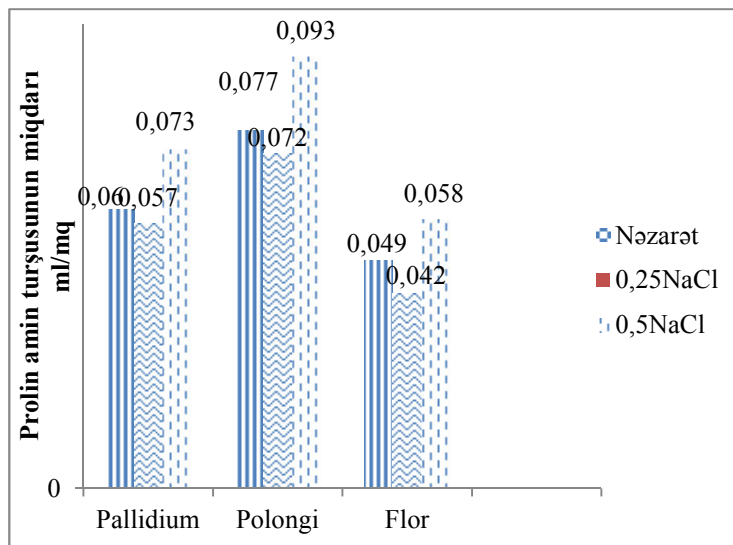
Stresin təsiri nəticəsində yaşıl plastidlərin dağılmaması əksinə xlorofil (a+b)-nin miqdarında artım bu arpa sortlarının xüsusilə də Polongi sortunun Pallidium 596 və Flor sortlarına nisbətən duza daha davamlı olduğunu deməyə əsas verir. Bu nəticələr digər tədqiqatçıların nəticələrinə uyğundur (Иванов, 2013).



Şəkil 2. Müxtəlif qatılıqlı duz stresi təsirindən xlorofil (a+b)-nin miqdarında baş verən dəyişikliklər

Davamlılığın biokimyəvi markeri olan prolin amin turşusunun miqdarında isə 0,25%-li duzun təsirindən nəzarətlə müqayisədə cüzi azalma baş vermişdir. Bu hər üç sort üçün xarakterik olub, Pallidium 596 sortunda 0,5%-ə, Polongi və Flor sortlarında isə 0,8%-ə bərabərdir. Bizim fikrimizcə öyrənilən sortlarda 0,25%-li duzun təsirindən prolin amin turşusunun miqdarının cüzi də olsa azalması bitkinin stresin bu dozasına adaptasiyasının nəticəsidir ki, ehtiyatda olan turşu stres nəticəsində parçalanaraq maddələr mübadiləsinə sərf olunur (Bates, Woldren, Teare, 1973; Колупаев, Байнер, Ястреб, 2014).

Əksinə 0,5%-li duzun təsirindən prolin amin turşusunun miqdarı Pallidium 596 və Polongi sortlarında 1,2%, Flor sortunda isə 1,1% artmışdır. Duzun bu qatılığında sonra prolin amin turşusunun miqdarının artması, bitkilərin bu qatılığa cavab reaksiyasıdır. Bu zaman orqanizmdə gedən maddələr mübadiləsi müvəqqəti olaraq dayanır və prolin amin turşusu sərf olunmadan yığılaraq bitkini strestən qoruyur. Bu göstəriciyə görə də Polongi arpa sortu öyrənilən digər arpa sortlarına nisbətən duza daha davamlı kimi qiymətləndirilmişdir.



Şəkil 3. Müxtəlif qatılıqlı duz stresi təsirindən prolin amin turşusunun miqdarında baş verən dəyişikliklər

Müxtəlif diaqnostik metodların köməyi ilə aparılan tədqiqat nəticəsində müəyyən edildi ki, öyrənilən 3 arpa sortundan Polongi sortu Pallidium 596 və Flor sortlarına nisbətən duza daha çox davamlıdır və torpaqda duzun qatılığı artdıqca, stresin təsiri də artır ki, bu da bitkilərin morfoloji, fizioloji və biokimyəvi göstəricilərində özünü əhəmiyyətli dərəcədə göstərir.

## ƏDƏBİYYAT

- Əliyev D.R.** (2015) NaCl duzunun müxtəlif qatılıqlarının buğda (*T.durum* Desf.) genotiplərinin bəzi morfoloji göstəricilərinə, malondialdehidin miqdarında və kataloza fermentinin fəallığına təsiri // AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri) cild 70, №3, səh. 12-18
- Əliyev R.T., Abbasov M.Ə., Rəhimli V.R.** (2014) Stres və bitkilərin adaptasiyası. Bakı-Elm. s.343.
- Иванов А.А.** (2013) Совместное действие водного и солового стрессов на фотосинтетическую активность листьев пшеницы разного возраста// Физиология и биохимия культурных растений, Т.45, №2, с.155-162
- Колупаев Ю.Е., Вайнер А.А., Ястреб Т.О.** (2014) Пролин: физиологические функции и регуляция содержания в растениях в стрессовых условиях // Вестник Харьковского национального аграрного университета, серия биология, 2 (32), с.6-22
- Кузнецов В.В., Шевякова Н.И.** (1999) Пролин при стрессе: биологическая роль метаболизм, регуляция // Физиология растений, Т 46, с.321-336
- Удовенко Г.В.** (1975) Исследование физиологии устойчивости растений к неблагоприятным условиям среды// Труды по прикладной ботанике, генетики и селекции. Ленинград, Том. 56, Выпуск 1, с.151-161
- Bates L.S., Woldren R.P., Teare L.D.** (1973) Rapid determination of free proline for water stress studies // Plant and soil, 39, p.205-207

## ИЗУЧЕНИЕ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ ЯЧМЕНЯ РАЗЛИЧНЫМИ ДИАГНОСТИЧЕСКИМИ МЕТОДАМИ

Г.С.Меджидова, Н.А.Герайбеева, С.И.Шафизаде, Л.С.Абдуллаева, О.Х.Рахимова

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Известно, что под воздействием соли в организме растений происходит ряд физиологических и биохимических процессов. Мы попытались, используя различные диагностические методы, исследовать эти процессы и дать первичную информацию по вопросу устойчивости растений к воздействию соли.

Исследование проводилось с использованием трех сортов ячменя - Pallidium 596 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *pallidum*), Polongi (*Hordeum vulgare* subsp. *nutans*) и Flor 235 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*). Первичным этапом было изучение влияния на рост растений солевого стресса. Как известно, под влиянием солевого стресса наблюдается процесс накопления ингибиторов, вызывающих замедление роста растений, и из-за превышения его количества количество стимулирующих гормонов, происходит задержка роста. Поэтому, сравнивали рост растений, получивших солевой стресс, с контрольным вариантом. В результате исследования наблюдали задержку роста растений, получивших солевой стресс. Задержка роста растений, получивших воздействие солевого стресса, в количестве 0,25% составила 4-5%; а в количестве 0,5% варьировала в пределах 11-14%.

Известно, что процесс накопления ингибиторов роста происходит под влиянием солевого стресса, а задержка роста происходит того, что количество стимулирующих гормонов.

Одним из методов, используемых для оценки устойчивости растений к стрессу, является изучение изменений, происходящих с количеством хлорофилла (a+b). Исследование этого показателя выявило, что у изучаемых сортов, в сравнении с контролем, воздействие солевого стресса в количестве 0,25% не вызвало серьезных изменений количества хлорофилла (a+b), содержащегося в листьях. Воздействие солевого стресса в количестве 0,5% соли не только не



уменьшило, а даже увеличило количество хлорофилла (a + b) в листьях сортов Polongi и Flor 235. Тот факт, что зеленые пластиды не разрушаются под воздействием стресса, и наблюдается увеличение содержания хлорофилла, позволяет предположить, что изученные сорта ячменя, и особенно сорт Polongi, более устойчивы к солевому стрессу.

Исследование пролина, биохимического маркера устойчивости, показало, что под влиянием стресса в организме происходят изменения количества этой аминокислоты. Таким образом, эффект стресса также увеличивает количество накопленного пролина. Согласно этому показателю, сорт ячменя Polongi считается более устойчивым к соли, чем другие изученные сорта.

Наши исследования показали, что с увеличением концентрации соли в почве усиливается стресс, и это существенно отражается на морфологических, физиологических и биохимических характеристиках растения.

**Ключевые слова:** ячмень, солеустойчивость, задержка роста, хлорофилл (a+b), пролин

## STUDY OF SALT RESISTANCE OF SOME BARLEY VARIETIES USING DIFFERENT DIAGNOSTIC METHODS

G.S.Medjidova, N.A Garaybayeva, S.I.Shafizade, L.S.Abdullayeva, O.H.Rahimova

*Genetic Resources Institute of ANAS*

It is a known fact that salt causes a number of physiological and biochemical processes in plants. Using diagnostic methods we attempted to study those processes and obtain the preliminary information regarding the plants' salt resistance. Three varieties of barley were studied: Pallidum 596 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *pallidum*), Polonqi (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*) and Flor 235 (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* var. *nutans*). During the first phase the effect of salt stress on the plants' growth were studied. It has been known that the salt stress causes the accumulation of inhibitors slowing the plants growth, and the excess of its amount, the amount of stimulating hormones leads to growths slowdown.

With that fact in mind the plants under the salt stress were compared with the control sample. As a result, the plants under the salt stress were observed displaying a slower growth as compared to the control sample. The growth delay in the plants under salt stress in the amount of 0.25% was 4-5%; in the amount of 0.5% fluctuated within 11-14%.

One of the methods used to determine the plant's stress resistance has been the study of changes in amount of chlorophyll (a+b). The study of this index has shown that as compared to the control sample in the studied varieties the 0.25% salt stress did not cause serious changes in the amount of chlorophyll (a+b) in the plants leaves. The salt stress not only did not reduce but, on the contrary, increased the amount of chlorophyll (a+b) in the leaves of varieties Polonqi and Flor 235. The fact that the green plastids do not get destructed when exposed to stress, along with increased amount of chlorophyll, leads to the conclusion that the studied varieties of barley and, in particular, the Polonqi, are more salt resistant.

Studies of the biochemical marker, proline, showed that as the effect of stress the amount of it in plants is changing. Therefore, the effect of the stress causes the increase of the amount of proline. According to this indicator the Polongi variety of barleys considered more salt resistant than other studied varieties.

Studies of the biochemical marker, amino-acids proline, showed that as the effect of stress the amount of it in plants is changing. Therefore, the effect of the stress causes the increase of the amount of proline. According to this indicator the Polongi variety of barley is considered more salt resistant than other studied varieties.

Our studies have shown that increase of the soil salt concentration results in the stress increase, and it significantly affects morphological, physiological and biochemical characteristics of plants.

**Key words:** barley, salt resistance, growth inhibition, chlorophyll (a+b), proline

UOT 634.6:575

## BƏRK BUĞDA (*T. durum* Desf.) NÜMUNƏLƏRİNİN STRES AMİLLƏRƏ DAVAMLILIQ DƏRƏCƏLƏRİNİN LABORATORİYA DİAQNOSTİK METODLARI İLƏ TƏYİNİ

\*Ş.İ.HACIYEVA b.ü.f.d., X.Ş.ABIŞOVA b.ü.f.d., R.T.MİKAYILOVA b.ü.f.d., E.S.HACIYEV b.ü.f.d., S.Ə.MƏMMƏDOVA b.ü.f.d.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr., 155

smamedova2002@mail.ru

Tədqiqatın məqsədi bərk buğdanın müxtəlif genotiplərinin cücərmə qabiliyyətinə görə quraqlığa, duzluluğa və yüksək hərarətə davamlılığının qiymətləndirilməsi olmuşdur. Müxtəlif səpkili metodlarla: toxumların suda, şəkər məhlulunda (20 atm), istilik faktorundan sonra, duzlu mühitdə (0,3 M) cücərmə qabiliyyətinə görə öyrənilən buğda nümunələrinin quraqlıq, istilik və duzluluq streslərinə davamlılıq dərəcələri təyin edilmiş, yüksək davamlı, orta və az davamlı nümunələr seçilmişdir. Rüşeymin istiliyə davamlılığı, toxumların 54°C-temperaturda termostatda (su içərisində) 25 dəqiqə saxlandıqdan sonra onların nəzarətə nisbətən cücərmə qabiliyyətinə görə təyin edilmişdir. Milli Genbankda saxlanılan bərk buğdanın 24 növmüxtəlifliyinin 49 nümunəsinin quraqlıq, istilik və duz streslərinə davamlılığı fizioloji parametrlər əsasında tədqiq edilmiş, 7 nümunə quraqlığa (K-5 v. *leucomelan*; K-35 v. *melanopus*; K-40 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-87 v. *melanopus*, K-134 v. *murciense*), 15 nümunə duz stresinə davamlı (Qarabağ; Bərəkətli-95; K-5 v. *leucomelan*; K-19 v. *murciense*; K-22 v. *affine*; K-35 v. *melanopus*; K-42 v. *coerulescens*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-47 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-52 v. *obscurum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme*) və 14 nümunə yüksək hərarətə davamlı (K-3 v. *leucurum*; K-5 v. *leucomelan*; K-8 v. *hordeiforme*; K-19 v. *murciense*; K-29 v. *hordeiforme*; K-44 v. *mutico lybicum*; K-63 v. *alboprovinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-87 v. *melanopus*; K-88 v. *apulicum*; K-111 v. *apulicum*; K-128 v. *erythromelan*; K-133 v. *niloticum*; K-138 v. *hordeiforme*) kimi qiymətləndirilmişlər. Hər 3 stresə davamlı 7 nümunə - K-5 v. *leucomelan*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme* və Bərəkətli-95 standart sort aşkarlanmışdır. Ən çox davamlı kimi K-5 v. *leucomelan* nümunəsi seçilmişdir.

*Açar sözlər:* buğda, stres, davamlılıq, quraqlıq, istilik, duzluluq, cücərmə qabiliyyəti

## GİRİŞ

Müasir dünyada qloballaşma getdiyi, ətraf mühitin texnogen amillərlə yüklənməsi müşahidə edildiyi bir dövürdə biomüxtəlifliyin mühafizəsi probleminin həlli yollarının araşdırılması strateji əhəmiyyət kəsb edir. Stres amillərə qarşı bitkilərin davamlılıqlarının artırılması, davamlı mənbələrin aşkar edilməsi böyük nəzəri və təcürbi əhəmiyyət daşıyır. Bitkilərin stres amillərə müqavimətini artırmaq üçün onların böyümə və inkişafa göstərdiyi təsirləri, bu səbəbdən bitkilərdə baş verən biokimyəvi və fizioloji dəyişkənlikləri bilmək lazımdır. Bu baxımdan quraqlığa, istiliyə və duzluluğa davamlı nümunələrin aşkarlanması, onların seleksiyada bir donör kimi istifadə olunması, günün aktual problemlərindəndir.

Bitkilərin streslərə davamlılıq baxımından fərqli olmasına baxmayaraq, quraqlığa, istiliyə və duza davamlı buğda növ və formalarının miqdarı azdır. Bu baxımdan da streslərə davamlı növ, növmüxtəlifliklərinin araşdırılması və mövcud bitki potensialının dəyərləndirilməsi vacibdir.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun bitki fiziologiyası şöbəsində hər il bərk buğdanın növ, növmüxtəlifliklərinin stres amillərə (quraqlığa, istiliyə və duza,) davamlılıqları öyrənilir,

davamlı nümunələr seçilir və qiymətləndirilir (Əliyev və b., 2014; Abbasov, 2008).

Tədqiqatın məqsədi bərk buğdanın müxtəlif genotiplərinin quraqlığa, duzluluğa və yüksək hərarətə davamlılığının təyini və streslərin meydana gətirdiyi dəyişikliklərin öyrənilməsidir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işi Milli Genbankda saxlanılan bərk buğdanın 24 növmüxtəlifliklərini əhatə edən 51 nümunəsi üzərində aparılmışdır. Toxumlar 22-24<sup>0</sup> C-də termostatda cücərdilmiş, cücərmə faizi hesablanmış, toxumaların cücərməsinə nəzarətə görə stres təsirlərdən sonra dəyişməsi öyrənilmişdir. Müxtəlif səpkili metodlarla: toxumların suda, saxaroza məhlulunda (20 atm), istilik faktorundan sonra, duzlu mühitdə (0,3 M) cücərmə qabiliyyətinə görə öyrənilən buğda nümunələrinin quraqlıq, istilik və duzluluq streslərinə davamlılıq dərəcələri təyin edilmiş, yüksək davamlı, orta və az davamlı nümunələr seçilmişdir (Удобенко və s., 1988).

Rüşeymin istiliyə davamlılığı, toxumların 54<sup>0</sup>C temperaturda ultra termostatda (su içərisində) 25 dəqiqə saxladıqdan sonra onların nəzarətə nisbətən cücərmə qabiliyyətinə görə təyin edilmişdir.

Ümumi quraqlığa davamlılıq indeksi  $L=2a+b$  formulu əsasında hesablanmışdır: L - ümumi quraqlığa davamlılıq indeksi, a - saxaroza məhlulunda toxumların cücərmə faizi, b - toxumların istilik faktorundan sonra cücərmə faizidir (Осипов, Каленич, 1980).

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Alınmış nəticələr cədvəldə öz əksini tapmışdır. Cədvəl 1-də göstərilən tədqiqat nəticəsinə baxdıqda bərk buğdanın bəzi növmüxtəliflikləri həm quraqlığa, həm də istiliyə davamlı kimi seçilərək 1-ci qrupa aid edilmişdir. Bunlardan Standart Bərəkətli-95 sortu və 6 nümunəni: k-5 *v.leucomelan*; k-66 olan *v.reichenbachii*; k-133 *v.niloticum*; k-43- *v.mutico coerulenscens*; k-48 *v.niloticum*; k-19 *v.murciense* göstərmək olar. Həmin növmüxtəlifliklərinin davamlılıq indekslərinin dəyişməsi 110-159 arası olmuşdur. Cədvəldə göstərilən buğda növmüxtəlifliklərindən 19-nun quraqlıq və istilik streslərinə davamlılığı müxtəlif olduğundan (bəziləri quraqlığa, bəziləri isə istilik stresinə davamlı) onlar 2-ci qrupa aid edilmişlər ki, həmin qrupda davamlılıq indeksinin intensivliyinin dəyişməsi 71-103 arası olmuşdur. 11 növmüxtəlifliyi isə davamsız kimi ayrılmışdır.

Tədqiqat obyektini olan 51 bərk buğda növmüxtəlifliklərinin duz stresinə davamlılıqlarına nəzərə salsaq onlardan 14-ü davamlı, 21-i davamsız, 16-sı isə orta davamlılar qrupuna aid edilmişlər. Cədvəl 1-də təqdim olunmuş nəticələr şərti işarələrlə: - davamlı; = orta davamlı; ≡ davamsız kimi seçilmişdir.

Bundan əlavə nümunələrin müvafiq olaraq saxaroza və NaCl məhlulunda cücərmə faizləri əsasında klasterlər tərtib edilmiş və genotiplər fizioloji göstəricilərinə görə qruplaşdırılmışdır (şəkil 1, 2).

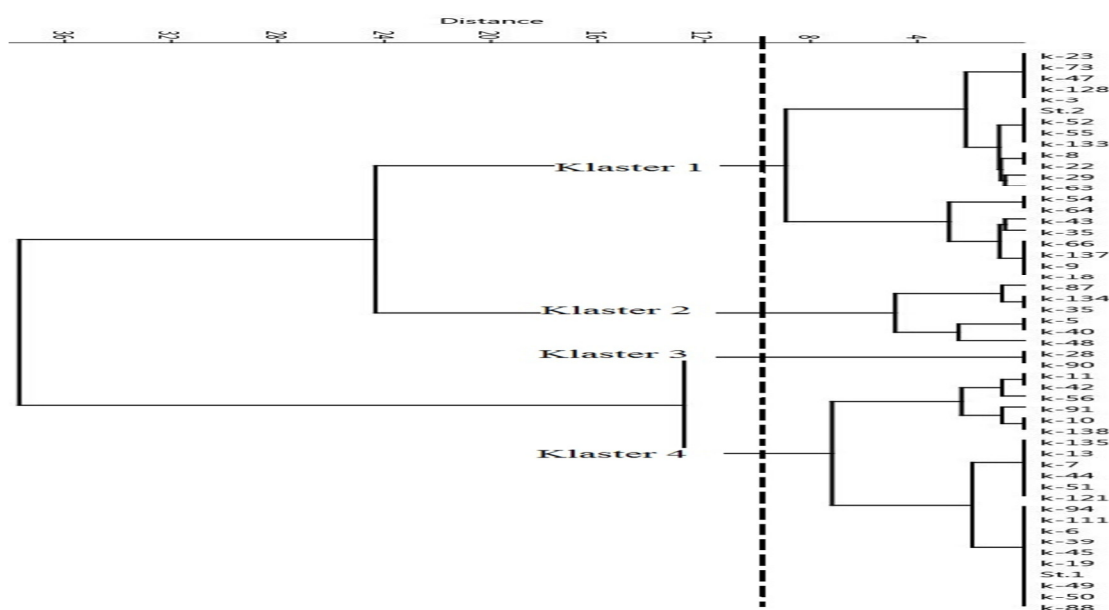
Şəkil 1-dən görüldüyü kimi öyrənilən bərk buğda genotipləri dörd əsas sinifdə qruplaşmışlar. Birinci qrup klasterdə cücərmə qabiliyyəti 20-30 %-ə qədər olan genotiplər toplanmış və biz onları orta davamlılar qrupuna aid etmişik. İkinci qrup klasterdə cücərmə faizi 34-40 olan genotiplər yerləşmişlər ki, bu nümunələr yüksək davamlılar qrupuna aid edilmişlər: K-87 *v.melanopus*; K-134 *v.murciense*; K-35 *v.melanopus*; K-5 *v.leucomelan*; K-40 *v.coeruelencens* və K-48 *v.niloticum*. Üçüncü klaster qrupunda zəif davamlılardır. Onların saxaroza məhlulunda cücərməsi 14%-dən aşağı olmuşdur.

Səkil 2-dən görüldüyü kimi tədqiqat obyektini olan genotiplər üç əsas klaster qrupunda birləşmişlər. Birinci qrup klasterə yüksək davamlı genotiplər: k-63 və k-64 *v.alboprovinciale*; k-133 *v.niloticum*; k-19 *v.muciense*; k-5 *v.leucomelan*; k-36 və k-88 *v.apulicum*; k-66 *v.reichenbachii*; st Qarabağ; k-128 *v.erythromelan*; k-29 *v.hordeiforme*; k-44 *v.mutico lyubicum*; k-56 *v.albo-obscurum* daxil olmuşdur. İkinci və üçüncü qrup klasterdə istilik stresindən sonra cücərmə faizi 14-26 olan genotiplər zəif davamlılar qrupuna aid edilmişlər. Üçüncü qrupda

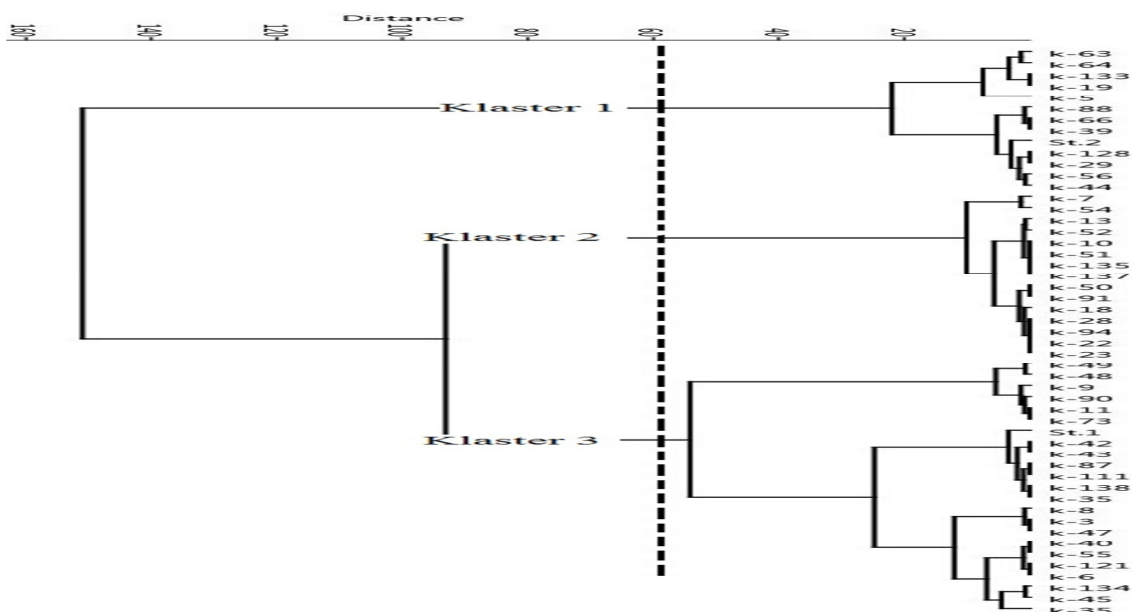
Cədvəl 1. Bərk buğda (*T.durum* Desf.) toxumlarının quraqlıq, istilik və duz streslərindən sonra cücərmə qabiliyyətinə görə qiymətləndirilməsi

Kataloq №-si	Nümunələrin adı və növmüxtəlifliyi	Cücərmə, %-lə			Ümumi quraqlığa davamlılıq indeksi	Quraqlığa davamlılıq qrupu	Qrupda indeksin intensivliyinin dəyişməsi	Duz stresindən sonra cücərmə, %-lə
		Suda	Saxaroza məhlulunda	İstilik faktorundan sonra				
St.	Qarabağ	100	23,0 ±4,2	59,0±4,9	105	II	71-103	22,0±4,1 -
St.	Bərəkətli-95	100	25,0±4,3	71,0±4,5	121	I	110-159	28,0±4,5 -
k-5	<i>v.leucomelan</i>	100	37,0±4,8	85,0±3,6	159	I	110-159	24,0±4,3 -
k-7	<i>v.mutico-leucurum</i>	100	22,0±4,1	15,0±3,6	59	III	44-67	4,0±2,0 =
k-10	<i>v.mutico hordeiforme</i>	100	19,0±3,9	22,0±4,1	60	II	44	16,0±3,6 =
k-11	<i>v.hordeiforme</i>	100	20,0±4,0	26,0±4,4	66	III	44	4,0±2,0 =
k-28	<i>v.mutico lybicum</i>	100	14,0±3,5	19,0±3,9	47	III	44	14,0±3,5 =
k-40	<i>v.coerulescens</i>	100	37,0±4,8	46,0±5,0	120	I	110-59	6,0±2,4 =
k-44	<i>v.mutico lybicum</i>	100	22,0±4,1	68,0±4,7	112	I	110-159	12,0±3,2 =
k-49	<i>v.niloticum</i>	100	23,0±4,2	31,0±4,6	77	II	71-103	6,0±2,4 =
k-50	<i>v.obscurum</i>	100	23,0±4,2	18,0±3,8	64	III	44-67	4,0±2,0 =
k-51	<i>v.obscurum</i>	100	22,0±4,1	22,0±4,1	66	III	44-67	10,0±3,0 =
k-52	<i>v.obscurum</i>	100	25,0±4,3	21,0±4,1	71	II	71-103	18,0±3,8 -
k-55	<i>v.obscurum</i>	100	25,0±4,3	46,0±5,0	96	II	71-103	10,0±3,0 =
k-63	<i>v.alboprovinciale</i>	100	26,0±4,4	80,0±4,0	132	I	110-159	12,0±3,2 =
k-66	<i>v.reichenbachii</i>	100	28,0±4,5	66,0±4,7	122	I	110-159	26,0±4,4 -
k-87	<i>v.melanopus</i>	100	34,0±4,7	57,0±5,0	125	I	110-159	4,0±2,0 =
k-88	<i>v.apulicum</i>	100	23,0±4,2	65,0±4,8	111	I	110-159	10,0±3,0 =
k-90	<i>v.hordeiforme</i>	100	14,0±3,5	27,0±4,4	75	II	71-103	12,0±3,2 =
k-91	<i>v.niloticum</i>	100	18,0±3,8	18,0±3,8	54	III	44-67	8,0±2,7 =
k-94	<i>v.leucomelan</i>	100	23,0±4,2	19,0±3,9	65	III	44-67	4,0±2,0 =
k-111	<i>v.apulicum</i>	100	23,0±4,2	57,0±5,0	103	I	71-103	6,0±2,4 =
k-121	<i>v.mutico lybicum</i>	100	22,0±4,1	45,0±5,0	89	II	71-103	8,0±2,7 =
k-128	<i>v.erythromelan</i>	100	24,0±4,3	69,0±4,6	117	I	110-159	10,0±3,0 =
k-133	<i>v.niloticum</i>	100	25,0±4,3	76,0±4,3	126	I	110-159	24,0±4,3 -
k-134	<i>v.murciense</i>	100	35,0±4,8	43,0±5,0	113	I	110-159	6,0±2,4 =
k-135	<i>v.coerulescens</i>	100	22,0±4,1	22,0±4,1	66	III	44-67	6,0±2,4 =
k-137	<i>v.hordeiforme</i>	100	28,0±4,5	22,0±4,1	78	II	71-103	22,0±4,1 -
k-138	<i>v.hordeiforme</i>	100	19,0±3,9	56,0±5,0	94	II	71-103	12,0±3,2 =
k-3	<i>v.leucurum</i>	100	24,0±4,3	51,0±5,0	99	II	71-103	6,0±2,4 =
k-8	<i>v.hordeiforme</i>	100	25,0±4,3	50,0±5,0	100	II	71-103	13,0±3,2 =
k-9	<i>v.hordeiforme</i>	100	28,0±4,5	25,0±4,3	81	II	71-103	8,0±2,7 =
k-13	<i>v.mutico-hordeiforme</i>	100	22,0±4,1	22,0±4,1	66	III	71-103	4,0±2,0 =
k-18	<i>v.murciense</i>	100	28,0±4,5	20,0±4,0	76	II	71-103	8,0±2,7 =
k-22	<i>v.affine</i>	100	25,0±4,3	19,0±3,9	69	III	44-67	28,0±4,5 -
k-23	<i>v.murciense</i>	100	24,0±4,3	19,0±3,9	67	III	44-67	4,0±2,0 =
k-29	<i>v.hordeiforme</i>	100	25,0±4,3	69,0±4,6	119	I	110-159	6,0±2,4 =
k-35	<i>v.melanopus</i>	100	35,0±4,8	56,0±5,0	110	I	110-159	58,0±4,9 -
k-39	<i>v.apulicum</i>	100	23,0±4,2	66,0±4,7	112	I	110-159	5,0±2,0 =
k-42	<i>v.coerulescens</i>	100	20,0±4,0	55,0±5,0	95	II	71-103	36,0±4,8 -
k-43	<i>v.mutico-coerulescens</i>	100	28,0±4,5	55,0±5,0	111	I	110-159	22,0±4,1 -
k-45	<i>v.mutico-lybicum</i>	100	23,0±4,2	44,0±5,0	90	II	71-103	4,0±2,0 =
k-48	<i>v.niloticum</i>	100	40,0±4,9	30,0±4,6	110	I	110-159	32,0±4,7 -
k-54	<i>v.obscurum</i>	100	30,0±4,6	13,0±3,4	73	II	71-103	3,0±1,7 =
k-56	<i>v.albo-obscurum</i>	100	21,0±4,1	67,0±4,7	109	I	110-159	8,0±2,7 =

Kataloq №-si	Nümunələrin adı və növmüxtəlifliyi	Cücərmə, %-lə			Ümumi quraqlığa davamlılıq indeksi	Quraqlığa davamlılıq qrupu	Qrupda indeksin intensivliyinin dəyişməsi	Duz stresindən sonra cücərmə, %-lə
		Suda	Saxaroza məhlulunda	İstilik faktorundan sonra				
k-64	<i>v.albo-provinciale</i>	100	30,0±4,6	78,0±4,1	138	I	110-159	16,0±3,7 -
k-73	<i>v.lybicum</i>	100	24,0±4,3	26,0±4,4	74	II	71-103	4,0±2,0 ≡
k-19	<i>v.murciense</i>	100	23,0±4,2	76,0±4,3	122	I	110-159	24,0±4,3 -
k-47	<i>v.coerilenscens</i>	100	24,0±4,3	51,0±5,0	99	II	71-103	26,0±4,4 -



Şəkil 1. Müxtəlif mənşəli bərk buğda genotiplərinin saxaroza məhlulunda cücərmə qabiliyyətinə görə qruplaşması



Şəkil 2. Müxtəlif mənşəli bərk buğda genotiplərinin istilik stresindən sonra cücərmə qabiliyyətinə görə qruplaşması.

da orta davamlı genotiplər yerləşmişlər: St Bərəkətli-95; k-42 v. *coerulescens*, k-43 v. *mutico-coerulescens*, k-87 v. *melanopus*, k-111 v. *apulicum*, k-8 və k-138 v. *hordeiforme*, k-35 v. *melanopus* və başqaları. Bu genotiplərin istilik faktorundan sonra cücərmə qabiliyyəti 26,0 - 37,0 % olmuşdur.

Beləliklə, toxumların quraqlıq, istilik, duz streslərindən sonra cücərmə qabiliyyətinə görə qiymətləndirilməsi metoduna əsasən hər 3 stressə davamlı 7 nümunə - K-5 v. *leucomelan*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme* və Bərəkətli-95 standart sortu seçilmişdir.

Tədqiqatlarımızda quraqlığa, istiliyə və duza davamlı kimi qiymətləndirilən nümunələr seleksiyaçıları üçün başlanğıc material kimi yararlı olub, şoran və quraq zonalarda əkilə bilirlər.

## ƏDƏBİYYAT

- Abbasov M.A. (2008) Diploid və tetraploid buğda genotiplərinin quraqlıq və duzluluq streslərinə davamlılığı və tolerantlığın fizioloji genetik əsasları. Bakı, 180 s.
- Əliyev R.T., Abbasov M.A., Rəhimli V.B. (2014) Stres və bitkilərin adaptasiyası. Bakı: Elm, 348 s.
- Осипов Ю.Ф., Каленич В.И. (1980) Оценка засухоустойчивости пшеницы на ранних этапах ее развития. Физиология зерновых культур в связи с задачами селекции// Сб. научных трудов. Вып. 23., Краснодар, с.88-95
- Удовенко Г.В., Синельникова В.Н., Давыдова Г.В. (1988) Оценка солеустойчивости растений. (Диагностика устойчивости к стрессовым воздействиям – Методическое руководство). Л., с. 85-87.

### ОПРЕДЕЛЕНИЕ СТЕПЕНИ УСТОЙЧИВОСТИ ОБРАЗЦОВ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ (*T. Durum* Desf.) К СТРЕССОВЫМ ФАКТОРАМ ЛАБОРАТОРНО-ДИАГНОСТИЧЕСКИМИ МЕТОДАМИ

\*Ш.И.Гаджиева, Х.Ш.Абышева, Р.Т.Микаилова, Э.С.Гаджиев, С.А.Мамедова

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Целью исследования было определение устойчивости различных генотипов твердой пшеницы к засухе, засолению и повышенной температуре по показателям всхожести семян. В соответствии со способностью семян прорасти в воде, в растворе сахарозы (20 атм), после теплового воздействия, в солевом растворе (0,3 М), определены высоко устойчивые, среднеустойчивые и неустойчивые образцы. Термоустойчивость зародышевой плазмы определяли по способности семян прорасти после содержания их при 54°C в термостате в течение 25 минут. Материалом для исследований служили 49 образцов 24 разновидностей твердой пшеницы, хранящиеся в Национальном Генбанке. На основании физиологических параметров характеризующих устойчивость к стрессам 7 образцов проявили себя засухоустойчивыми (K-5 v. *leucomelan*; K-35 v. *melanopus*; K-40 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-87 v. *melanopus*, K-134 v. *murciense*), 15 – солеустойчивыми (Карабах; Берекетли-95; K-5 v. *leucomelan*; K-19 v. *murciense*; K-22 v. *affine*; K-35 v. *melanopus*; K-42 v. *coerulescens*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-47 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-52 v. *obscurum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme*) и 14 образцов оказались устойчивы к воздействию повышенной температуры (K-3 v. *leucurum*; K-5 v. *leucomelan*; K-8 v. *hordeiforme*; K-19 v. *murciense*; K-29 v. *hordeiforme*; K-44 v. *mutico lybicum*; K-63 v. *alboprovinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-87 v. *melanopus*; K-88 v. *apulicum*; K-111 v. *apulicum*; K-128 v. *erythromelan*; K-133 v. *niloticum*; K-138 v. *hordeiforme*). К трем стрессам одновременно устойчивыми оказались 7 образцов: K-5 v. *leucomelan*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme* и сорт Берекетли-95. Наиболее устойчивым проявил себя

образец К-5 в. *leucomelan*.

**Ключевые слова:** пшеница, стресс, устойчивость, засуха, повышенная температура, засоление, всхожесть

**DETERMINATION OF RESISTANCE DEGREE TO STRESS FACTORS BASED ON  
LABORATORY DIAGNOSTICS METHOD FOR  
ACCESSIONS OF DURUM WHEAT (*T.durum* Desf.)**

**\*Sh.I.Hajiyeva, Kh.Sh.Abishova, R.T.Mikayilova, E.S.Hajiyev, S.A.Mammadova**

*Genetic Resources Institute of ANAS*

The aim of the study was to determine the resistance of various durum wheat genotypes to drought, salinity and high temperature by seed germination indicators. In accordance with the ability of seeds to germinate in water, in a sucrose solution (20 atm), after heat exposure, in a salt solution (0.3 M), highly resistant, moderate-resistant, and not resistant samples were determined. The heat resistance of the germplasm was determined by the ability of the seeds to germinate after keeping them at 54 ° C in a seed germination chamber for 25 minutes. The research material was 49 samples of 24 botanical varieties of durum wheat stored in the National Genebank. Based on the physiological parameters characterizing stress resistance, 7 samples proved to be drought tolerant (K-5 v. *leucomelan*; K-35 v. *melanopus*; K-40 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-87 v. *melanopus*, K-134 v. *murciense*), 15 - salt tolerant (Garabagh; Bereketli-95; K-5 v. *leucomelan*; K-19 v. *murciense*; K-22 v. *affine*; K-35 v. *melanopus*; K-42 v. *coerulescens*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-47 v. *coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-52 v. *obscurum*; K-64 v. *albo-provinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme*) and 14 samples were resistant to high temperature (K-3 v. *leucurum*; K-5 v. *leucomelan*; K-8 v. *hordeiforme*; K-19 v. *murciense*; K-29 v. *hordeiforme*; K-44 v. *mutico lybicum*; K-63 v. *alboprovinciale*; K-66 v. *reichenbachii*; K-87 v. *melanopus*; K-88 v. *apulicum*; K-111 v. *apulicum*; K-128 v. *erythromelan*; K-133 v. *niloticum*; K-138 v. *hordeiforme*). 7 samples were simultaneously resistant to three stresses: K-5 v. *leucomelan*; K-43 v. *mutico coerulescens*; K-48 v. *niloticum*; K-66 v. *reichenbachii*; K-133 v. *niloticum*; K-137 v. *hordeiforme* and Bereketli-95 variety. The most resistant sample was K-5 v. *leucomelan*.

**Keywords:** wheat, stress, resistance, drought, high temperature, salinity, germination

# **BİOKİMYA**

## **BIOCHEMISTRY**



UDC 606

## FUNCTIONAL ANNOTATION OF A LACCASE FROM *PLEUROTUS ERYNGII* WITH COMPARATIVE MODELLING

F.Z.GURBANOVA

University of Bologna, Italy, Bologna, BO40126, Via Zamboni, 33

fidan.gurbanova@studio.unibo.it

Fungal laccases are oxidoreductases, that have high biotechnological potential in different industries, such as soil bioremediation, pulp delignification or organic synthesis, as well as involved in lignin degradation. A poorly annotated laccase from *Pleurotus eryngii* was selected for functional annotation by comparative modelling and it is performed with richly annotated and structurally well-defined laccase from *Trametes versicolor*. After creating a suitable model for a given target sequence, final step is to assign whether transferring GO (Gene Ontology) terms from template to the target is reasonable or not. Besides the high sequence identity and very similar structure, model 2 shows positional conservation of the most relevant residues and geometrical restrains which remarked in the original crystallographic publication of the template. Regarding the fact, the model contains four copper atoms with similar geometry of coordination, the Cysteines that present in the disulfide bonds, also additional axial ligand Phenylalanine is the same position (463) with 1GYC and specially the His-Cys-His tripeptide that binds T1 and T2/T3 copper clusters is conserved. The presence of this tripeptide is highly conserved in Blue Multicopper Oxidases, which is responsible for the electron funneling from the uppermost oxidation site (T1) to the T2/T3 copper cluster. It is worthwhile to mention that the distance between T1 site with trinuclear cluster is almost the same (12.05 Å in the Model 2 and 12 Å in the 1GYC). Considering all mentioned parameters and stereochemical qualities, we can infer that generated model has equal working conformation with the template. Alongside that, both laccases are retrieved from the fungi, means that they are involved in same biological environment and processes. The procedure of building by homology is resulted by obtaining high-quality model and successful transfer of GO terms from *Trametesversicolor* laccase to the *Pleurotus eryngii* laccase.

**Keywords:** laccase, fungi, Gene Ontology

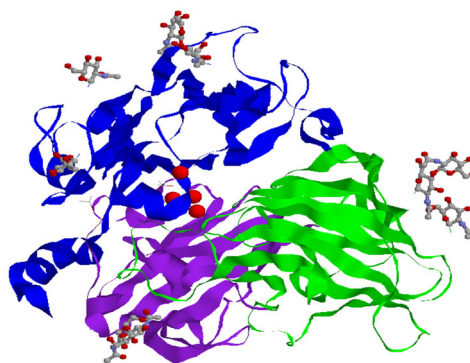
## INTRODUCTION

Laccases (benzenediol: oxygen oxidoreductase, EC 1.10.3.2) are protein family which constitute the biggest subfamily of blue multicopper oxidases. These enzymes catalyse a reaction of oxidoreduction where the one electron oxidation of four reducing substrate molecules accompanying with four electron reduction of molecular oxygen to water (Sirimet al., 2011). Laccases are cuproenzymes that oxidize a wide variety of organic and inorganic substrates including ketones, phosphates, ascorbate, amines, lignin but preferably phenolic compounds. This group of proteins are present in fungi, plants, insects, bacteria, moreover they are beneficial biocatalysts in several fields, such as textile, pulp, paper, food application, bioremediation and organic synthesis (Rukmankesh M. et al., 2018). Thus, there is enough interest to fully characterize them in both structural and functional aspects.

In overall, the laccase from *Trametes versicolor* (TvL, PDB ID: 1GYC, UniProt entry:

Q12178) has monomeric structure, organized by three sequentially arranged domains (Figure 1). The active site of the TvL contains four copper (Cu) atoms, organized in two clusters of three different Cu binding sites (Piontek, Antorini, Choinowski, 2002). Single Type 1 (T1) site contains one copper atom is placed where the substrate is oxidized and a trinuclear Type 2 (T2) and Type 3 (T3) cluster is consist of 3 copper atoms where oxygen is activated and reduced. The mononuclear copper of the T1 site buried in domain 3, around 6.5 Å below the surface, hence it is reasonable to assume that T1 copper is the primary electron acceptor. T1 copper is linked to the trinuclear cluster by a His-Cys-His tripeptide and the closest distance between T1 and T2/3 coppers is approximately 12 Å. Furthermore, it is prevalent in T1 centers to find methionine residue as an additional axial ligand, however in the TvL case there is a phenylalanine in this position (Phe463). The trinuclear copper center of TvL is situated between domains 1 and 3, these coppers lie in the same plane and organized in a nearly perfect triangle with a 3.85 Å mean distance (Piontek, Antorini, Choinowski, 2002).

The laccase from the *Pleurotus eryngii* (PeL, UniProt accession number (AC): B0JDP9) is poorly annotated for the time being, there is merely experimental evidence of its existence at the transcript level. Thus, the aim of the present study is to functionally annotate the PeL laccase by means of homology modelling and depict the procedures of building three-dimensional (3D) structure of this entry.



**Figure 1. Ribbon diagram of TvL.** The structural representation of domains in different color coding, Domain1- purple, Domain2- green and Domain3- blue, Copper clusters with red color and attached N-acetyl-D-glucosamine groups by CPK color.

## MATERIAL AND METHODS

### Databases

For the procedure of comparative modelling some databases are utilized. Foremost, current annotation score and the target sequence (UniProt AC: B0JDP9, release 2019\_11) were retrieved from freely accessible Universal Protein Resource UniProt (The UniProt Consortium). Information regarding the 3D structure of biomolecules, ligand information and sequence of the template were retrieved from Protein Data Bank (The Protein Data Bank )(PDB ID: 1GYC, release 2019\_11). At last, Ramachandran plot and summary of the information for TvL were retrieved from PDBsum (PDBsum, 2013).

### Computational methods

Primarily, to search for a suitable template, the Basic Local Alignment Search Tool (BLASTp v. 2.9.0+) implementation of UniProt was performed against the PDB database. BLASTp (UniProt BLASTp) is a database searching tool, based on a heuristic algorithm that takes a query sequence as an input and makes possible to get entries with similar sequences from a whole database, in a reasonably short time.

Secondly, Global sequence alignment from the target to the template was carried out by

using LALIGN (E. B. R. Portal, LALIGN, 2019) web server. Given two sequences, LALIGN can perform pairwise local and global sequence alignments using the dynamic programming algorithms, Smith-Waterman for local and Needleman-Wunsch for global alignment respectively. Additionally, when local alignment is computed, it is also possible to choose not only the best alignment but some sub-optimal alignments as well.

The next step was obtaining putative structures by Modeller (v.9.23) (Sali A. Modeller), which is a computational program particularly designed for building by homology operations. The models are based on the idea of satisfaction spatial restrains and this methodology is critical to derive an accurate and biologically useful predictions (Sali, Blundell, 1993). To make an input for Modeller, the alignment of the template and the target in a PIR format, besides PDB file of the template is required. The output of the program is three-dimensional models (amount is asked by user) of the target sequence.

Java implementation of Combinatorial Extension (jCE, v.2.1) (Shindyalov, Bourne, 1998) is a program that carries out structural superimposition of all models against the template. Once we get the structural superimposition, the pairwise sequence alignment derived and relevant statistics for the quality assessment of the models.

PROCHECK (PROCHECK) (v.3.5) ExPaSy server program was used to fetch Ramachandran plot of the best model which also returns several outputs including main-chain bond angles, length plots and others.

At last, the molecular visualization software named RasMol (v.2.7.5) (RASMOL) is used to measure necessary distances of coordination bonds from active site and visualize other important features of the template and the model.

## **RESULTS AND DISCUSSION**

### **Template selection**

In order to select a potential template for homology building, the query sequence of B0JDP9 was browsed with BLASTp (protein-protein BLAST, v.2.9.0+) and the following parameters are used for the search: BLOSUM62 scoring matrix, threshold for the expectation value was 0.1, gaps participation permitted. Once we obtain results, further step was picking up the most appropriate entry, that is why some specific constrains were considered:

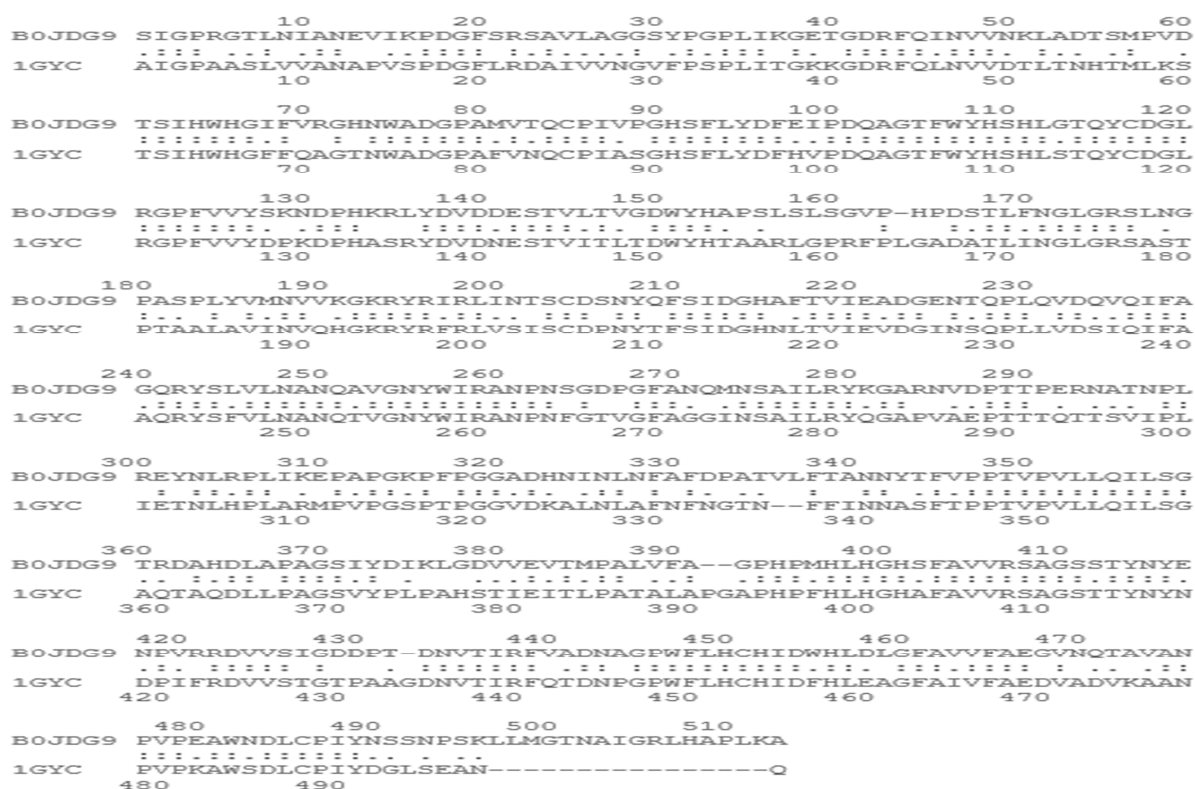
- High coverage with the target
- High sequence identity, minimum 30% for alignment length at least 250 amino acid residues
- High resolution (Crystal structure of a protein only available when electron density map is calculated, also enables us to have atom conformation clearly)
- High annotation score

We obtained several results from search, afterwards we selected proteins those status was marked as reviewed (Swiss-Prot), so manually curated entries. We had 5 results to consider with the sequence identity between 30.5 to 62 percentage. Since Q12178 was the one which has highest coverage (519), sequence identity (62.0%) and score (1634) among all of them. Furthermore, a satisfactory resolution X-ray resolved structure was 1.9 Å and the presence of four copper atoms were available. Thus, Q12178 was selected as the best candidate and associated to the 1GYC PDB entry.

### **LALIGN**

After template selection, a pairwise global alignment with Needleman-Wunsch algorithm of the target sequence against the template was performed by using the web server LALIGN. The following parameters are adjusted: scoring matrix BLOSUM50, E-value threshold was 10.0, opening and extending gap penalties were in order -12 and -2. The outcome indicates in the

Figure 2.



**Figure2.** Pairwise global sequence alignment from target to the template by LALIGN.

In this case, the template sequence is retrieved from PDB, whilst the target sequence is retrieved from UniProt and the main difference between two sequences is the presence of 20 amino acid signal peptide at the N-terminus of target sequence. This peptide does not exist in the PDB entry, because It is not present in the active enzyme, hence it is cleaved during crystallization. The alignment is resulted with 59.0% identity and 79.7% similarity between two sequences, here similarity is higher that identity because of some residues are not exactly same, just similar in terms of classification of the amino acid residues according to the chemical and physical properties.

**Modeller at work**

**Input preparation**

At first, the text file obtained from previous procedure containing pairwise global alignment was converted to the PIR format. As it is depicted in the Figure2, template sequence contains gap and Gln499 at the end, which is removed, as well as corresponding residues were deleted from the target sequence. Due to those residues located enough far away from the active site, they reasonably can not have impact on function of the enzyme. Alongside the PIR file, PDB file of the template is required as an input for the Modeller, hence corresponding positions of Gln499 were removed from PDB file and renumbered as a final step.

**Model quality assessment**

Five different models were generated and indeed, all models returned by Modeller are reasonably good, yet we should choose the best option among them. In order to do that, molecular probability density and DOPE score from Modeller, RMSD (Root Mean Square Deviation) and structural superimposition from model to the template by jCE and Ramachandran Plot by PROCHECK was carried out and considered.

In fact, Modeller returns us summing table which covers 3 values and RMSD value and sequence alignment was obtained from structural superimposition, and all results are summarized in Table 1.

**Table 1.** jCE-calculated RMSD (Å) of the template and the target, and MODELLER molpdf and DOPE score values for all 5 models generated.

	<b>Molpdf</b>	<b>DOPEscore</b>	<b>RMSD (Å)</b>
<b>Model 1</b>	3602.29688	-57239.14062	0.26
<b>Model2</b>	3328.70459	-57901.96875	0.26
<b>Model3</b>	3850.48364	-57815.37109	0.30
<b>Model4</b>	3672.39355	-58051.73828	0.27
<b>Model5</b>	3411.36499	-57943.47266	0.26

*molpdf* – is a regular scoring function which is very precise for a given set of restrains, basically total of all restrains plus minimizes the objective function with respect to the Cartesian coordinates.

*DOPE score* – Discrete Optimized Protein Energy, no relative unit, just negative numbers. Also, can be regarded as an internal energy that is related to the stabilization of the protein.

Therefore, most negative DOPE score and the lowest molpdf was considered for the most probable model.

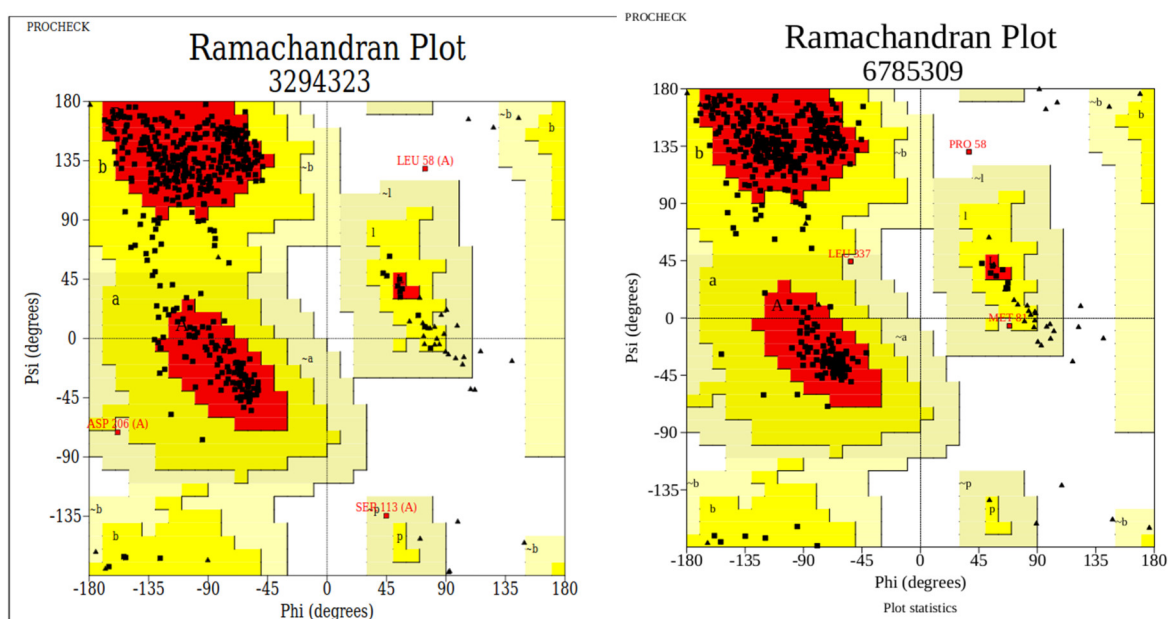
*GA341 score* – is the value always in a range from 0.0 (worst) to 1.0 (native-like). In our case this score is same for all models and equal to the 1.

Another selection criterium is a lower value of RMSD which means Root Mean Square Deviation at the level of backbone, in fact, it is a distance between two backbones which is the information about structural similarity from model to the template.

For the further assessment the quality of models, PROCHECK server was utilized to generate Ramachandran plot for each model, which displays the overall stereochemical quality based on main properties and these all summarized in Table 2 and compared with the main Ramachandran plot (Prlić A., Bliven S. et al., 2010) of the template that was accessed in PDB sum, also was reproduced by using the PROCHECK server, see Figure 6.

**Table 2.** PROCHECK results for each model, displays percentage of residues in the favoured, allowed, generously allowed and disallowed regions.

	<b>Favoured (%)</b>	<b>Allowed (%)</b>	<b>Gen Allowed (%)</b>	<b>Disallowed (%)</b>
<b>Model 1</b>	90.0	9.3	0.2	0.5
<b>Model2</b>	91.5	8.0	0.5	0.0
<b>Model 3</b>	91.2	8.0	0.7	0.0
<b>Model 4</b>	89.3	10.5	0.2	0.0
<b>Model 5</b>	91.5	8.0	0.2	0.2



**Figure 6.** Main Ramachandran plot of 1GYC (left) and the best model, Model 2(right) generated using PROCHECK.

After scanning PROCHECK results, except for model 1 and 4, they have more than 90.0% residues in a favoured region, while model 4 has small RMSD value. Models number 2 and 5 are the ones with highest percentage of residues in the favoured region and alongside, model 2 has no residue in disallowed region.

After all, we are capable to confirm that model 2 is the best model of the target sequence, with given main parameters: the lowest molpdf and the most negative DOPE score given by Modeller, lowest RMSD of 0.26 Å, Z-score of 8.3%, a sequence identity of 61% given by jCE structural superimposition, see the Figure 4, higher than 90% of residues in a favoured region of the Ramachandran plot.

Following the analysis, RASMOL software was used to measure all the important geometrical/spatial characteristics of the template and selected model. The results of this step are shown in the Table 3.

**Table 3.** Atomic distances generated by RASMOL for the template and Model 2.

Position (1GYC)	Residues	Coppers	Distances in 1GYC (Å)	Distances in Model 2 (Å)
395	His	Cu 1	2.02	2.02
453	Cys	Cu 1	2.19	2.18
458	His	Cu 1	2.04	2.04
111	His	Cu 2	2.23	2.25
400	His	Cu 2	2.12	2.12
452	His	Cu 2	2.16	2.16
66	His	Cu 3	2.15	2.15
109	His	Cu 3	2.12	2.13
454	His	Cu 3	2.17	2.19
64	His	Cu 4	2.01	2.00
398	His	Cu 4	1.97	1.96

## Target annotation

Model 2 and the template was structurally superimposed by running jCE, see Figure 3 and pairwise sequence alignment derived from structural alignment, see Figure 4. The data about RMSD value (0.26 Å) and Z-score (8.30) means that Model 2 is not only at the level of backbone, also in the side chain orientation superimposed with 1GYC.



**Figure 3.** Structural superimposition of the selected target model (Model 2) against the template (1GYC)

Furthermore, if we make a comparison between the LALIGN output (Figure 2) and the sequence alignment retrieved from structural superimposition of Model 2 with template, we can observe that there is almost no difference existing.

```

■EQR:494Len1:498Len2:496score: 1380.12Z-score:8.30RMSD:0.26SeqID:61%SeqSim:71%Cov1:99%Cov2:100%
1:A  AI GPAASLVVANAPVSPDGFLRDAI VVNGVFPSPLI TGKKGDRFQLNVVDLT LNHTML KSTSI HWHGFFQ 70:A
1:   SI GPRGTLNI ANEVI KPDGFSRSAVL AGGSYPGPLI KGETGDRFQI NVVNKLADT SMPVDTSI HWHGIFV 70:

71:A  AGTNWADGPAFVNQCPI ASGHSFLYDFHVPDQAGTFWYHSHLSTQYCDGLRGPFEVVYDPKDPHASRYDVD 140:A
71:  RGHNWADGPAMVTQCPI VPGHSFLYDFEIPDQAGTFWYHSHLGTQYCDGLRGPFEVVYSKNDPHKRLYDVD 140:

141:A NESTVI TLT DWYHTAARLGPRFPL GADATLI NGLGRSASTPTAALAVI NVQH GKRYRFRLVSI SCDPNYT 210:A
141: DESTVLT VGD WYHAPSLSLSGVP- HPDSTLE NGLGRSLNGPASPLYVMNVVKGRYRIRLI NTSCDSNYQ 209:

211:A FSI DGHNLTVI EVDGI NSQPLLVD SI QI FAAQRYSFVLNANQTVGNYWI RANPNFGTVGFAGGI NSAI LR 280:A
210: FSI DGHAFTVI EADGENTQPLQVDQVQI FAGQRYSLVLNANQAVGNYWI RANPNSGDPGFANQMNSAI LR 279:

281:A YQGAPVAEPTTTQTTSVI PLI ETNLHPLARMPVPGSPTPGGVDKALNLA FNFGTM- - FFI NNASFTPPT 348:A
280: YKGARNVDPTTPERNATNPLREYNLRPLI KEPAPGKPEPGGADHNI NLNFAFDPATVLE TANNYTFVPPT 349:

349:A VPVLLQI LSGAQT AQDLLPAGSVYPLPAHSTI EI TLPATALAP GAPHPFHLHGHAFAVVR SAGSTTYNYN 418:A
350: VPVLLQI LSGTRDAHDLAPAGSI YDI KLGDVVEVTMPALVFA- - GPHPMHLHGHSFAVVR SAGSSTYNYE 417:

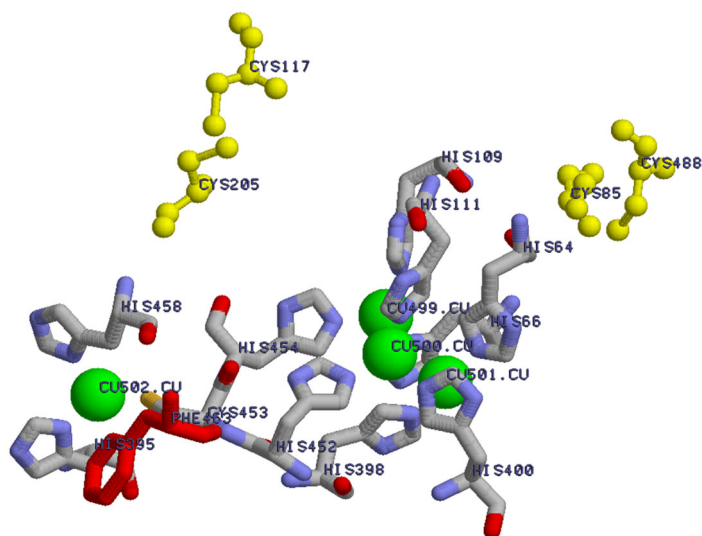
419:A DPI FRDVVSTGTPAA GDNVTI RFQTDNPGPWFLHCHI DFHLEAGFAI VFAEDVADVKAANPVPKAWS DLC 488:A
418: NPVRRDVVSI GDDP- TDNVTI RFVADNAGPWFLHCHI DWHLDLGFAVVEAE GVNQTAVANPVPEAWNDLC 486:

489:A PI YDGLSEAN 498:A
487: PLYNSSNPSK 496:
    
```

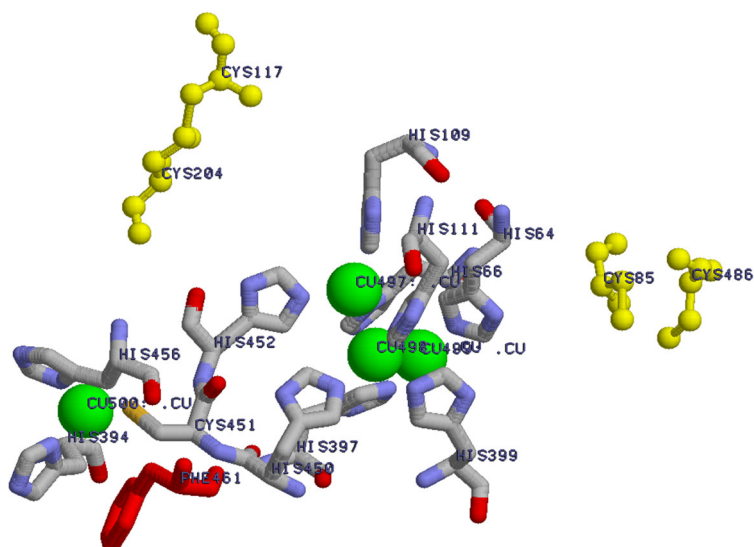
**Figure 4.** Sequence alignment derived from structural alignment of the selected model (Model 2) against the template (1GYC)

Indeed, this result was expected due to the high sequence identity between two entries.

On the other hand, RASMOL was used in order to verify the relevant atomic positions and distances among them.



**Figure 5.a.** Atomic coordination of active unit in 1GYC, generated by RASMOL with different color coding, copper atoms are displayed in green, Phe463 depicted in red, histidines and Cys453 are depicted with cpk color and disulfide atoms are shown with yellow color.



**Figure 5.b.** Atomic coordination of active unit in selected model (Model 2), generated by RASMOL with different color coding in the same way with previous one, copper atoms are displayed in green, Phe463 depicted in red, histidines and Cys453 are depicted with cpk color and disulfide atoms are shown in yellow.

As it is depicted in the Table 3, 4 and 5, they are slightly different, but more important, coppers and disulfide bridges are conserved. Only half of the asparagine residues are found in the same position in Model 2 with 1GYC. There is preservation of all histidines regulating the T2/T3 copper cluster, also His-Cys-His residues entails in ligation of T1 copper. The Phe463 also found around T1 copper in the Model 2.

Despite some differences are found in the atomic positions, it is possible to infer that there is a high sequence identity and significantly similar structures.



**Table 4.** Atomic distances of disulfide bonds in the template and Model 2, generated by RASMOL.

Residues	Position in 1GYC	Position in Model 2	Distances in 1GYC (Å)	Distances in Model 2 (Å)
Cys/Cys	85/488	85/486	1.98	2.04
Cys/Cys	117/205	117/204	2.04	2.03

**Table 5.** Glycosylation residues in the target (Model 2) against the template (1GYC) by JCE structural alignment.

Position in 1GYC	Residues in 1GYC	Residues in Model 2
54	Asn	Asp
217	Asn	Ala
251	Asn	Asn
333	Asn	Asp
341	Asn	Asn
436	Asn	Asn

## CONCLUSION

The aim of the present study was to functionally annotate a biological entity, generate appropriate structure through comparison with rich sequence identity. After creating a suitable model for a given target sequence, final step is to assign whether transferring GO terms from template to the target is reasonable or not. Besides the high sequence identity and very similar structure, model 2 shows positional conservation of the most relevant residues and geometrical restraints which remarked in the original crystallographic publication of the template (Rost, 1999). Regarding the fact, the model contains four copper atoms with similar geometry of coordination, the Cysteines that present in the disulfide bonds, also additional axial ligand Phenylalanine is the same position (463) with 1GYC and specially the His-Cys-His tripeptide that binds T1 and T2/T3 copper clusters is conserved. The presence of this tripeptide is highly conserved in Blue Multicopper Oxidases, which is responsible for the electron funneling from the uppermost oxidation site (T1) to the T2/T3 copper cluster. It is worthwhile to mention that the distance between T1 site with trinuclear cluster is almost the same (12.05 Å in the Model 2 and 12 Å in the 1GYC). Considering all mentioned parameters and stereochemical qualities, we can infer that generated model has equal working conformation with the template. Alongside that, both laccases are retrieved from the fungi, means that they are involved in same biological environment and processes. In conclusion, the following GO terms can be translated to the laccase from *Trametes versicolor* to the laccase from *Pleurotus eryngii*:

### Molecular function

- Copper ion binding – GO:0005507
- Hydroquinone: oxygen oxidoreductase activity – GO:0052716

## Biological process

- Lignin catabolic process – GO:0046274

## Cellular component

- Extracellular region – GO:0005576

## REFERENCES

- E. B. R. Portal, LALIGN** (2019) [Online]. Available: <https://embnet.vitalit.ch/software/LALIGNform.html>.
- PDBsum** (2013) European Bioinformatics Insitute, [Online]. Available: <http://www.ebi.ac.uk/thornton-srv/databases/cgibin/pdbsum/GetPage.pl?pdbcode=index.html> UniProt BLASTp (v. 2.9.0+), [Online]. Available: <https://www.uniprot.org/blast/>.
- Piontek K., Antorini M., Choinowski T.** (2002) Crystal structure of a Laccase from the fungus *Trametes versicolor* at 1.90-Å resolution containing a full complement of coppers. *J. Biol. Chem.* vol.277 no.40, pp.37663-37669, 4
- Prlić A., Bliven S., Rose P. W., Bluhm W. F., Bizon C., Godzik A., Bourne P. E.** (2010) Precalculated protein structure alignments at the RCSB PDB website // *Bioinformatics*, vol. 26, no. 23, pp. 2983-2985
- PROCHECK** (v. 3.5) University of California Los Angeles (UCLA), [Online]. Available: <https://servicesn.mbi.ucla.edu/PROCHECK/>.
- RASMOL** (v. 2.7.5.2), [Online]. Available: Downloaded from <http://www.openrasmol.org/>.
- Rost B.** (1999) Twilight zone of protein sequence alignments // *Protein Engineering*, vol. 12, no. 2, pp. 85-94
- Rukmankesh M., Muschiol J., Meyer A.S., Kepp K.P.** (2018) A structural-chemical explanation of fungal laccase activity," *Scientific Reports*, p. 17285
- Sali A., Blundell T.** (1993) Comparative protein modelling by satisfaction of spatial restraints // *J. Mol. Biol.* vol. 234, pp. 779-815
- Sali A. Modeller** (v. 9.23) [salilab.org](http://salilab.org), [Online]. Available: <https://salilab.org/modeller/>.
- Shindyalov I.N., Bourne P.E.** (1998) Protein structure alignment by incremental combinatorial extension (CE) of the optimal path. // *Protein Engineering*, vol.11, no.9, pp.739-747
- Sirim D., Wagner F., Wang L., Schmid R., Pleiss J.** (2011) **The Laccase Engineering Database: a classification and analysis system for laccases and related multicopper oxidases**
- The Protein Data Bank (PDB)** [Online]. Available: [rcsb.org](http://rcsb.org).
- The UniProt Consortium** (UniProt Release 2019\_11), National Institute of Health, [Online]. Available: <https://www.uniprot.org/>
- UniProt BLASTp** (v. 2.9.0+), [Online]. Available: <https://www.uniprot.org/blast/>.

## ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ АННОТАЦИЯ ЛАККАЗЫ ОТ *PLEUROTUS ERYNGII* СО СРАВНИТЕЛЬНЫМ МОДЕЛИРОВАНИЕМ

Ф.З.Гурбанова

*Болонский университет*

Грибковые лакказы представляют собой оксидоредуктазы, которые имеют высокий биотехнологический потенциал в различных отраслях промышленности, таких как биоремедиация почвы, делигнификация пульпы или органический синтез, а также участвуют в деградации

лигнина. Плохо аннотированная лакказа из *Pleurotus eryngii* была выбрана для функциональной аннотации с помощью сравнительного моделирования, которое выполнялось богато аннотированной и структурно четко выраженной лакказой от *Trametes versicolor*. После создания подходящей модели для заданной целевой последовательности последний шаг заключается в том, чтобы определить, является ли целесообразным перенос терминов GO (Gene Ontology) из шаблона в цель. Помимо высокой идентичности последовательности и очень похожей структуры, модель 2 демонстрирует позиционное сохранение наиболее значимых остатков и геометрических ограничений, которые отмечены в исходной кристаллографической публикации шаблона. Что касается факта, модель содержит четыре атома меди со схожей геометрией координации, цистеины, присутствующие в дисульфидных связях, также дополнительный аксиальный лиганд фенилаланин находится в том же положении (463), что и 1GYC и особенно сохраняется трипептид His-Cys-His, который связывает кластеры меди T1 и T2 / T3. Присутствие этого трипептида высоко консервативно в оксидазах Blue Multicopper, которые ответственны за электронную воронку от самого верхнего участка окисления (T1) до кластера меди T2 / T3. Стоит отметить, что расстояние между сайтом T1 с трехъядерным кластером практически одинаково (12,05 Å в модели 2 и 12 Å в 1GYC). Учитывая все упомянутые параметры и стереохимические качества, мы можем сделать вывод, что сгенерированная модель имеет равную рабочую конформацию с шаблоном. Наряду с этим обе лакказы извлекаются из грибов, что означает, что они вовлечены в одну биологическую среду и процессы. Процедура построения по гомологии обусловлена получением качественной модели и успешным переносом терминов GO из лакказы *Trametes versicolor* в лакказу *Pleurotus eryngii*

**Ключевые слова:** лакказа, грибы, Генная онтология

## MÜQAYISƏLİ MODELƏŞDİRMƏ İLƏ *PLEUROTUS ERYNGII*-DƏN ALINAN LAKKAZIN FUNKSIONAL ANNOTASIYASI

F.Z.Gurbanova

*Boloniya Universiteti*

Göbələk lakazaları torpaq bioremediasiyası, pulpa ayrılması və ya üzvi sintez kimi müxtəlif sahələrdə yüksək biotexnoloji potensiala malik olan, o cümlədən ligninin deqradasiyasında iştirak edən oksidoreduktazalardır. *Pleurotus eryngii*'nin zəif bir annotasiya edilmiş laksi müqayisəli modeləşdirmə ilə funksional not üçün seçilmiş və *Trametes versicolor*'-dan zəngin nota və quruluşlu şəkildə təyin edilmiş laksa ilə aparılmışdır. Verilən hədəf ardıcılığı üçün uyğun bir model yaratdıqdan sonra son mərhələ GO (Gen Ontology) şərtlərinin şablondan hədəfə ötürülməsinin məqsədəuyğun olub olmadığını təyin etməkdir. Yüksək identik ardıcılıq şəxsiyyəti və çox oxşar quruluşdan əlavə, 2-ci model, şablonun orijinal kristaloqrafik nəşrində qeyd olunan ən uyğun qalıqların və həndəsi tıxacların yerləşmə konservasiyasını göstərir. Həqiqətə gəlincə, model oxşar əlaqələndirmə həndəsəsi olan dörd mis atomunu ehtiva edir, disulfid bağlarında əlaqələrində mövcud olan Sisteinlər, əlavə eksenel ligand Fenilalanin 1GYC ilə eyni mövqedədir (463) və xüsusi olaraq bağlayan His-Cys-His tripeptidi. T1 və T2 / T3 mis qrupları qorunur. Bu tripeptidin mövcudluğu, ən yüksək oksidləşmə yerindən (T1) T2 / T3 mis qrupuna qədər elektron əyilməsindən məsul olan Mavi Multikopper Oksidazlarda çox qorunur. Qeyd etmək yerinə düşər ki, T1 ərazisi ilə trinü nüvə klasteri arasındakı məsafə demək olar ki, eynidir (Model 2-də 12.05 Å və 1GYC-də 12 Å). Bütün qeyd olunan parametrləri və stereokimyəvi keyfiyyətləri nəzərə alaraq, yaradılan modelin şablonla bərabər iş konformasiyasına malik olduğunu nəticə çıxara bilərik. Bununla yanaşı, hər iki lakazanın göbələklərdən alınması, eyni bioloji mühitdə və proseslərdə iştirak etdikləri deməkdir. Homologiyanın qurulması proseduru yüksək keyfiyyətli model əldə etmək və GO şərtlərinin *Trametes versicolor* lakazasından *Pleurotus eryngii* lakazasına uğurla ötürülməsi ilə nəticələnir

**Açar sözlər:** lakkaza, göbələklər, Gen Ontologiyası

UOT 581.17

## BƏZİ NAR SORTLARININ POMOLOJİ VƏ ANTIOKSİDANT XÜSUSİYYƏTLƏRİNİN TƏDQIQI

\*E.E.CƏFƏROVA b.ü.f.d., N.Ç.BAXŞIYEVA b.ü.f.d.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr., 155

shikhali1976@mail.ru

Azərbaycan mənşəli nar sortlarının qidalılıq dəyəri və biokimyəvi göstəricilərinin təyini zamanı Göy nar, Vələs və Şirin qırmızı nar sortlarının vegetativ (kök və yarpaq) və generativ (çiçək və meyvə) orqanlarının kimyəvi tərkibi tədqiq edilmiş morfometrik tədqiqat aparılmışdır. Tədqiq olunan Göy nar, Vələs və Şirin qırmızı nar sortlarının analizi Qaz xromatoqrafiya – kütlə spektrofotometrik metodlarla yerinə yetirilmişdir. Maddələrin eyniliyi NISI və Wiley standart mass – spektrometri, kitabxanadan istifadə edilərək müəyyən olunmuşdur. Müəyyən edilmişdir ki, tədqiq edilən sortların meyvələri fiziki göstəricilərinə, meyvənin ümumi kütləsinə, meyvə hissələrinin – qabıq, ara pərdə, gillərin nisbətində görə kəskin fərqlənir. Öyrənilmiş sortlarda meyvənin kütləsi 84,33 - 197,7 q, toxumun kütləsi 28,0 - 31,3 q arasında dəyişilir. Meyvədən alınmış şirədə quru maddənin miqdarı 12,0 - 15,0 % aktiv turşuluğu 3,29 – 4,09 (pH), antosianın miqdarı 0,255 – 0,628 mq (%), pektinin miqdarı 0,370 – 0,891 mq (%) arasında dəyişilir. Xromato – spektrofotometrik metodla meyvələrin antosian tərkibində sianidin – 3 – qlükozid, sianidin – 3,5 diqlükozid, delfinidin – 3 – qlükozid və delfinidin 3,5 – diqlükozid, katexin tərkibində katexin, epikatexin aşkar edilmişdir. Ləçəklərin antosian tərkibində yalnız pelarqonidin – 3 – qlükozid müəyyən edilmişdir. Müəyyən edilmişdir ki, Vələs, Şirin qırmızı və Göy nar sortlarının meyvələri qidalı və bioloji fəal maddələrlə zəngindir. 12,0 – 15,0%, üzvi turşu aktivlik (Ph) – 3,29 – 4,09, antosianlar 0,255 – 0,628%, pektin 0,370 – 0,891%, vitamin C 5,7 – 8,9 mq% arasında dəyişilir. Korrelyasiya analizi nəticəsində bəzi əlamətlər arasında yüksək və yüksək olmayan müsbət və mənfi əhəmiyyətli asılılıqların olduğu aşkarlanmışdır. Tədqiq edilmiş əlamətlər arasındakı müsbət və mənfi asılılıqlardan gələcəkdə bu əlamətlərin yaxşılaşdırılması istiqamətində aparılacaq seleksiya işlərində istifadə edilərsə yaxşı nəticələr əldə etmək olar.

*Açar sözlər:* *Punica granatum L., antosian, pektin, katexin, vitamin C, bioloji fəal maddələr*

### GİRİŞ

Təbii bitki ehtiyatının ətraflı və dərinədən öyrənilməsi, yeni əhəmiyyətli bitkilərin aşkar edilməsi, onların səmərəli istifadəsinin yeni texnologiyasını hazırlamaq və alınmış nəticələrin xalq təsərrüfatının bu və ya digər sahəsində istifadə edilməsinin müəyyənləşdirilməsi müasir dövrün əsas problemlərindəndir. Flavonoidlər, katexinlər, antosianlar P vitamini fəallığına malik olur, qan damarlarının elastikliyinə artırır, keçiriciliyini azaldır və hipertoniya, ateroskleroz, şüa zədələnmələrinin müalicəsində olduqca effektivdir (Afshar, 2011). Onlar P vitamininin fəallığı ilə yanaşı antiradikal, antioksidant, antimitogen, antikanserogen və başqa xüsusiyyətlərə də malikdir (Myстафаева, 2013; Ferrari, 2010; Pala, 2011; Valero et al., 2014). Nar müxtəlif xəstəliklərin müalicəsində, immunitetin yüksəldilməsində, qan təzyiqində tətbiq edilir. Narda insan orqanizmi üçün lazım olan zəruri vitaminlər, mineral maddələr, üzvi turşular, müxtəlif karbohidratlar və s. maddələr vardır. Respublikamızda meyvəçiliyin inkişafı haqqında qərar və tədbirlər müəyyən edilmişdir. Bu qərarla o cümlədən, subtropik meyvəçiliyin inkişafı tədbirləri müəyyən edilmişdir. Eyni zamanda nar bitkisinin sort tərkibinin də yaxşılaşması əsas məsələlərdən biridir. Qeyd etmək lazımdır ki, hal-hazırda meyvəçiliyin inkişafı respublikamızda əhalinin artan tələbatını təmin etmir. Əhalinin sayının artmasına baxmayaraq, adam başına

istehsal olunan meyvələrin miqdarı əhalinin artan tələbatına, qidalanma rasionunun quruluşu elmi əsaslanmış normalara cavab vermir. İnsanın enerji tələbatının 30%-i meyvə, giləmeyvə, tərəvəz və subtropik meyvələr hesabına ödənilir. Meyvə-tərəvəzlərdə bioloji fəal maddələr çoxdur. Onlarda şəkərlər, limon turşusu, tanin, kaliumun xlorlu birləşmələri, kalium, kalsium, natrium, dəmir, fosfor, maqnezium, manqan, şəkərlər, aşılayıcı maddələr, qılaq, kül, limon turşusu, qlukoza, protein, pektin, vitamin C, tiamin (vitamin B<sub>1</sub>), riboflavin (vitamin B<sub>2</sub>), bor turşusu, vitamin PP, yağ, nişasta, azotlu maddələr və mineral maddələr vardır. Narın meyvələrində 15 amin turşusu, o, cümlədən 6 əvəzəilməz amin turşusu- metionin, valin, miozin, treonin, fenilalanin, leysin vardır. Nar təzə halda istifadə edilir, narın bir çox sortları müalicə vasitəsi kimi də qədimdən tibbidə istifadə olunur. Nar *Pinicaceae* fəsiləsinə aiddir, bir cinsi, iki növü *P. protopunica* Balf. və *P. granatum* L. vardır. Nar birkisinin 400-dən artıq sortu vardır (Розанов, 1940). Bir çox sortlar isə hazırda yaxşı öyrənilməmişdir. Narçılığın əsas vəzifəsi nardan istifadənin müddətini uzatmaq və bütün bölgələrdə il ərzində əhalini nar məhsulu ilə fasiləsiz təmin etməkdən ibarətdir. Bu problemi həll etmək üçün onun əkin sahəsini genişləndirmək, çeşidini artırmaq, tezyetişən və gecyetişən, daşınmaya və saxlanmaya davamlı nar sortlarını becərmək məqsədəuyğundur. Bir çox təcrübə sahələrində narın yeni sort və formaları, aqroteknika öyrənilir, yerli şəraitə uyğun olan yeni sortlar yaratmaq üçün seleksiya işləri aparılır. Nar çox faydalı meyvələr sırasına daxildir. Nar meyvələrində orqanizmə lazım olan vitaminlər, mineral maddələr və həll olan karbohidratlar vardır. Narın dadı və həzm olma xüsusiyyətləri aşılayıcı və ətirli maddələrdən asılıdır. Nar haqqında yerli və xarici ədəbiyyat mənbələri çox azdır, olan məlumatlar isə nar və onun becərilməsinə aiddir. Narın kimyəvi tərkibi, aqrotekniki amillərin narın keyfiyyətinə təsiri və baş verən dəyişikliklər haqda ədəbiyyat məlumatları çox azdır. Respublikamızın hər bir bölgəsinin bitki sərvətlərinin öyrənilməsi və alınmış nəticələrin tətbiqi onun iqtisadi qüdrətinin yüksəlməsinə, xalqın güzarının yaxşılaşdırılmasına yönəldilməsi biologiya elminin qarşısında duran ən vacib problemlərdəndir. Ətraf mühitin çirklənməsi nəticədə bir çox xəstəliklərin, xüsusən son zamanlar daha geniş yayılmış ürək-damar, mədə-bağırsaq, əsəb sistemi xəstəliklərinin, bütün insanları narahat edən xərcəng xəstəliyinin, qeyri-normal uşaqların dünyaya gəlməsinin kütləviləşməsinə səbəb olmuşdur. Müəyyən edilmişdir ki, bitkilər bu xəstəliklərin yaranmasının qarşısını almağa və müalicə etməyə qadir olan bioloji fəal maddələrlə zəngindir. Subtropik birkilər içərisində nar ən qiymətli, əhəmiyyətli bitki olub, iqtisadi cəhətdən faydalıdır.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqatın obyektini olaraq Göy nar, Vələs və Şirin qırmızı nar sortlarının vegetativ (yarpaq) və generativ (çiçək, meyvə) orqanlarından istifadə edilmişdir. Analiz üçün istifadə olunmuş meyvələr tam formalaşmış, texniki və bioloji yetişkənlik fazalarını tamamlamışdır. Bitki materiallarının orqanoleptik analizi, çeşidlənməsi, analizə hazırlanması, quru maddənin, şəkərlərin, üzvi turşuların ümumi qəbul edilmiş metodlarla, C vitamini Abdunabi və digərlərinin modifikasiya edilmiş metoduna əsasən ekstraksiya edilmiş (Abdunabi et al., 1997; Шапиро, 1974), antosianlar meyvələrdən E.N. Novruzovun metodu ilə alınmış antosian cəmindən qrafik qurmaqla (Мустафаева, 2013; Новрузов, 2005; Шамсизаде, Новрузов, 1989), katexinlər isə V.A. Viqorov tərəfindən təklif olunmuş (Вигоров, 1972) çay katexinindən hazırlanmış qrafiklə müəyyən edilmişdir. Fərdi maddələr kağız, nazik qatlı, sütunlu xromatoqrafiya metodları ilə alınmışdır. Kağız xromatoqrafiya üçün FN-11,16, Wathman markalı, nazik və sütunlu xromatoqrafiya üçün silikagel КСК, Al<sub>2</sub>O<sub>3</sub>, talk, sellüloza və poliamid istifadə olunmuşdur. Fərdi maddələrin quruluşu, fiziki – kimyəvi xüsusiyyətləri xromatoqrafiya, spektroskopiya metodları ilə müəyyən edilmişdir. Maddələrin miqdarı KFK-2A, Specord və SF-18 spektrofotometrləri ilə təyin edilmişdir. Təcrübə sahəsində becərilən Göy nar, Vələs və Şirin qırmızı nar sortlarının vegetativ (yarpaq) və generativ (çiçək, meyvə) orqanlarının morfometrik tədqiqatı aparılmışdır.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

**Fiziki və kimyəvi xüsusiyyətləri.** Müəyyən edilmişdir ki, tədqiq edilən sortların meyvələri fiziki göstəricilərinə, meyvənin ümumi kütləsinə, meyvə hissələrinin – qabıq, ara pərdə, gilələrin nisbətində görə kəskin fərqlənir. Öyrənilmiş sortlarda meyvənin kütləsi 84,33-197,7 q, dənin kütləsi 28,0-31,3 q arasında dəyişir. Meyvədən alınmış şirədə quru maddənin miqdarı 12,0-15,0 % arasında olmuşdur. Tədqiq olunan meyvələrdə aktiv turşuluq 3,29-4,09 (pH) intervalında dəyişmişdir. Nar şirəsinin pH-ı vaxt keçdikcə artırmış və tam yetişmə mərhələsində maksimuma - 3,57-yə çatmışdır. Nəticələr ədəbiyyat məlumatlarına uyğundur (Al-Maiman S.A., Ahmad D., 2002). pH nar şirəsinin turş dadını xarakterizə edir (Cemeroglu et al., 1992). Meyvələr tam yetişdikdə onun pH-ı artır, yetişmiş meyvələr yaşıl yetişməmiş və yarım yetişmiş meyvələrə nisbətən daha az turş olur (Al-Maiman S.A., Ahmad D., 2002).

Tədqiq edilən nümunələrdə antosianin miqdarı 0,255 – 0,628 mq (%) arasında tərəddüd etmişdir. Meyvələrdə pektinin miqdarı 0,370 -0,891 mq (%) arasında dəyişmişdir. Xromato–spektrofometrik metodla meyvələrin antosian tərkibində sianidin – 3 – qlükozid, sianidin – 3,5 diqlükozid, delfinidin – 3 – qlükozid və delfinidin 3,5 – diqlükozid, katexin tərkibində katexin, epikatexin aşkar edilmişdir. Ləçəklərin antosian tərkibində yalnız sianidin 3 – qlükozid müəyyən edilmişdir. Müəyyən edilmişdir ki, Vələs, Şirin qırmızı və Göy nar sortlarının meyvələri qidalı və bioloji fəal maddələrlə zəngindir. Meyvələrdə C-vitamininin miqdarı 5,7 – 8,9 mq% arasında dəyişilir.

Linus və əməkdaşları nar meyvələrini tədqiq edərkən C vitamini tərkibində əhəmiyyətli dərəcədə fərqliliyin olduğunu müəyyən edərək, bunun araşdırılan nar növlərində 52,8-72,0 mq-a və qabıqlarda isə 76,8-dən 118,4 mq-a qədər təşkil etdiyini qeyd edirlər.

Meyvə və çiçəklərin morfometrik analizi nəticəsində çiçəklərin tac indeksinin 0,80-0,16, əmsalının 0,46-0,70, şirə çıxımının 28,0-31,0 intervalında dəyişməsi müəyyən edilmişdir (Cədvəl 1).

**Cədvəl 1.** Nar sortları meyvələrinin bəzi orqanoleptik və kimyəvi göstəriciləri

	<b>Göy nar</b>	<b>Şirin qırmızı</b>	<b>Vələs</b>
<b>MU (sm)</b>	5,07±0,9	5,8±0,8	4,9±0,3
<b>ME (sm)</b>	6,10±0,6	6,8±0,8	5,7±0,5
<b>MK (qr)</b>	171,0±43,3	197,7±70,4	92,3±21,8
<b>DU (sm)</b>	0,9±0,07	0,7±0,2	1,0±0,1
<b>DE (sm)</b>	0,6±0,11	0,6±0,1	0,7±0,1
<b>DÜÇ (qr)</b>	89,0±28,0	90,0±47,3	63,3±14,4
<b>TYƏU (sm)</b>	0,8±0,2	0,8±0,2	0,8±0,1
<b>TLS</b>	7,0±0,7	6±0,0	6,3±0,4
<b>TLU (sm)</b>	1,3±0,1	1,26±0,3	1,03±0,0
<b>Tİ</b>	0,16	0,14	0,16
<b>DK</b>	0,52	0,46	0,70
<b>ŞÇ (qr, 50 qr dənin)</b>	29,0±2,7	30,0±0,7	31±1,3
<b>Şirənin pH</b>	3,6±0,1	4,09±0,0	3,34±0,1
<b>Quru maddə - şirədə (Brix °C)</b>	15,0	13,0	12,0
<b>Qabığın rəngi</b>	Cəhrayı	Qırmızımtıl	Yaşımtıl cəhrayı
<b>Dənlərin rəngi</b>	Çəhrayı	Tünd qırmızı	Açıq qırmızı
<b>Şirənin dadı</b>	Turşməzə	Turşməzə	Turş
<b>Pektin mq%</b>	0.370	0,891	0,650
<b>Vitamin C</b>	5,7	8,0	8,9
<b>Antosianlar</b>	217,0	266,0	287,0

**Qeyd:** MU-meyvənin uzunluğu; ME-meyvənin eni; MK-meyvənin kütləsi; DU-dəninin uzunluğu; DE-dəninin eni; DÜK-dəninin ümumi kütləsi; TYƏU-tac yarpağı əsasının uzunluğu; TLS-tac ləçəyinin sayı; TLU-tac ləçəyinin uzunluğu; Tİ-tac indeksi; DK- dən kütləsi; ŞÇ-şirə çıxımı.

**Antoksidantların tədqiqi.** Müəyyən edilmişdir ki, ayrı-ayrı sortlar bioloji fəal və qidalı maddələrin miqdarına görə fərqlənirlər. Analiz edilmiş sortların meyvələrində antosianlar 217-287 mq/%, arasında dəyişilir. İlk dəfə olaraq tədqiq edilən sortların meyvələrindən xromatoqrafiya metodu ilə - 4 fərdi antosian, fiziki-kimyəvi və spektroskopik metodlarla onların eyniliyi müəyyən edilmişdir. Antosian cəminin əsas komponenti sianidin mono, sianidin diqlukozidləri və delfinidinmono, delfinidindiqlukozidləri təşkil edir. Ən çox antosian miqdarı Şirin qırmızı narsortunun meyvələrində müəyyən edilmişdir, 4 fərdi antosian - n müəyyən edilmişdir. Xromato-spektrofometrik metodla meyvələrin antosian tərkibində sianidin – 3 – qlükozid, sianidin – 3,5 diqlükozid, delfinidin – 3 – qlükozid və delfinidin 3,5 – diqlükozid müəyyən edilmişdir.

Antosianlar bitkinin meyvə və çiçəklərində olur. Qismən təmizlənmiş meyvə qabığı ekstraktını nar toxumlarının antosian tərkibi ilə müqayisə edərkən qabıqlarda yüksək miqdarda olan pelarqonidin-3-qlükozid və pelarqonidin-3,5-diqlükozidin gilələrdə az olduğu müəyyən edilmişdir. Həm toxumlarda, həm də meyvə qabığında sianidin-3-qlükozid və sianidin-3,5-diqlükozid aşkar edilmişdir. Bundan fərqli olaraq, nar şirəsindəki əsas antosian olan delfinidin-3-qlükozid və delfinidin-3,5-diqlükozid meyvə qabıqlarında aşkar edilməmişdir (Gabbasova, Abdurrazakova,1969). Çiçəklərdə pelarqonidin-3,5-diqlükozid olduğu müəyyən edilmişdir (Batta, Rangaswami, 1973). Antosianın miqdarının bitkinin böyüdüüyü yerə görə dəyişməsi, meyvələri saxladıqda azaldığı müəyyən edilmişdir (Gabbasova, Abdurrazakova,1969; Santagati et al., 1984). Adı çəkilən sortlarda antosian cəmindən 4 fərdi antosian ayrılmışdır. Ayrılmış maddələr şərti olaraq A, B, C, D antosianları kimi işarələnmişdir. Bu sortlardan alınan antosianlar cəminin turş mühitdə hidrolizindən 2 fərdi antosianidin alınmışdır. Həmin antosianidinlərin bəzi xromatoqrafik və spektral xarakteristikaları 2 sayılı cədvəldə verilmişdir. Alınan məlumatların və onların autentik nümunələrlə müqayisəsi əsasında ayrılan aqlikonlar sianidin və delfinidinlə eyniləşdirilmişdir.

**Cədvəl 2.** Ayrılan antosianidinlərin xromatoqrafik və spektroskopik xarakteristikaları

Antosianidinlər	Xromatoqrafik				
	Həllədiçi sistemlərdə Rf-in qiyməti			Ləkələrin rəngi	
	Forestal	Formik	Butanol-sirkə turşusu-su (BSTS)	Görünən işıqda	Ültrabənövşəyi (UB) işıqda
Antosianidin-1	0,49	0,22	0,57	Al qırmızı (məxməri)	Çəhrayı-bənövşəyi
Antosianidin-2	0,68	0,32	0,81	Qırmızı	Narıncı-qırmızı
	Spektroskopik				
	Udma maksimumu, nm				
	Tərkibində 0,1% HCl olan metanol	Tərkibində 0,1% HCl olan etanol	Etanol+6% AlCl <sub>3</sub>	E <sub>450</sub> /E <sub>max</sub>	
Antosianidin-1	535	545	533	19	
Antosianidin-2	520	530	520	19	

Turş mühitdə hidriloz edildikdə A və B antosianları sianidinə identik, C və D antosianları delfinidinə identik aqlikon verirlər. Bütün antosianların hidrolizatında D-qlükoza müşahidə edilmişdir.

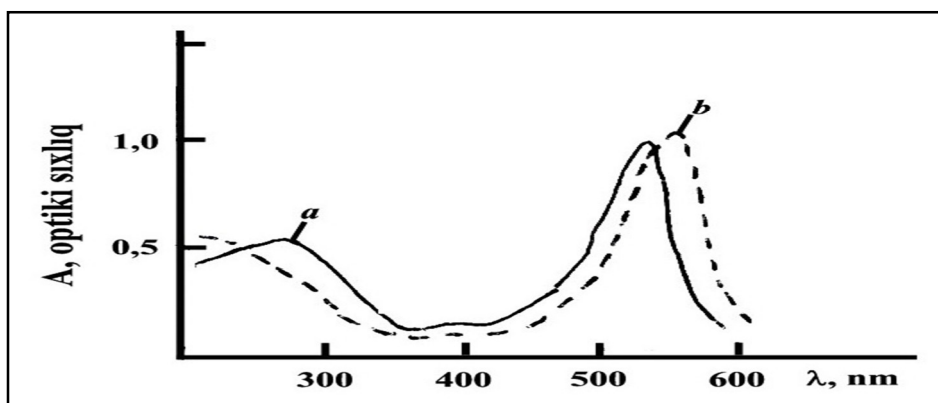
**Cədvəl 3.** Fərdi şəkildə alınan antosianidinlərin xromatoqrafik xarakteristikası

Antosianlar	Həllədiçi sistemlərdə Rf-in qiyməti			Ləkələrin rəngi	
	I	VI	II	Görünən işıqda	Ültrabənövşəyi (UB) işıqda
A	0,36	0,06	0,25	Fuksin	Tutqun-fuksin
B	0,26	0,19	0,42	“---”	Kükürdü-fuksin
C	0,28	0,17	0,41	“---”	“---”
D	0,43	0,14	0,35	Narıncı-qırmızı	Tutqun-narıncı

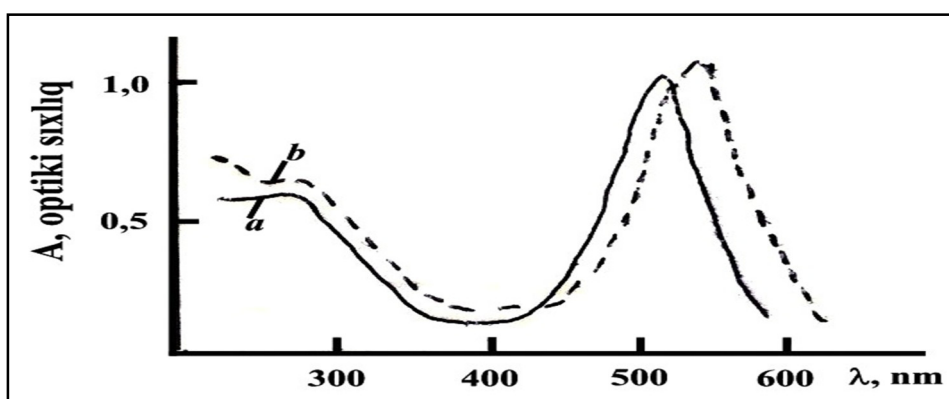
**Cədvəl 4.** Fərdi şəkildə alınan antosianidinlərin spektral xarakteristikası

Antosianlar	$\lambda_{\max}$ , nm			$E_{440}/E_{\max}$
	Metanolda	Etanolda	Etanol+AlCl <sub>3</sub>	
A	280,525	535	548	22
B	281,528	536	542	12
C	278,524	531	540	13
D	266,506	512	-	38

Beləliklə, xromatoqrafik və spektral (UB) analizlərin (Şəkil 1, 2), pilləli və fermentativ hidrolizin nəticələri əsasında onları autentik nümunələr və ədəbiyyat məlumatları ilə (Шапиро и др. 1974; Afshar, 2011; Ferrari, 2010) müqayisə edərək A antosiani sianidin-3-qlükozid, B – sianidin-3,5-diqlükozid, C- delfinidin-3-qlükozid, D – delfinidin, 3,5-diqlükozid kimi identifikasiya edilmişdir. Yetişişmiş meyvələrdən alınan antosian cəminin keyfiyyət tərkibinin xromato-spektroskopik analizi göstərmişdir ki, onlar ayrı-ayrı komponentlərin nisbətinə görə fərqlənirlər.



Şəkil 1. Sianidin UB spektri: *a* – sianidin, *b* – sianidin+AlCl<sub>3</sub>.



Şəkil 2. Sianidin-3-qlükozidin UB spektri: *a* – sianidin-3-qlükozid, *b* – sianidin-3-qlükozid+AlCl<sub>3</sub>.

**Katexinlərin tədqiqi.** Kağız xromatoqrafiya vasitəsilə nar sortlarının müxtəlif orqanlarının katexin tərkibi öyrənilmişdir. Tədqiqatın materialı olan nar sortları Azərbaycanda geniş yayılmışlar. Azərbaycanda 1 növü yayılmışdır və böyük ehtiyata malikdir. Bu bitkilər güclü kök sisteminin olması ilə fərqlənirlər. Bu bitkilərdən geniş istifadə edilməsinin başlıca səbəbi onların tərkibində müxtəlif vitaminlərin, P vitamini fəallığı göstərən fenol birləşmələrin və başqa bioloji fəal maddələrin olmasıdır. P vitamini fəallığına malik maddələrdən biri katexinlərdir. Katexinlər (flavon-3-ol) P vitamini fəallığına malik olduqları üçün şüa zədələnmələrinin kompleks müalicəsində əsas komponent kimi istifadə edilir. Müəyyən edilmişdir ki, katexin preparatı (katexin və



leykoantosian cəmi) antiblastomon və antiradiant aktivliyə malik olmaqla bəd xassəli şişlərin müalicəsində yaxşı effekt göstərir. Tədqiq edilən sortların katexinlərinin təyini zamanı müəyyən edilmişdir ki, analiz edilmiş növlərdə katexinlərlə ən zəngin orqan köklərdir. Aparılmış ilkin analizlər nəticəsində müəyyən edilmişdir ki, bitkilərin köklərindən alınmış katexin cəmində 4 katexin komponenti vardır. Alınmış xromotoqrafik və spektroskopik nəticələrin ədəbiyyat məlumatları (Алиев, 1962; Вигоров, 1972) və çay bitkisinin yarpaqlarından alınmış katexin cəminin xromotoqrafik nəticələri ilə müqayisəsi fərdi katexinlərin (+)-katexin, (-)-epikatexin, (-)-quersetin, (-), vanillin olduğunu müəyyən etməyə imkan vermişdir. Fərdi katexinlərin bəzi fiziki-kimyəvi xromotoqrafik və spektral xarakteristikası 6-cı cədvəldə verilmişdir. Kağız xromotoqrafiya vasitəsilə nar sortlarının müxtəlif orqanlarının katexin tərkibinin aparılmış ilkin araşdırması göstərdi ki, orqanlar katexin komponentlərinin miqdarına görə fərqlənilər, ən çox komponent (4 komponent) kökdə müəyyən edilmişdir (cədvəl 5).

**Cədvəl 5.** Nar bitkisindən alınmış katexinlərin bəzi xromotoqrafik və spektral göstəriciləri

№	Müxtəlif sistemlərdə maddələrin Rf-u		Maddələrin xromotoqramdakı rəngi			λmax. nm etanolda I sistem	Müəyyən edilmiş katexinlər II sistem
	I sistem	II sistem	UB işıqda	1 %-li vanilin məhlulunda	FeCl <sub>3</sub> və K <sub>3</sub> Fe (CH) <sub>6</sub> 1%-li məhlulu		
1	0.40	0.26	Rəngsiz	Narıncı-qırmızı	1	0.40	0.26
2	0.48	0.29	Bənövşəyi	Moruğu	2	0.48	0.29
3	0.57	0.31	Rəngsiz	Moruğu	3	0.57	0.31
4	0.66	0.12	Tünd-bənövşəyi	Moruğu	4	0.66	0.12

Müxtəlif orqanların katexin cəminin müqayisəli xromotoqrammasına, katexin komponentlərinin xromotoqrafiyadakı hərəkətinə və müxtəlif kompleks əmələ gətirici reaktivlərlə verdikləri rənglərə görə kökdə olan katexinlərin digər orqanlarda da toplanması, lakin xromotoqrammada alınmış ləkələrin rənglərinin intensivliyinə əsasən gövdədə, yarpaq və çiçəklərdə katexinlərin az toplanması müəyyən edilmişdir (Cədvəl 6).

**Cədvəl 6.** Katexin komponentlərinin orqanlar üzrə paylanması

Katexinlər	kök	gövdə	yarpaq	çiçək
Katexin	+	+	+	-
Epikatexin	+++	+	+	+
Quersetin	+	+	-	-
Vanillin	++++	+	+	+

**Qeyd:** (+) –tərkibində olduğunu, (-) - tərkibində olmadığını göstərir.

Aparılan tədqiqatlar göstərmişdir ki, nar bitkisinin tərkibi fenol təbiətli bioloji aktiv katexin maddələri ilə zəngindir, buna görə də bu bitkilər P vitamin preparatı almaq üçün xammal mənbəyi ola bilər.

**Korrelyasiya analizi.** İki əlamət arasındakı asılılığı müəyyən etmək üçün korrelyasiya analizindən istifadə edilmişdir (Cədvəl 7). Korrelyasiya analizi genotiplərin qiymətləndirilməsində ən əhəmiyyətli xüsusiyyətlər haqqında dəyərli məlumatlar verə bilər. Əhəmiyyətli dərəcədə korelyasiya göstərmiş əlamətləri müəyyən edərək bir əlamətə görə digəri haqqında əvvəlcədən proqnoz vermək olar və bu müvafiq genotiplərin seçimini asanlaşdırma bilər. Tədqiq olunmuş

əlamətlər arasında mənfi və müsbət asılılıqlar olmuşdur. Meyvənin eni ilə dəninin uzunluğu arasında mənfi əhəmiyyətli ( $r = -0.022$ ), meyvənin eni ilə aktiv turşuluq (pH) arasında müsbət yüksək əhəmiyyətli ( $r = 0.008$ ) asılılığın olması müəyyən edilmişdir. Dəninin uzunluğu əlaməti ilə meyvənin pH-ı arasında mənfi əhəmiyyətli ( $r = -0.03$ ) asılılıq olduğu aşkar edilmişdir. Toxumun kütləsi ilə əmsalı arasında da mənfi əhəmiyyətli ( $r = -0.021$ ) asılılıq olduğu müəyyən edilmişdir. Tac yarpağının əsasının uzunluğu ilə Tac indeksi arasında yüksək müsbət əhəmiyyətli ( $r = 0,00$ ) asılılığın olduğu görünmüşdür. Tac ləçəyinin uzunluğu ilə toxum əmsalı (və şirənin dadı əlamətləri arasında yüksək mənfi əhəmiyyətli ( $r = -0,00$ ) asılılıqlar olmuşdur.

Toxumun əmsalı ilə şirənin dadı əlaməti arasında müsbət yüksək əhəmiyyətli ( $r = 0,00$ ) asılılıq müəyyən edilmişdir. Tədqiq olunan şirə çıxımı əlaməti ilə qabığın rəngi və gilənin rəngi əlamətləri arasında müsbət yüksək əhəmiyyətli ( $r = 0,00$ ) asılılıq müəyyən edilmişdir. Şirədə quru maddənin miqdarı əlaməti ilə C vitamini arasında yüksək mənfi əhəmiyyətli ( $r = 0,00$ ), antosian arasında isə yüksək olmayan mənfi əhəmiyyətli ( $r = -0,023$ ) asılılıq aşkar edilmişdir. Qabığın rəngi əlaməti ilə gilənin rəngi əlaməti arasında yüksək müsbət əhəmiyyətli ( $r = 0,00$ ), C vitamini ilə antosian arasında yüksək olmayan müsbət əhəmiyyətli ( $r = 0,023$ ) asılılıqlar olduğu müəyyən edilmişdir. Tədqiq edilmiş əlamətlər arasındakı müsbət və mənfi asılılıqlardan gələcəkdə bu əlamətlərin yaxşılaşdırılması istiqamətində aparılacaq seleksiya işlərində istifadə edilərsə yaxşı nəticələr əldə etmək olar.

Cədvəl 7. Tədqiq edilmiş əlamətlərarası korrelyasiyası

	TU	TK	TLU	TI	TƏ	pH	QR	GR	ŞD	VC	Antosian
ME	<b>-0.999*</b>	0.798	0.778	-0.933	-0.778	<b>1.00**</b>	-0.359	-0.359	-0.778	-0.176	-0.14
	0.022	0.412	0.433	0.234	0.433	0.008	0.766	0.766	0.433	0.887	0.911
TU	1	-0.777	-0.756	0.945	0.756	<b>-0.999*</b>	0.327	0.327	0.756	0.143	0.106
		0.433	0.454	0.212	0.454	0.03	0.788	0.788	0.454	0.909	0.932
TE		<b>-0.999*</b>	<b>-1.00**</b>	0.5	<b>1.00**</b>	-0.786	0.866	0.866	<b>1.00**</b>	0.756	0.731
		0.021	0.00	0.667	0.00	0.425	0.333	0.333	0.00	0.454	0.478
TK		1	<b>0.999*</b>	-0.528	<b>-0.999*</b>	0.806	-0.849	-0.849	<b>-0.999*</b>	-0.734	-0.708
			0.021	0.646	0.021	0.404	0.354	0.354	0.021	0.475	0.499
TYƏU			0.50	<b>-1.00**</b>	-0.5	0.929	0.00	0.00	-0.5	0.189	0.225
			0.667	0.00	0.667	0.242	1.00	1.00	0.667	0.879	0.856
TLU			1	-0.5	<b>-1.00**</b>	0.786	-0.866	-0.866	<b>-1.00**</b>	-0.756	-0.731
				0.667	0.00	0.425	0.333	0.333	0.00	0.454	0.478
TI				1	0.5	-0.929	0.00	0.00	0.5	-0.189	-0.225
					0.667	0.242	1.00	1.00	0.667	0.879	0.856
TƏ					1	-0.786	0.866	0.866	<b>1.00**</b>	0.756	0.731
						0.425	0.333	0.333	0.00	0.454	0.478
ŞÇ						-0.371	<b>1.00**</b>	<b>1.00**</b>	0.866	0.982	0.974
						0.758	0.00	0.00	0.333	0.121	0.144
pH						1	-0.371	-0.371	-0.786	-0.189	-0.153
							0.758	0.758	0.425	0.879	0.902
QMŞ							-0.982	-0.982	-0.756	<b>-1.00**</b>	<b>-0.999*</b>
							0.121	0.121	0.454	0.00	0.023
QR							1	<b>1.00**</b>	0.866	0.982	0.974
								0	0.333	0.121	0.144
VC										1	<b>0.999*</b>
											0.023

## ƏDƏBİYYAT

Алиев Д.М. (1962) Черный гранат // Сов. субтропики, №11-12, с. 40-45

Вигоров Л.И. (1972) Определение различных форм катехинов в плодах и ягодах // Тр. IV

- Всесоюзн. семинара по биологически активным (лечебным) веществам плодов и ягод. Мичуринск, с. 310-322
- Мустафаева Л.А.** (2013) Содержание катехинов в плодах некоторых дикорастущих плодово-ягодных растений, произрастающих в Азербайджане //Химия растительного сырья, №3, с.187-193
- Новрузов Э.Н.** (2005) Антоцианы репродуктивных органов некоторых семейств флоры Азербайджана// Изв. НАН Азербайджана. Сер. биол. наук, № 5-6, с. 23-35
- Розанов Б.С.** (1940) Задачи и пути селекционной работы с гранатом на юге УзССР // ВНИИСС, с. 32-38
- Шамсизаде Л.А., Новрузов Э.Н.** (1989) Антоцианы плодов *Rubus caucasicus* L. // Раст. Ресурсы, т. 25, вып. 4, с. 571-577
- Шапиро Д.К., Дашкевич Л.Э., Довнар Т.В.** (1974) Определение флавонолов в черноплодной рябине и других окрашенных плодах // Интродукция растений и зеленое строительство. Под ред. Н.В.Смольский. Минск, с. 209-213
- Abdulnabi A.A., Emhemed A.H., Hussein G.D., Bi-acs P.A.** (1997) Determination of antioxidant vitamins in tomatoes. // Food Chem., vol. 60, p. 207
- AfsharMirzaei-Aghsaghali** (2011) Evaluating potential nutritive value of pomegranate processing by-products for ruminants using in vitro gas production technique // ARPN j. of Agricultural and Biological Science. vol. 6, № 6, p. 1—7
- Al-Maiman S.A., Ahmad D.**(2002) Changes in physical and chemical properties during pomegranate (*Punica granatum* L.) fruit maturation // FoodChemistry, vol. 76, p.437–441
- Batta A.K., Rangaswami, S.** (1973) Crystalline Chemical Components of Some Vegetable Drugs // Phytochemistry, vol.12, p. 214-16
- Cemeroglu B., Artik N., Erbas S.** (1992) Extraction and composition of pomegranate juice // Fluessiges-Obst, vol. 59 (6), p. 335–340
- Ferrari G.** (2010) The application of high hydrostatic pressure for the stabilization of functional foods: Pomegranate juice /G. Ferrari, P. Maresca, R. Ciccarone // J. Food Engineering, vol. 100, p. 245—253
- Gabbasova L.B., Abdurrazakova, S.K.** (1969) Chemical Composition of Pomegranate Juice // Izv. Vyssh. Ucheb. Zaved. Pishch. Tekhnol., № 4, p.30-31
- Pala G.** (2011) Effect of UV-C light on anthocyanin content and other quality parameters of pomegranate juice // J. of Food Composition and Analysis, p. 1- 6
- Santagati N.A., Duro R., Duro F.** (1984) Study on Pigments Present in Pomegranate Seeds // Riv. Merceol, vol. 23(2), p. 247-54
- Valero M., Vegara S., Marti N., Saura D.** (2014) Clarification of pomegranate juice at industrial scale // Food Process and Technology, vol. 5, p. 324—329

## ИССЛЕДОВАНИЕ ПОМОЛОГИЧЕСКИХ И АНТИОКСИДАНТНЫХ ОСОБЕННОСТЕЙ У НЕКОТОРЫХ СОРТОВ ГРАНАТА

**Е.Е.Джафарова, Н.Ч.Бахшиева**

*Институт генетических ресурсов НАНА*

При определении пищевой ценности и биохимических показателей сортов граната азербайджанского происхождения проведены химические и морфометрические исследования вегетативных (корни и листья) и генеративных (цветки и плоды) органов сортов красного граната «Гей нар», «Велес» и «Ширин гырмызы». Анализ исследованных сортов проводился методом хромато-масс-спектрофотометрии. Для выявления идентичности выявленных веществ масс-спектрофотометрии использовали данные библиотеки NISI и Wiley. Было обнаружено существ-

венное различие в физических показателях по общей массе плода, по частям плода: кожуре, перегородке, по размерам семян. У изученных сортов масса плода и масса семян варьирует в пределах соответственно 84,33-197,7 г и 28,0-31,3 г. Сок плодов содержит сухих веществ в пределах 12,0-15,0%, активных кислот (рН) – 3,29-4,09% антоцианов 0,255-0,628 мг (%), пектинов 0,370-0,851 мг (%), витамина С 5,7-8,9 мг (%). Методом хромато-масс спектрофотометрии в составе антоциана плодов были определены цианидин-3-гликозид, цианидин-3,5 диглюкозид, делфинидин-3-глюкозид и делфинидин-3,5-диглюкозид, в составе катехинов - катехин и эпикатехин. В антоцианах лепестков цветка обнаружен только пеларгонидин-3-глюкозид. Было определено, что у сортов граната «Велес», «Ширин гырмызы» и «Гей нар» плоды питательны и богаты перечисленными выше биологически активными веществами. Результаты корреляционного анализа показали высокую и невысокую положительную и отрицательную зависимость между некоторыми признаками. Выявленные зависимости могут быть использованы для улучшения этих признаков в результате дальнейших селекционных работ и достижения хороших результатов.

**Ключевые слова:** *Punica granatum L.*, антоциан, пектин, катехин, витамин С, биологически активные вещества

## STUDY OF PHOMOLOGICAL AND ANTIOXIDANT FEATURES IN SOME POMEGRANATE VARIETIES

**E.E.Jafarova, N.Ch.Bakhshiyeva**  
*Genetic Resources Institute of ANAS*

Determination of nutritional value and biochemical parameters of pomegranate varieties of Azerbaijani origin chemical and morphometric studies of the vegetative (roots and leaves) and generative (flowers and fruits) organs of the varieties “Geynar”, “Veles” and “Shirin gyrgyzy” were carried out. Analysis of the studied varieties was carried out by chromatography-mass spectrophotometry. For revealing of identity of the detected substances by mass spectrophotometry was used by the data from the NISI and Wiley libraries. A significant difference was found in physical indicators by the total weight of the fetus, by parts of the fetus: peel, septum, and seed size. In the studied varieties, the mass of the fetus and the mass of seeds varies between 84.33–19.7 g and 28.0–31.3 g, respectively. Fruit juice contains solids in the range of 12.0-15.0%, active acids (pH) - 3.29-4.09%, anthocyanins 0.255-0.628 mg (%), pectins 0.370-0.851 mg (%), vitamin C 5.7-8.9 mg (%). Cyanidin-3-glycoside, cyanidin-3,5 diglucoside, delphinidin-3-glycoside and delphinidin-3.5-diglucoside were determined by chromatography-mass spectrophotometry as part of the fruit anthocyanin, and catechins and epicatechins as part of catechins. In anthocyanins of flower petals, only pelargonidin-3-glycoside was found. It was determined that in the varieties of pomegranate “Veles”, “Shirin gyrgyzy” and “Gey nar”, the fruits are nutritious and rich in the biologically active substances listed above. The results of the correlation analysis showed a high and low positive and negative relationship between some signs. Identified dependencies can be used to improve these traits as a result of further breeding work and achieve good results.

**Key words:** *Punica granatum L.*, anthocyanin, pectin, catechin, vitamin C, biologically active substances

UOT 633:353.631.518.19

## AT PAXLASININ YERLİ VƏ İNTRODUKSIYA OLUNMUŞ NÜMUNƏLƏRİNDƏ ZÜLAL VƏ ƏVƏZOLUNMAZ AMİNTURŞULARININ TƏDQIQI

E.B.RƏFİYEV b.ü.f.d.

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr.,155

r.eldar39@mail.ru

Respublikanın ərazisi dənli paxlalı bitkilərlə çox zəngindir. Bu bitkilərin zülallarında əvəzolunmaz aminturşuların miqdarı daha çoxdur və əhalinin zülallara olan tələbatının təmin olunmasında əsas rol oynayırlar.

Milli Genbankda dənli paxlalı bitkilərdən at paxlasının çoxlu yerli və introduksiya olunmuş nümunələri toplanmışdır. Bu nümunələrin dənində biokimyəvi göstəricilərdən ümumi azot (x6,25 protein), triptofan və lizinin miqdarı tədqiq olunmuşdur.

Aparılan biokimyəvi analizlərin nəticəsindən aydın olur ki, at paxlası kolleksiya nümunələrinin toxumlarında proteinin miqdarı 23.56 – 28.62% arasında dəyişilir. Analiz olunan nümunələrin dənində proteinin miqdarı 3 nümunədə (FLİP15-069FB - 28.62%; FLİP15-083FB -28.00%; FLİP15-093FB - 27.93%) daha çoxdur.

Bununla yanaşı tədqiq olunan nümunələrin dənində əvəzolunmaz aminturşulardan triptofan və lizinin miqdarı öyrənilmişdir. Analizlərin nəticəsindən aydın olmuşdur ki, tədqiq olunan nümunələrin dənində triptofanın miqdarı 160-245 mq, lizinin miqdarı 634-968 mq (100 mq-da) arasında dəyişmişdir. Biokimyəvi analizlər nəticəsində tədqiq olunan nümunələr arasında triptofan və lizini yüksək olanlar aşkar edilmişdir. Triptofanı yüksək olan nümunələr: FLİP15-069FB - 240 mq; FLİP15-083FB – 253 mq, FLİP15-093FB - 245 mq, FLİP15-0,98FB – 230 mq (100q-da).

Lizini yüksək olan nümunələr: FLİP15-093FB – 927 mq, FLİP15-069FB – 968 mq, FLIP15-ICAWHITE – 895 mq, FLİP15-053FB – 927 mq, FLİP15-083 FB – 927 mq (100 q-da).

Beləliklə, aparılan biokimyəvi analizlər nəticəsində öyrənilən nümunələr arasında protein, lizin və triptofanın miqdarı yüksək olan 3 at paxlası nümunəsi (FLİP15-067FB, FLİP15-083FB, FLİP15-093FB) seçilmiş və onların seleksiya işlərində başlanğıc material kimi istifadə olunması tövsiyə edilir.

*Açar sözlər: azot, protein, triptofan, lizin, at paxlası*

## GİRİŞ

Paxla dəninin tərkibində zəngin zülal və yağlar olan bitki kimi, hələ eramızdan əvvəl mövcuddur. Çində və Aralıq dənizi ölkələrində paxla qida məhsulu kimi ta qədimdən istifadə edilmişdir. Paxla bitkisinin ən çox becərilmə sahələri Çin, Misir, Fələstin, İtaliya və Rusiyanın mərkəzi qaratorpaq vilayətləridir. Paxla dəninin kimyəvi tərkibi və yetişdirilməsi şərtləri daha çox rus alimləri tərəfindən, Misir, Türkiyə və İspaniyada tədqiq edilmişdir (Катюк, Шаболкина, 2018; Əmirov, 1968).

Paxlanın kimyəvi tərkibi, əsasən onun sort xüsusiyyətlərinə və becərilmə şərtlərinə görə müəyyən edilir (Тимохин, Аксенова, 2018).

Müxtəlif ədəbiyyat mənbələrinə əsasən at paxlası dənələrində zülallar yağdan 20-30 dəfə çoxdur ki, bu da onun zülalla zəngin xammal kimi istifadə edilməsinə geniş imkan yaradır. Paxla tərkibindəki zülalların miqdarına görə nəinki başqa kənd təsərrüfatı bitkilərindən, hətta ət, balıq, süd kimi heyvanat mənsəli məhsullardan da üstündür (Chavan, Kute, Kadam, 1989; Зверев, Никитина, 2017). Dənli paxlalı bitkilərin kimyəvi tərkibi ilə onların qidalılıq dəyərlərini müəyyən etmək olur. Qida mütəxəssisləri qidalılıq dəyərində əsaslandırılmış təxmini qiymət vermək üçün, adətən zülalın aminturşu tərkibini tədqiq edirlər. At paxlası zülalı, bioloji dəyərliyinə və balanslaşdırılmış aminturşu tərkibinə görə heyvani zülallara yaxın hesab edilir. Paxla dənələrindəki zülallar tərkibindəki əvəzolunmaz aminturşuların miqdarına görə müvafiq miqdarda olan inək südünün tərkibindəki bütün aminturşuların miqdarından qat-qat yüksəkdir (Гаврилюк, Сатбалдина, 1973). Bir sıra alimlərin tədqiqat işlərində göstərilir ki, dənli paxlalı bitkilərin dənində insan və heyvan orqanizmləri üçün lazım olan bütün əvəzolunmaz aminturşuları vardır (Молчанова, 2018).

Paxlada olan lizin, histidin, metionin, fenilalanin və triptofan kimi əvəzolunmaz aminturşuların miqdarı yumurta zülalında olduğuna yaxındır. Paxla zülalının ən vacib bioloji dəyər göstəricisi kimi onun necə mənimsənilməsi vacib şərtidir. Su və duzlarda həll olan zülallar insan orqanizmi tərəfindən asan və tam həzm olunur. Müəyyən edilmişdir ki, at paxlası zülalının orqanizmdə mənimsənilməsi 85%-dən yuxarıdır (Вавилов, Посыпанов, 1983).

Aparılan bir sıra tədqiqat işlərində soya, noxud və paxlanın toxumlarında zülalların, əvəzolunmaz aminturşulardan isə lizin və triptofanın miqdarı öyrənilmişdir. Bu bitkilərin dənində zülalların miqdarı noxudda - 21,0%, soyada - 31,9%, paxlada - 25,0% olmuşdur. Müəlliflər qeyd edirlər ki, lizinin miqdarı noxudda, triptofanın miqdarı isə paxlada daha çoxdur. Bu nümunələrin seleksiya işlərində istifadə olunması məsləhət görülür (Зверев, Никитина, 2017; Кукреш, Рышкель, 2008).

Son illər zülal problemini həll etmək məqsədilə at paxlası bitkisi bütün dünyada böyük maraq doğurmuşdur. Yüksək keyfiyyətə malik məhsuldar dənli paxlalı bitki sortlarının yaradılması üçün geniş elmi-tədqiqat işlərinin aparılmasına ehtiyac vardır. Respublikamızda həm təbii seçmə, hibridləşmə, həm də eksperimental mutagenizin təsirindən müxtəlif dənli paxlalı bitki sortları alınmışdır (Məmmədov, İsmayılov, 2010). Lakin, aparılan elmi-tədqiqat işlərinin miqdarı kifayət deyildir. Yuxarıda geyd olunanları nəzərə alaraq, ICARDA-dan alınmış yeni at paxlası kolleksiya nümunələrinin dənində biokimyəvi göstəricilər öyrənilmişdir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Bizim tədqiqat işinin əsas məqsədi yerli və introduksiya olunmuş 15 at paxlası nümunələrinin dənində proteinin, azotun və əvəzolunmaz amin turşularından olan lizin və triptofanın miqdarını təyin etməkdən ibarət olmuşdur. Ümumi azotun təyində Keldal üsulundan (Ермаков, Арасимович, 1972) istifadə edilmişdir.

Lizinin və triptofanın miqdarını təyin edərkən müvafiq olaraq A.S.Museykonun (Мусейко, Сысоев, 1970) və N.P.Yaroşun işləyib hazırladığı metoddan istifadə olunmuşdur (Ермаков, Ярош, 1969).

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Yerli və introduksiya olunmuş at paxlası nümunələrinin dənində aparılan biokimyəvi analizlərin nəticələri cədvəldə verilmişdir (Cədvəl 1).

**Cədvəl 1.** Yerli və introduksiya olunmuş at paxlası kolleksiya nümunələrinin biokimyəvi göstəriciləri

№	Nümunənin adı	Quru maddəyə görə %-lə		100 qr-da mq-la	
		ümumi azot	protein	lizin	triptofan
1	FLIP15-053 FB	4.16	26.00	850	170
2	FLIP15-060 FB	4.02	25.12	772	185
3	FLIP15-067 FB	4.27	26.68	927	200
4	FLIP15-069 FB	4.58	28.62	968	240
5	FLIP15-075 FB	3.91	24.43	726	210
6	FLIP15-076 FB	4.20	26.65	634	190
7	FLIP15-077 FB	3.85	24.06	850	165
8	FLIP15-078 FB	3.78	23.62	865	175
9	FLIP15-083 FB	4.48	28.00	927	235
10	FLIP15-084 FB	4.40	27.50	735	205
11	FLIP15-093 FB	4.47	27.93	898	245
12	FLIP15-09 FB	3.81	24.18	729	160
13	FLIP15-95 FB	3.77	23.56	861	195
14	FLIP15-098 FB	3.87	24.18	772	230
15	FLIP15-ICAWHITE	4.24	26.50	895	190

Cədvəlin rəqəmlərindən aydın olur ki, at paxlası kolleksiya nümunələrinin dənində proteinin miqdarı 23.56-28.62%, lizinin miqdarı 634-968mq, triptofanın miqdarı isə 160-245mq (100q-da) arasında dəyişir.

Analizlərin nəticəsindən müəyyən olur ki, at paxlası kolleksiya nümunələri arasında proteinin miqdarı 3 nümunədə (FLIP15-069FB, FLIP15-083FB, FLIP15-093FB), lizinin miqdarı 5 nümunədə (FLIP15-069FB, FLIP15-083FB, FLIP15-093FB, FLIP15-067FB, FLIP15-ICAWHITE), triptofanın miqdarı isə 4 nümunədə (FLIP15-069FB, FLIP15-083FB, FLIP15-093 FB, FLIP15-098FB) çox olmuşdur.

## ƏDƏBİYYAT

- Əmirov N.Ə.** (1968) Azərbaycanca dənli paxlalı bitkilər // Bakı: Azərbaycan Dövlət Nəşriyyatı, 68 s.
- Məmmədov Q.Y., İsmayılov M.M.** (2010) Dənli-paxlalı bitkilər // Gəncə., ADAU nəşriyyatı., 138 s.
- Вавилов Г.Г., Посыпанов Г.** (1983) Бобовые культуры и проблемы растительного белка// М.: Госсельхозиздат, 256 с.
- Гаврилюк И.П., Сатбалдина С.Т.** (1973) Белки семян бобовых, их состав и специфичность // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции.т. 5. вып. 1, с. 107-135
- Ермаков А.И., Арасимович В.В., Смирнова-Иконникова М.И., Ярош Н.П., Луковникова Г.А.** (1972) Методы биохимического исследования растений // Изд-во «Колос», Ленинград, с.313-316
- Ермаков А.И., Ярош Н.П.** (1969) Определение триптофана в семенах // Бюл. ВИР, вып.14, с.31-35
- Зверев С., Никитина М.** (2017) Оценка качества белка бобовых культур // Журнал Комбикорм, № 4, с.37-41
- Катюк А.И., Шаболкина Е.Н., Булатова К.А., Анисиминка Н.В., Беляева М.В.** (2018) Характеристика сортов фасоли, сои и гороха селекции Самарского НИИСХ по пищевым качествам семян // Известия Самарского научного центра РАН, т.20, № 24, с.760-770
- Кукреш Л.В., Рышкель И.В.** (2008) Оценка белка зернобобовых культур по

- аминокислотному составу // Вesci Нацыянальнай акадэмн навук Беларусь, Серья аграрных наук, № 1, с.36 – 40
- Молчанова Е.Н.** (2018) Актуальные проблемы развития общественного питания и пищевой промышленности // Материалы международной р.п. и.м. конференции, изд. БУКЕП, Белгород, с.45-49
- Мусейко А.С., Сысоев А.Ф.** (1970) Определение лизина в семенах // Доклады ВАСХНИЛ, 6, с. 8-12
- Тимохин А.Ю., Аксенова Ю.В.** (2018) Влияние условий минерального питания на продуктивность и качество семян зернобобовых культур// Питание растений, № 3, с.1-11
- Chavan J.K., Kute L.S. Kadam S.S.** (1989) Broad bean // Handbook of world food legumes: nutritional, processing, technology and utilization, Vol 1. CRC Press, Boca Raton,Fl, pp.223-245.

## **ИССЛЕДОВАНИЕ БЕЛКА И НЕЗАМЕНИМЫХ АМИНОКИСЛОТ У МЕСТНЫХ И ИНТРОДУЦИРОВАННЫХ ОБРАЗЦОВ КОНСКИХ БОБОВ**

**Э.Б.Рафиев**

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Территория нашей республики богата зернобобовыми растениями. Белки этих растений содержат большое количество незаменимых аминокислот и играют ключевую роль в удовлетворении потребностей населения в белке.

В Национальном Генбанке собраны многочисленные местные и интродуцированные образцы конских бобов, относящихся к зернобобовым культурам. Изучены биохимические показатели общего азота (белка х 6,25), триптофана и лизина в семенах этих образцов.

Результаты биохимического анализа показали, что количество белка в семенах коллекционных образцов конских бобов варьирует от 23,56 до 28,62%. Наибольшее количество протеина содержится в семенах 3 анализируемых образцов (FLIP15-069FB - 28,62%; FLIP15-083FB - 28,00%; FLIP15-093FB - 27,93%)

Наряду с этим в семенах исследуемых образцов было изучено количество незаменимых аминокислот - триптофана и лизина. Результаты анализа показали, что количество триптофана в семенах исследуемых образцов колебалось в пределах 160-245 мг, а количество лизина - 634-968 мг (на 100 мг). В результате биохимического анализа среди исследуемых образцов были обнаружены образцы с высоким содержанием триптофана и лизина. Образцы с высоким содержанием триптофана: FLIP15-069FB - 240 мг; FLIP15-083FB - 253 мг, FLIP15-093FB - 245 мг, FLIP15-0,98FB - 230 мг. Образцы с высоким содержанием лизина: FLIP15-093FB - 927 мг, FLIP15-069FB - 968 мг, FLIP15-ICAWHITE - 895 мг, FLIP15-053FB - 927 мг, FLIP15-083 FB - 927 мг (в 100 г).

Таким образом, в результате биохимического анализа были отобраны 3 образца конских бобов с высоким содержанием белка, лизина и триптофана (FLIP15-067FB, FLIP15-083FB, FLIP15-093FB), которые рекомендуется использовать в качестве исходного материала для селекционных работ.

**Ключевые слова:** азот, протеин, триптофан, конский боб



## **STUDY OF PROTEIN AND ESSENTIAL AMINO ACIDS IN LOCAL AND INTRODUCED SAMPLES OF HORSE BEANS**

**E.V.Rafiyev**

*Genetic Resources Institute of ANAS*

The territory of our republic is very rich in cereals and legumes. The proteins of these plants contain more essential amino acids and play a key role in meeting the protein needs of the population.

National Genbank has reach collection of local and introduced samples of horse beans, cereals and legumes. The amount of total nitrogen (x 6,25 protein), tryptophan and lysine was studied in biochemical analyses of seed samples of horse beans.

The results of biochemical analysis show that the amount of protein in the seeds of horse bean collection samples varies from 23.56 to 28.62%. The amount of protein in the seeds of the analyzed samples was higher in 3 samples (FLIP15-069FB - 28,62%; FLIP15-083FB - 28,00%; FLIP15-093FB - 27,93%)

In addition, the amount of tryptophan and lysine -essential amino acids in the seeds was studied. The results of the analysis showed that the amount of tryptophan in the seeds of the studied samples varied between 160-245 mg and the amount of lysine between 634-968 mg (per 100 mg). As a result of biochemical analysis, samples with high tryptophan and lysine were identified among the studied samples: FLIP15-069FB - 240 mq; FLIP15-083FB - 253mq, FLIP15-093FB - 245 mq, FLIP15-0,98FB - 230mq.

Accessions FLIP15-093FB - 927mq, FLIP15-069FB - 968mq, FLIP15-ICAWHITE - 895mq, FLIP15-053FB - 927mq, FLIP15-083 FB - 927mq (per 100g) were identified as samples with high lysine content.

Thus, as a result of biochemical analysis, 3 samples of horse beans with high content of protein, lysine and tryptophan (FLIP15-067FB, FLIP15-083FB, FLIP15-093FB) were selected and recommended for use as an initial material in breeding.

**Keywords:** *nitrogen, protein, tryptophan, lysine, horse bean*

# **İMMUNOGENETİKA**

## **IMMUNOGENETICS**

UOT 633/635:631.52

## UNLU ŞEH XƏSTƏLİYİNİN (*BULIMERIA GRAMINIS* (DC)) SİNTETİK HEKSAPLOİD BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİNƏ TƏSİRİ

M.Ə.BABAYEVA

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı, AZ 1106, Azadlıq prospekti, 155

[ameagei@mail.ru](mailto:ameagei@mail.ru)

Məqalədə Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Elmi Tədqiqat Bazasında suvarma şəraitində CIMMYT-dən (Qarğıdalı və Buğdanın Yaxşılaşdırılması Beynəlxalq Mərkəzi) introduksiya olunmuş 10 sintetik heksaploid buğda nümunələri arasında unlu şəh xəstəliyi ilə sirayətlənmə dərəcəsinin fitopatoloji qiymətləndirilməsi və bu zaman əvəzolunmayan aminturşularından lizin və triptofanın miqdarına təsiri öyrənilərək, gələcəkdə məqsədyönlü seleksiyada onların yeni yüksək keyfiyyətli, xəstəliyə davamlı sortların yaradılmasında istifadə olunma mümkünlüyü araşdırılmışdır.

Azərbaycanda unlu şəh xəstəliyinin *Bulimeria graminis* (DC) yayılmasına təsir edən amil rütubətdir. Xəstəlik yarpaqları, yarpaqqlarını, gövdəni və bəzi hallarda sünbülü də zədələyir. Xəstəliyə tutulmuş bitkilərdə xlorofilin strukturu pozulur, dənələrdə zülal və nişastanın keyfiyyəti pisləşir, məhsuldarlıq aşağı düşür. Buna görə də biotik və abiotik stress amillərə dözümlü genotiplərə böyük ehtiyac duyulur. Sintetik heksaploid buğdanın unlu şəh xəstəliyinə davamlılığının fitopatoloji qiymətləndirilməsi 9 ballı şkala əsasında xəstəliyin maksimum təzahürü dövründə S.Simlakoviçin tərtib etdiyi ümumi qəbul edilmiş və Avropa ölkələrində geniş tətbiq olunan metodika üzrə aparılmışdır. Eyni zamanda, insan orqanizmi üçün faydalı olan və çatışmadıqda orqanizmdə bir sıra xəstəliklərin əmələ gəlməsinə səbəb olan əvəzolunmayan aminturşularından lizin A.S.Museyko və A.F.Sısoeva, triptofan isə A.Ermakov və N.R.Yaroş üsulu ilə təyin edilmişdir. Tədqiqat nəticəsində məlum olmuşdur ki, unlu şəh xəstəliyi ilə genotiplər çox az sirayətləndiyi üçün onların biokimyəvi tərkibinə təsir etməyib. Sintetik heksaploid buğdalarda əvəzolunmayan aminturşuların miqdarının yumşaq buğdadan çox olmasının səbəbi onların hibrid olmasıdır. Fitopatoloji tədqiqatlar № 18 UKR - OD1530. 94 / Ae.sq. (311)//Ekiz, № 21 UKROD1530.94/ Ae.sq. (312)//BAGCI2002 və № 52 AISBERG/Ae.sq.(369)//DEMIR nümunələrinin unlu şəh xəstəliyi ilə sirayətlənmədiyini göstərmişdir. Bu genotiplərdən seleksiya proqramlarında ilkin donor material kimi istifadə edilməsi tövsiyə olunur.

*Açar sözlər:* sintetik heksaploid buğda, aminturşular, lizin, triptofan, unlu şəh xəstəliyi

## GİRİŞ

Məhsuldar və qida dəyəri daha yüksək olan buğda növlərinin inkişaf etdirilməsi məqsədi ilə aparılan işlər nəticəsində mədəni formaların genetik müxtəlifliyi azalmış, zərərvericilərə, ətraf mühit stresinə və müxtəlif xəstəliklərə qarşı həssaslığı da artmışdır (Baloch və b. 2014; Baloch və b. 2017). Buna görə yüksəkkeyfiyyətli parametrlərə malik olan, biotik və abiotik stress amillərinə dözümlü genotiplər lazımdır (Hajjar, Hodgkin, 2007). *T. dicoccum* və *Ae.squraossa* növlərinin məhsuldarlığı, xəstəlik, stress şərtləri və keyfiyyətli təsir genlərin daşması səbəbindən yetişdirmə proqramlarında istifadə edilir (Luo M., Yang Z et al., 1998). Mədəni buğda genomunun zənginləşdirilməsi və təkmilləşdirilməsi buğdanın yabanı əcdadlarından *Aegilops squarrosa* ilə ( $2n = 14 DD$ ) *T.dicoccum* ( $2n = 28, AABB$ ) və ya *T.durum* ( $2n = 28, AABB$ ) növləri arasında hibridləşmədən sonra sintetik heksaploid yumşaq buğdalar ( $2n = 42, AABBDD$ ) əldə edilir (Mujeeb-Kazi et al., 1996).

Respublikamızda dənli taxıl və yabanı ot bitkilərinin əksəriyyəti göbələk xəstəliklərindən biri olan unlu şəh ilə sirayətlənir. Taxıl bitkilərində unlu şəh xəstəliyini *Bulimeria graminis* (DC) göbələyi törədir. Xəstəlik yarpaqları, yarpaqqlarını, gövdəni və bəzi hallarda sünbülü də

zədələyir. Xəstəliyin inkişafı və bitkilərə yoluxması üçün temperatur 0-20°C, havanın nisbi rütubəti 50,0 – 100% arasında olmalıdır. Bu xəstəlik ən çox gün düşməyən və bitkilərin sıx olduğu sahələrdə inkişaf edir. Havanın temperaturu 30°C-dən yüksək olduqda göbələyin inkişafı ləngiyir. Xəstəliyə tutulmuş bitkilərin assimilyasiya prosesi və xlorofilin strukturu pozulur, dənələrdə zülal və nişastanın keyfiyyəti pisləşir, məhsuldarlıq aşağı düşür. Yerli şəraitdə introduksiya olunmuş nümunələrin unlu şəh xəstəliyinə tutulmasına səbəb bir tərəfdən xəstəliyə qarşı nümunələrin həssas olması, digər tərəfdən yaz aylarında havaların rütubətli keçməsidir.

İşin məqsədi suvarma şəraitində tədqiq olunan sintetik heksaploid buğda nümunələri arasında unlu şəh xəstəliyi ilə sirayətlənmə dərəcəsinin fitopatoloji qiymətləndirilməsi və bu zaman əvəzolunmayan aminturşularından lizin və triptofanın miqdarına təsirini öyrənilməsi olmuşdur.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Havanın rütubətinin çox olması unlu şəh xəstəliyinin törədicisinin kütləvi şəkildə yayılmasına şərait yaradır. Təcrübə suvarma şəraitində Abşeron Elmi Tədqiqat Bazasında (AETB) yerinə yetirilmişdir. Tədqiqat material kimi 10 ədəd sintetik heksaploid buğda (CIMMYT) və standart Karahan sort və nümunələri götürülmüşdür. Araşdırmalar üzrə əkin 2017-2018-ci illərdə, noyabr ayının II ongünlüyündə aparılmışdır. Bitkinin unlu şəh xəstəliyinə davamlılığının fitopatoloji qiymətləndirilməsi xəstəliyin maksimum təzahürü dövründə ümumi qəbul edilmiş metodika üzrə aparılmışdır. Nümunələrin unlu şəh xəstəliyi ilə fitopatoloji qiymətləndirilməsi Avropa ölkələrində geniş tətbiq olunan S.Simlakoviçin (Simlakovich, 1966) tərtib etdiyi 9 ballı şkala əsasında həyata keçirilmişdir: 0 bal- yarpaqlarda heç bir ləkəyə rast gəlinmir; 1-2 bal, davamlı- 1-2 yarpaq səthində çox kiçik ləkələr görünür, yarpaq səthinin 10-20%-i xəstəliklə sirayətlənir; 3-4bal, orta davamlı – 1-4 yarpaq səthində kiçik xlorotik və nekrotik ləkələrə rast gəlinir, yarpaq səthinin 30-40%-i xəstəliklə sirayətlənir; 5-6 bal, orta həssas – törədicilər orta ölçülərə malik olur, 1-6 yarpaq səthinin xeyli hissəsi örtülmüş olur, xlorotik və nekrotik ləkələrlə zəif əhatə olunur, yarpaq səthinin 50-60%-i xəstəliklə sirayətlənir; 7-8 bal, həssas – törədicilər 1-8 yarpaq səthini tam şəkildə əhatə edir, xloroz və nekroza rast gəlinmir, yarpaq səthinin 70-90%-i xəstəliklə sirayətlənir; 9 bal, çox həssas- törədici yarpaqla yanaşı, sünbülü də 90-100% sirayətləndirir (Simlakovich, 1966).

Genotiplərdə əvəzolunmayan aminturşularından lizinin miqdarı A.S.Museyko və A.F.Sisoeva üsulu (Биохимия культурных растений, 1958) ilə iki təkrar olmaqla sınaq şüşəsinə 30 mq buğda unu əlavə edib, 2%-li Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub>-də 10dəq. 80°C-də su hamamında hidroliz etməklə təyin edilib.

Triptofanın miqdarının təyini A.Ermakov, N.R.Yaroş üsulu ilə aparılmışdır (Биохимия культурных растений, 1958). Bunun üçün 200 mq narın üyüdülmüş nümunədən götürüb 100 ml ölçü kolbasına tökülərək 25 %-li KOH-da həll olmuş 4%-li jelatin məhlulu əlavə etməklə 18-20 saat müddətində 40°C t-də hidroliz edilərək təyin edilmişdir.

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

2018-ci ildə aparılan müşahidələrdən məlum olmuşdur ki, Abşeron bölgəsində seçilmiş 10 sintetik heksaploid buğda genotiplərindən 6 nümunə davamlı və orta davamlı olub 1-4 balla, 2 nümunə isə həssas olaraq 5 balla qiymətləndirilmişdir. Standart olaraq götürülmüş Türkiyə mənşəli Karahan sortu 4 balla qiymətləndirilmişdir. 3 genotip isə xəstəliyə tutulmamışdır. Cədvəl 1-də unlu şəh xəstəliyi ilə sirayətlənmiş nümunələrin 9 ballı şkala ilə fitopatoloji qiymətləndirilməsinin nəticələri verilmişdir.

Məlumdur ki, buğda bitkisinin məhsuldarlığı və biokimyəvi tərkibinə unlu şəh xəstəliyi mənfi təsir göstərə bilər. Cədvəldən görüldüyü kimi, unlu şəh xəstəliyi ilə genotiplər çox az sirayətləndiyi üçün bu onların biokimyəvi tərkibinə təsir etməyib. Triptofan maddələr mübadiləsində mühüm rol oynayan maddələrdən biri olduğu üçün onun azlığı bitkinin inkişafına

mənfi təsir edir. Triptofan həmçinin bitkinin böyüməsində, yəni boy maddəsinin, eyni zamanda nikotin turşusunun sintezində fəal iştirak edir.

**Cədvəl 1.** Abşeron ETB-də introduksiya olunmuş sintetik heksaploid buğda nümunələrində unlu şəh xəstəliyi ilə sirayətlənmədən asılı olaraq triptofan və lizinin miqdarı

№	Genotiplərin adları	9 ballı şkala	Triptofan 100 qramda (mq-la)	Lizin 100 qramda (mq-la)
1	№ 6 UKR-OD 1530.94/Ae.sq (458)	1	80,0	330,0
2	№ 12 LEUC 84693/ Ae.sq(310)// ADYR	3	100,0	293,0
3	№ 13 LEUC84693/Ae.sq (1026)//GEREK 79	5	100,0	293,0
4	№ 18 UKR-OD1530.94/Ae.sq (311)//Ekiz	0	70,0	293,0
5	№ 21 UKROD1530.94/Ae.sq(312)//BAGCI2002	0	80,0	256,0
6	№ 25 UKR-OD 952.92/Ae.sq(409)//SONMEZ	5	110,0	330,0
7	№ 30 UKR-OD 1530.94/Ae.sq(446)//KATIA1	4	50,0	293,0
8	№ 52 AISBERG/Ae.sq(369)//DEMİR	0	95,0	330,0
9	№ 42 UKROD1530.94/Ae.sq(312)//BAGCI2002	2	100,0	256,0
10	№ 32 UKR-OD 1530.94/Ae.sq (446)//KATIA1	4	90,0	256,0
11	№ 11 Karahan st.	4	90,0	275,0

Tədqiqat ilində əsasən havaların isti keçməsi ilə əlaqədar rütubətin azalması unlu şəh xəstəliyinin zəif inkişafına səbəb olmuşdur. Nəticədə genotiplər xəstəliklə az sirayətlənsə də onların biokimyəvi tərkibinə təsir etməmiş və bu nümunələrin xəstəliyə davamlı genotiplər kimi seleksiyada istifadəsi tövsiyə olunur.

Genotiplərdə lizinin miqdarı yumşaq buğdaya nisbətən çoxdur. Bunun səbəbi onların həm hibrid olması, həm də tərkibində D genomunun olmasıdır. Lizinin miqdarının çoxluğu azotlu maddələr mübadiləsinin sintezini sürətləndirir. Bütün dünyanın maraq mərkəzində olan sintetik heksaploid buğda genotipləri üzərində AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda elmi tədqiqat işləri davam etdirilir.

Tədqiqat işində təbii fonda aparılan fitopatoloji qiymətləndirilmə zamanı unlu şəh xəstəliyinə davamlı və tolerant reaksiya göstərən nümunələrin - №18 UKR-OD1530.94/Ae.sq (311)//Ekiz, № 21 UKROD1530.94/Ae.sq(312)//BAGCI2002 və №52 AISBERG/Ae.sq(369)//DEMİR gələcək seleksiya işlərində yeni davamlı və yüksək biokimyəvi göstəricilərə malik buğda sortlarının alınmasında qiymətli başlanğıc donör materialı kimi istifadə olunması tövsiyə olunur.

## ƏDƏBİYYAT

**Биохимия культурных растений** (1958) Под.ред. А. И. Ермакова, Гос. изд. сельхоз. лит., Том 1, Москва, 394 с.

**Baloch F.S., Alsaleh A., Shadid M.Q., Çiftçi V., Miera L.E., Aasim M., Nadeem M.A., Aktaş H., Özkan H., Hatipoğlu R.A.**(2017) Whole Genome DArT seq and SNP analysis for genetic diversity assessment in durum wheat from Central Fertile Crescent. PloS ONE, 12(1), p. 1-18

**Baloch F.S., Karaköy T., Demirbaş A., Toklu F., Özkan H., Hatipoğlu R.** (2014) Variation of some seed mineral contents in open pollinated faba bean (*Vicia faba* L.)landraces from Turkey//Turkish Journal of Agriculture and Forestry. V.38(5), p.591-602

- Hajjar R., Hodgkin T.** (2007) The use of wild relatives in crop improvement: A survey of developments over the last 20 years// *Euphytica*, 156, p.1-13
- Luo M., Yang Z., Zhang H.** (1998) The structure of the *Aegilops tauschii* gene pool and the evolution of hexaploid wheat// *Theoretical and Applied Genetics*. 97, p.657-670.
- Mujeeb-Kazi A., Rosas V., Roldan S.**(1996) Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmal. (*Aegilops squarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheats (*T. turgidum* L. s.lat.×*T. tauschii*; 2n = 6x = 42, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement// *Genetic Resources and Crop Evolution*. 43, p.129-134.
- Similacouic H.** (1966).Proučavanje biologije I ekologije suzbijanja *Erysiphe graminis* D.C. parazite pšenica u S.R. Srbiji. Zbor. Rad. // *Zav strna Žita. Kragujevac*, 2(1), p.5

## ВЛИЯНИЕ МУЧНИСТОЙ РОСЫ (*Bulimeria graminis* (DC)) НА КАЧЕСТВЕННЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ ГЕНОТИПОВ СИНТЕТИЧЕСКОЙ ГЕКСАПЛОИДНОЙ ПШЕНИЦЫ

М.А.Бабаева

*Институт генетических ресурсов НАНА*

В статье отражены результаты фитопатологической оценки степени поражения мучнистой росой 10 образцов синтетической гексаплоидной пшеницы и стандартного сорта Карахан, на Абшеронской базе Института генетических ресурсов НАНА интродуцированных из СИММУТ (Международный Центр по Улучшению Кукурузы и Пшеницы) и анализа влияния патогена на количественное содержание триптофана и лизина в зернах, а также рассматривается возможность их использования при создании новых качественных, устойчивых к болезням сортов в процессе целенаправленной селекции. Влажность является одним из факторов, влияющих на распространение мучнистой росы (*Bulimeria graminis* (DC)) в Азербайджане. Болезнь повреждает листья, листовые влагалища, стебель и в некоторых случаях колос. У больных растений нарушается структура хлорофилла, ухудшается качество белка и крахмала в зернах, снижается урожайность. Следовательно, необходимы генотипы, устойчивые к биотическим и абиотическим факторам. Фитопатологическая оценка устойчивости синтетической гексаплоидной пшеницы к мучнистой росе проводилась в период максимального проявления заболевания по 9-балльной шкале, по общепринятой методике разработанной С.Симлаковичем, которая широко используется в европейских странах. Содержание одной из незаменимых аминокислот полезных для организма человека лизина, определяли по методике А.С.Мусейко и А.Ф.Сысоева, содержание триптофана определяли по методике А.Ермакова, Н.Р.Яроша. Анализ полученных результатов показал, что ввиду слабого поражения мучнистой росой болезнь мало повлияла на биохимический состав генотипов синтетической пшеницы. Причиной большего, чем у мягкой пшеницы содержания незаменимых аминокислот у синтетической гексаплоидной пшеницы, является то, что синтетик - это гибрид. Фитопатологические исследования показали, что образцы №18 UKR - OD1530. 94 / *Ae.sq.* (311)//*Ekiz*, №21 UKROD1530.94/ *Ae.sq.* (312)//*BAGCI2002* и №52AISBERG//*Ae.sq.*(369)//*DEMIR* не поражались мучнистой росой, и рекомендуется, их использование в качестве донора в селекционных программах.

**Ключевые слова:** синтетическая гексаплоидная пшеница, аминокислоты, лизин, триптофан, мучнистая роса

**THE EFFECT OF POWDERY MILDEW (*Bulimeria graminis* (DC)) ON THE QUALITATIVE INDICATORS OF GENOTYPES OF SYNTHETIC HEXAPLOID WHEAT**

**M.A.Babaeva**

*Genetic Resources Institute of ANAS*

The article presents the results of a phytopathological assessment of powdery mildew damage of 10 samples of synthetic hexaploid wheat and standard Karahan variety at the Absheron base of the Genetic Resources Institute introduced from CIMMYT and analysis of the effect of the pathogen on the quantitative content of tryptophan and lysine in grain. The possibility of their use to create new high-quality, disease-resistant varieties in the process of targeted breeding is also being considered. Humidity is one of the factors influencing the spread of powdery mildew (*Bulimeria graminis* (DC)) in Azerbaijan. The disease damages leaves, leaf sheaths, stem and, in some cases, the ear. In infected plants, the structure of chlorophyll is disturbed, the quality of protein and starch in grains deteriorates, and productivity decreases. Therefore, genotypes resistant to biotic and abiotic factors are needed. The phytopathological assessment of the resistance of synthetic wheat to powdery mildew was carried out during the period of the maximum manifestation of the disease on a 9-point scale, according to the generally accepted methodology developed by S.Simlakovich. The content of lysine and tryptophan was determined by standard methods. Analysis of the results showed that the powdery mildew infection has little effect on the biochemical composition of synthetic wheat genotypes. The reason for the content of essential amino acids in synthetic hexaploid wheat, which is higher than that of bread wheat, is that the synthetic is a hybrid. Phytopathological studies have shown that samples №18UKROD1530.94/Ae.sq.(311)/Ekiz, №21UKROD1530.94/Ae.sq.(312)/BAGCI2002 and №52 AISBERG//Ae.sq.(369)/DEMIR were not affected by powdery mildew, and it is recommended as the donor in breeding programs.

**Keywords:** *synthetic hexaploid wheat, amino acids, lysine, tryptophan, powdery mildew*

# **İNSAN GENETİKASI**

## **HUMAN GENETICS**



УДК 616.006.66;575.174.015.3

## ПОЛИМОРФИЗМ ARG72PRO ГЕНА TP53 У БОЛЬНЫХ РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

З.С.САФАРЗАДЕ

*Институт генетических ресурсов НАНА, Баку, AZ1106, пр. Азадлыг, 155*

zum.mukh@gmail.com

Рак молочной железы является наиболее распространенной карциномой у женщин. Молекулярный патогенез РМЖ, как и многих других онкологических заболеваний, включает множество генетических и эпигенетических событий, ведущих к активации онкогенов и инактивации генов опухолевой супрессии, лежащих в основе опухолевой трансформации. Белок p53, являющийся своего рода «стражем генома», поддерживает генетическую стабильность и удаляет потенциально опасные в плане злокачественного перерождения клетки. Мутации в гене TP53 значительно модифицируют активность белка p53, что в целом отражается на запуске p53-опосредованных процессов, таких как репарация ДНК, апоптоз, клеточный арест и т.д. Это исследование направлено на изучение ассоциации полиморфизма кодона 72 гена TP53 с риском рака молочной железы. Также изучена частота генотипов полиморфизма Arg72Pro в 4-м экзоне гена TP53.

В нашем исследовании частота встречаемости дикого аллеля Arg/Arg среди онкобольных и здоровых женщин составляла 8% и 25% соответственно. Доля гетерозиготного генотипа Arg/Pro в клинической выборке (58%) незначительно превышала контрольное значение (52%). Генотип мутантного аллеля Pro/Pro у пациентов с РМЖ встречался на 11% больше, чем у здоровых. Кроме того, было установлено, что наличие мутантного аллеля Pro/Pro на 18% чаще встречается у пациентов с РМЖ ниже 51-го года. Полученные нами результаты свидетельствуют о связи частоты встречаемости мутантного генотипа в гене TP53 с карциномой грудной железы. Результаты показали, что полиморфизм кодона 72, который приводит к аминокислотной замене аргинина на пролин в регуляторном гене TP53 клеточного цикла, может быть связан с РМЖ. Тестирование полиморфизма Arg72Pro в 4-м экзоне гена TP53 может иметь предиктивное значение в клинической диагностике рака молочных желез. Полученные результаты наряду с представленными ранее данными, свидетельствуют о вкладе Arg72Pro полиморфизма гена TP53 в клиническое течение РМЖ.

*Ключевые слова:* рак молочной железы, ген TP53, мутация, амплификация

### ВВЕДЕНИЕ

Рак молочной железы (РМЖ) по-прежнему остается самой частой формой злокачественных новообразований у женщин, частота встречаемости составляет 1 случай на каждые 9-13 женщин в возрасте 13-90 лет. РМЖ стала причиной более 400 000 смертей ежегодно во всем мире. Прогноз течения у больных с локализованными формами РМЖ зависит от клинических, морфологических и биологических характеристик опухоли, таких как: возраст на момент установления диагноза, размер опухоли, наличие метастазов в регионарных лимфоузлах, степень дифференцировки опухоли, экспрессия опухолью рецепторов к эстрогенам (EP) и прогестерону (PP), гиперэкспрессия Her2/neu, а также митотический индекс (Ki-67) (Goldhirsch et al., 2011). Наследственный рак молочной железы (РМЖ) диагностируется в 5-10 % случаев, но только 25% случаев данного заболевания можно объяснить повреждениями в известных в настоящее время генах (BRCA1, BRCA2, TP53 и др.) (Bradbury et al., 2007). Молекулярной основой злокачественных

новообразований, формирующихся под влиянием различных неблагоприятных факторов, являются многочисленные генетические нарушения, включающие хромосомные аберрации, мутации и эпигенетические изменения ключевых генов контроля клеточного деления и репарации ДНК, к числу которых относятся гены-супрессоры опухолевого роста (Денисов и др., 2008, 2010). Особое место в картине нарушений при РМЖ занимают повреждения генов-онкосупрессоров, в частности гена *TP53*, функция которого направлена на ограничение вероятности возникновения генетически нестабильных клеток. Ген *TP53* локализован в участке хромосомы 17p13. Описано около 1400 мутаций *TP53* при раке груди и большинство этих мутаций инактивируют p53. Белок p53 был обнаружен в 1979 году как ключевой регулятор клеточного цикла, апоптоза, репарации ДНК и ангиогенеза. Мутации гена-супрессора опухоли *TP53*, кодирующего синтез белка p53, наблюдаются в 20-30% случаев рака грудной железы (Gasco et al. 2002; Olivier et al. 2006).

По данным Международного агентства исследования рака (IARC), сформировавшего базу данных по *TP53*, общее количество мутаций *TP53* в клеточных линиях и опухолях различных локализаций составляет 24810, при этом 2414 аберраций обнаружено при РМЖ (Petitjean et al. 2007; Harris et al. 2007). В ряде клинических исследований доказана связь мутаций *TP53* с неблагоприятным прогнозом течения рака грудной железы, что обусловлено нарушением p53-зависимого апоптоза (Щепотин и др., 2012).

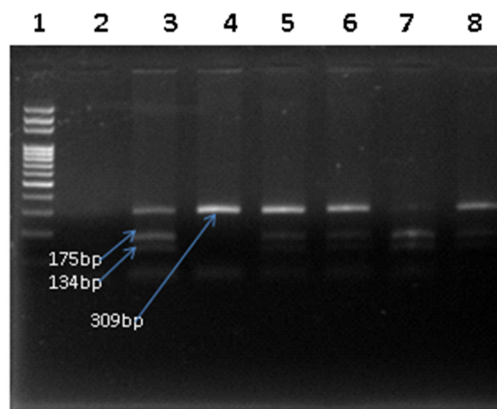
**Цель настоящего исследования** - изучение спектра мутирования гена *TP53*, а также анализ частот генотипов полиморфизма Arg72Pro гена *TP53* у больных карциномой молочных желез в разных возрастных группах.

## МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования послужила ДНК, выделенная из крови больных РМЖ в возрасте от 38 до 80 лет (средний возраст 57), получавших комбинированное лечение в клинике онкологии. Диагноз был верифицирован морфологически. Стадия процесса устанавливалась согласно классификации TNM (4-е издание, 1989), в исследование включены больные со стадиями T1–4N0–2M0–1. Кровь была собрана в тубики, содержащие EDTA-Na (ethylene diamine tetra-acetic acid disodium) как антикоагулянт. Материал был собран в июле-сентябре 2019-го года в Онкологической клинике Азербайджанского Медицинского Института. Образцы крови (n=48) хранились при температуре -20 до проведения экстракции ДНК. Выделение ДНК крови проводилась вручную с помощью Non Enzymatic Salting Out методу. Концентрация и качество полученного ДНК материала была проверена с помощью NanoDrop 2000/2000c UV-VisSpectrophotometer. Имеется контрольная группа, состоящая из 48-ми образцов ДНК крови здоровых женщин. Выявление Arg72Pro 4 экзона *TP53* осуществлялось методом ПЦР - анализа. На первом этапе амплифицировали фрагмент гена размером 296 пар нуклеотидов (п. н.), потенциально содержащий замену нуклеотида с использованием праймеров: F, 5/- TGG TAA GGA CAA GGG TTG G -3/; R, 5/-ACT GAC CGT GCA AGT CAC AG -3/. Реакционная смесь ПЦР объемом 25мкл содержала 2мкл ДНК материала, 2,5мкл 10x реакционного буфера, 2мкл MgCl<sub>2</sub>, 0,5мкл каждого праймера, 0,25 мкл 20M dNTP, 0,5мкл 5U Taq, 16,75мкл воды. Условия ПЦР были следующие: 94 °C – 3 мин, затем 35 циклов: 94 °C – 15 с, 63 °C – 1 мин и 72 °C – 1 мин, заключительный цикл 72 °C – 3 мин. На втором этапе использовали эндонуклеазу рестрикции BstUI (Catalog# R0518S, concentration 10,000 units/ml, size 1,000 units) с сайтом распознавания CG↑CG (разрезает продукт ПЦР при наличии аллеля G). 10 мкл каждого ампликона брали в реакцию гидролиза с 4 ед. акт. эндонуклеазы рестрикции BstUI. Гидролиз проводили при 60 °C в течение 3 ч. Продукты рестрикции ампликона ферментом BstUI были разделены в 3 % агарозном геле.

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Было проведено изучение полиморфизма Arg72Pro гена *TP53* у больных раком молочной железы. Среди 48 больных и 48 здоровых пациентов было выявлено процентное соотношение генотипов (рис. 1). Так, частота встречаемости дикого аллеля Arg/Arg среди онкобольных и здоровых женщин составляла 8% и 25% соответственно. Доля гетерозиготного генотипа Arg/Pro в клинической выборке (58%) незначительно превышала контрольное значение (52%). Генотип мутантного аллеля Pro/Pro у пациентов с РМЖ встречался на 11% больше, чем у здоровых (табл. 1).



**Рисунок 1.** Электрофореграмма продуктов амплификации полиморфного варианта: Arg72Pro, локализованного в 4-м экзоне гена *TP53*: 4 – 309 п. н. (Pro/Pro); 2,7– 175 + 134 п. н. (Arg/Arg); 3,5,6,8 – 309 + 175 + 134 п. н. (Arg/Pro); 1 – ДНК-маркер молекулярного веса (100 п. н.).

**Таблица 1.** Частота генотипов полиморфизма Arg72Pro гена *TP53* у больных РМЖ в сравнении с контрольной группой.

Генотипы	Образцы (n=48)	Контрольная группа (n=48)
Arg/Arg	4(8%)	12(25%)
Arg/Pro	28(58%)	25(52%)
Pro/Pro	16(33%)	11(22%)

Наличие генотипа Pro/Pro является показателем повышенного риска развития рака молочной железы. Это может способствовать накоплению генетически измененных клеток на факт неблагоприятных воздействий окружающей среды за счет нарушения функций *P53*, а следовательно, и процессов апоптоза и репараций ДНК.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о связи частоты встречаемости мутантного генотипа в гене *TP53* с карциномой грудной железы. Результаты показывают, что полиморфизм кодона 72, который приводит к аминокислотной замене аргинина на пролин в регуляторном гене *TP53* клеточного цикла, связан с РМЖ. Как видно на таблице 2 процентное соотношение мутантного аллеля гена *TP53* Pro у больных и группы контроля 60% и 47% соответственно.

**Таблица 2.** Частота аллелей гена *TP53* у больных РМЖ.

Аллели	Образцы (n=48)	Контрольная группа (n=48)
Arg	32(34%)	49(51%)
Pro	60(65%)	47(48%)
Arg+Pro	92	96

**Таблица 3.** Частота генотипов полиморфизма Arg72Pro гена *TP53* в зависимости от разных возрастных групп

Генотипы	Пациенты выше среднего возраста (51) 32(66,6%)	Пациенты ниже среднего возраста (51) 16(33,3%)
Arg/Arg	4(12%)	1(6%)
Arg/Pro	20(62%)	8(50%)
Pro/Pro	8(25%)	7(43%)

В дальнейшем был выполнен пошаговый анализ частот генотипов гена *TP53* в зависимости от возраста больных РМЖ в сравнении с контролем, наиболее значимые различия были выявлены для групп больных раком молочной железы в возрасте до 51 и старше 51 года. Как видно из таблицы 3, частота мутантного аллеля Pro/Pro возрастает среди пациентов в зависимости от возрастных групп. Лица ниже 51 года при наличии генотипа Pro/Pro характеризуются еще более высоким риском возникновения рака молочной железы. Среди пациентов выше (51) и ниже (51) среднего возраста его доля составила 25% и 43% соответственно.

Согласно литературным данным, частота множественных мутаций при РМЖ составляет от 5 % до 15 % (Keohavong et al., 2004; Meng et al., 1999). Имеется ряд работ, посвященных исследованию мутаций гена *TP53* в области 5, 7 и 8-го экзонов, кодирующих центральный домен связывания белка p53 с ДНК (Денисов и др. 2008, 2010). В этой работе среди всех выявленных случаев мутаций частота единичных мутаций составила 48,6 % (18/37), частота множественных – 51,4 % (19/37), что выше указанных в литературе данных для РМЖ. Это свидетельствует о связи множественных мутаций гена *TP53* с высокой агрессивностью злокачественного процесса и неблагоприятным прогнозом (Kang et al., 2001).

В работе Е.В. Денисов и др. 2010 года проводился анализ связи полиморфизма Arg72Pro гена-супрессора *TP53*, детектируемого в опухолевой ткани, с характером опухолевого роста РМЖ. Материал состоял из 99 образцов опухолевой ткани, имеющих мутации в гене *TP53*. Было показано, что тенденция к увеличению частоты генотипа Pro/Pro (15,0%) в группе больных с уницентрическим РМЖ по сравнению с пациентками с мультицентрическим характером роста, где данный генотип не был представлен вообще (0,0%;  $p(\Phi)=0,1$ ). Отмечена также тенденция к увеличению и уменьшению частот аллелей Arg и Pro, соответственно, в группе пациенток с мультицентрическим характером опухолевого роста РМЖ ( $p=0,07$ ). Полученные результаты косвенно подтверждают установленную ранее ассоциацию полиморфизма Arg72Pro гена *TP53* с риском развития локорегионарного метастазирования. Больные РМЖ с генотипом Arg/Arg чаще характеризуются мультицентрическим характером опухолевого роста и, соответственно, высокой частотой лимфогенного метастазирования. Напротив, пациенткам с генотипом Pro/Pro свойствен уницентрический РМЖ и низкая вероятность метастазирования в регионарные лимфоузлы (Денисов и др., 2010).

Изучение гена *TP53* может повысить информативность, т.к. каждый полиморфизм по отдельности обладает лишь весьма умеренным эффектом. Таким образом, наряду с представленными ранее данными, полученные результаты свидетельствуют о вкладе Arg72Pro полиморфизма гена *TP53* в клиническое течение РМЖ.

## ЛИТЕРАТУРА

- Воропаева Е.Н., Березина О.В., Овчинников В.С., Воевода М.И., Поспелова Т.И.** (2013) Предиктивное значение тестирования полиморфного локуса Arg72Pro 4 экзона антио, стр.28-33
- Денисов Е.В., Литвяков Н.В., Стахеева М.Н., Гарбуков Е.Ю., Слонимская Е.М., Малиновская Е.А., Бабышкина Н.Н., Стегний В.Н., Чердынцева Н.В.** (2008) Мутации в гене-супрессоре TP53 и их связь с особенностями клинического течения рака молочной железы // Сибирский онкологический журнал, №2 (26), стр.32-36
- Денисов Е.В., Сухановская Т.В., Дульцева Т.С., Малиновская Е.А.** (2010) Полиморфизм Arg72Pro гена TP53 в опухолевой ткани: связь с характером опухолевого роста рака молочной железы // Сибирский онкологический журнал. Приложение № 1, стр.38-39
- Щепотин И.Б., Зотов А.С., Любота Р.В., Аникусько Н.Ф., Любота И.И.** (2012) Клиническое значение мутаций TP53 при раке грудной железы (обзор литературы) // Клиническая онкология, № 8 (4), стр.56-58
- Bradbury A.R., Olopade O.I.** (2007) Genetic susceptibility to breast cancer // rev. Endocr. Metab. Disord. Vol. 8. P. 255–267
- В.Р. Копнин, Р.В. Копнин, N.V. Khromova, L.S. Agarova** (2008) Multifaced p53: variety of forms, functions, tumor-suppressive and oncogenic activities // Клиническая Онкогематология. Том 1, номер 1. стр.1-9
- Gasco M., Shami S., Crook T.** (2002) The p53 pathway in breast cancer // Breast cancer res., 4: 70–76
- Goldhirsch A., Wood W.C., Coates A.S., Gelber R.D., Thürlimann B., Senn H.J.** (2011) Strategies for subtypes – dealing with the diversity of breast cancer: Highlights of the St Gallen International Expert Consensus on the Primary Therapy of Early breast cancer// Ann. Oncol., 22: 1736–47
- Harris L., Fritsche H., Mennel R., Mennel R., Norton L., Ravdin P., Taube S., Somerfield M.R., Hayes D.F., Bast R.C.** (2007) American Society of Clinical Oncology 2007 update of recommendations for the use of tumor markers in breast cancer // J. Clin. Oncol. 2007, Vol. 25, № 33, p. 5287–5312
- Hossain A., Murshid M., Hasan N.Z., Islam F., Sultana R., Sultana T., Hossain G., Rahma M.** (2016) TP53 codon 72 polymorphism and breast cancer risk in Bangladeshi population // The Japanese breast cancer society. стр.571-578
- Kang J.H., Kim S.J., Noh D.Y., Choe K.J., Lee E.S., Kang H.S.** (2001) The timing and characterization of p53 mutations in progression from atypical ductal hyperplasia to invasive lesions in the breast cancer // J. Mol. Med., Vol. 79, p. 648–655
- Keohavong P., Gao W.M., Mady H.H., Kanbour-Shakir A., Melhem M.F.** (2004) Analysis of p53 mutations in cells taken from paraffin-embedded tissue sections of ductal carcinoma *in situ* and atypical ductal hyperplasia of the breast // Cancer letters. Vol. 212, p. 121–130
- Kostler W.J., Brodowicz T., Hudelist G., Rudas M., Horvat R., Steger G.G., Singer C.F., Attems J., Rabitsch W., Fakhrai N., Elandt K., Wiltschke C., Hejna M., Zielinski C.C.** (2005) The efficacy of trastuzumab in Her-2/neu-overexpressing metastatic breast cancer is independent of p53 status// J. Cancer res. Clin. Oncol., 131(7): 420–28
- Meng L., Lin L., Zhang H., Nassiri M., Morales A.R., Nadji M.** (1999) Multiple mutations of the p53 gene in human mammary carcinoma // Mutation research. Vol. 435, p. 263–269
- Md. Shaki M. & M. U. Ahmed, M. S. Islam, M. S. bin Sayeed, A. Hasnat** (2014). Lung cancer risk in relation to tp53 codon 47 and codon 72 polymorphism in bangladeshi population// International society of oncology and biomarkers (ISOBM).

- Norberg T., Lennerstrand J., Inganas M., Bergh J. (1998) comparison between p53 protein measurements using the luminometric immunoassay and immunohistochemistry with detection of p53 gene mutations using c dna sequencing in human breast tumors// Int. J. Cancer, 79: 376–383
- Olivier M., Langerod A., Carrieri P., Bergh J., Klaar S., Eyfjord J., Theillet C., Rodriguez C., Lidereau R., Bièche I., Varley J., Bignon Y., Uhrhammer N., Winqvist R., Jukkola-Vuorinen A., Niederacher D., Kato S., Ishioka C., Hainaut P., Børresen-Dale A.L.. (2006) The clinical value of somatic TP53 gene mutations in 1,794 patients with breast cancer //Clin. Cancer res., 12(4): 1157–1167
- Petitjean A., Achatz M.I.W., Børresen-dale A.L., Hainaut P., Olivier M. (2007) Tp53 mutations in human cancers: functional selection and impact on cancer prognosis and outcomes // Oncogene. Vol. 26., p. 2157–2165

## SÜD VƏZİ XƏRCƏNGLİ XƏSTƏLƏRDƏ *TP53* GENİNİN ARG72PRO POLİMORFİZMİNİN TƏDQIQI

Z.S.Səfərzadə

*AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu*

Süd vəzi xərçəngi qadınlarda geniş yayılmış bədxassəli şiş növlərindəndir. Digər onkoloji xəstəliklər kimi süd vəzi xərçənginin molekulyar patogenezi əsasında genomda baş verən çoxsaylı genetik və epigenetik dəyişikliklərin təsirindən onkogenlərin aktivləşməsi və tumor supressor genlərin inaktivləşməsi dayanır ki, bu da öz növbəsində şiş transformasiyasına səbəb olur. *TP53* genindəki mutasiyalar DNT-nin reparasiyası, apoptoz, hüceyrə tsiklinin blokadası və s. kimi proseslərdə iştirak edən p53 zülalının aktivliyini əhəmiyyətli dərəcədə dəyişdirə bilər. Cari tədqiqat işində süd vəzi xərçəngi diaqnozu qoyulan xəstələrdə və kontrol qrupunda *TP53* geninin 72-ci kodonunda yerləşən arginin amin turşusunun prolinə dəyişməsi ilə nəticələnən tək nukleotid polimorfizmi öyrənilmiş, riskli gen allellərinin tezliyi hər iki qrupda müqayisəli təhlil edilmişdir. Tədqiqatın nəticələrinə əsasən süd vəzi xərçəngi diaqnozu qoyulan xəstələrdə və sağlam qadınlarda homoziqot normal Arg/Arg genotipinin rastgəlmə tezliyi müvafiq olaraq, 8% və 25% təşkil etmişdir. Arg/Pro heteroziqot genotipə isə xəstə qrupunda 58%, kontrol qrupunda isə 52% rast gəlinmişdir. Mutant Pro/Pro genotipi isə süd vəzi xərçəngi xəstələrində (11%) kontrol qrupu ilə müqayisədə daha yüksək tezlikdə aşkar edilmişdir. Bundan əlavə, müəyyən olunmuşdur ki, mutant Pro/Pro allellərinin rastgəlmə tezliyi yaşı 51-dən aşağı olan xəstələrdə daha yüksəkdir. Süd vəzi xərçəngi diaqnozu qoyulmuş xəstələrdə *TP53* genində mutant genotipin daha yüksək tezlikdə rast gəlinməsi faktı bu polimorfizm ilə xəstəlik arasında pozitiv əlaqənin olduğunu göstərə bilər. *TP53* geninin 4-cü ekzonunda Arg72Pro-nun polimorfizminin tədqiqi süd vəzi xərçənginin klinik diaqnostikasında proqnozlaşdırıcı əhəmiyyət kəsb edə bilər.

*Acar sözlər:* süd vəzi xərçəngi, *TP53* geni, mutasiya, amplifikasiya

## TP53 GENE ARG72PRO POLYMORPHISM IN BREAST CANCER PATIENTS

Z.S.Safarzada

*Genetic Resources Institute of ANAS*

Breast cancer is the most common carcinoma in women. The molecular pathogenesis of breast cancer, like many other oncological diseases, includes many genetic and epigenetic events leading to the

activation of oncogenes and inactivation of tumor suppressor genes that underlie tumor transformation. Mutations in the *TP53* gene significantly modify the activity of the p53 protein, which generally affects the initiation of p53-mediated processes, such as DNA repair, apoptosis, cell arrest, etc. This study intended to search the association of codon 72 polymorphism of the *TP53* gene with breast cancer risk. The frequency of Arg72Pro polymorphisms in the 4th exon of the *TP53* gene was also studied. In our study, the incidence of the wild Arg / Arg allele among cancer patients and healthy women was 8% and 25%, respectively. The proportion of the heterozygous Arg / Pro genotype in the clinical sample (58%) slightly exceeded the control value (52%). The mutant Pro / Pro allele genotype in patients with breast cancer was found to be 11% higher than in healthy patients. Our results indicate a possible relationship between the frequency of the mutant genotype in the *TP53* gene and breast carcinoma. The results showed that codon 72 polymorphism, which leads to the amino acid substitution of arginine for proline in the cell cycle regulatory gene *P53*, is presumable associated with breast cancer. Testing Arg72Pro polymorphism in the 4th exon of the *TP53* gene may have predictive value in the clinical diagnosis of breast cancer. The results obtained, along with those presented previously; indicate the contribution of Arg72Pro polymorphism of the *TP53* gene to the clinical course of breast cancer.

**Keywords:** *breast cancer, TP53 gene, mutation, amplification*

UOT 616-006;575.174.015.3

## YOĞUN BAĞIRSAQ XƏRÇƏNGİNDƏ KODLAŞDIRMAYAN MİKRO-RNT NÖVÜNÜN C>T POLİMORFİZMİNİN TƏDQIQI

B.İ.BAYRAMOV

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ1106, Azadlıq pr., 155

bayram-bayramov-90@hotmail.com

Yoğun bağırsağ xərçəngi yüksək letallıq və progressivlənmə halları ilə özünü büruzə verən mədə-bağırsağ traktının geniş yayılmış şişlərindəndir. Ümumilikdə kanserogeneza, həm genetik, həm də ətraf mühit risk faktorlarının təsirindən meydana gələn mürəkkəb çoxmərhələli bir prosesdir. Epigenetik modifikasiyaların bir növü olan kodlaşdırmayan RNT-lər bir çox fundamental bioloji proseslərin (differensasiya, hüceyrə tsikli, apoptoz, angiogeneza və s.) tənzimləyicisi olmaqla yanaşı eyni zamanda xərçəngyaranaq prosesində həm tumor supressor, həm də onkogen kimi fəaliyyət göstərə bilər. Cari tədqiqat işində kiçik kodlaşdırmayan RNT-lərin bir növü olan mikro-RNT 149 (miRNT-149) növünün C>T (rs2292832) polimorfizmi tədqiq edilmişdir. Bəzi kodlaşdırmayan mikro RNT növlərində baş verən tək nukleotid polimorfizmləri yoğun bağırsağ xərçəngi riski ilə əlaqələndirilmiş, bəzi etnik qruplarda isə bu nəticəsiz qalmışdır. Tədqiqat işinə yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulan 150 xəstə və 150 sağlam insanlardan ibarət nəzarət qrupu daxil edilmişdir. EDTA-lı tyublarda xəstə və kontrollardan qan nümunələri götürülmüş və DNT ekstraksiyası həyata keçirilmişdir. Polimorfizmlərin təyini isə PZR-RFLP metodu ilə aparılmış, nəticələr aqaroz gel elektroforezi üsulu ilə qiymətləndirilmişdir. Genotip tezlikləri xəstə qrupunda normal homoziqot CC 45,3%, heteroziqot CT 32,7%, mutant homoziqot isə TT 22% olduğu halda kontrol qrupunda bu nisbət müvafiq olaraq 44,7% CC, heteroziqot CT 38% və 17,3% mutant TT rast gəlinmişdir. Mutant TT genotipi xəstə qrupunda üstünlük təşkil etsə də heteroziqot CT kontrol qrupunda daha yüksək olduğu (38%) aşkarlanmışdır. Mutant T allelinin rəstgəlmə tezliyinin xəstə qrupunda yüksək olması bu gen polimorfizminin yoğun bağırsağ xərçəngində proqnostik əhəmiyyətə malik ola biləcəyini göstərir.

*Açar sözlər: mikro RNT, polimorfizm, gen, DNT, xərçəng, PZR-RFLP*

## GİRİŞ

Yoğun bağırsağ xərçəngi geniş yayılan və qlobal miqyasda əsas ölüm səbəblərinin, xəstələnmə halları və vaxtından əvvəl ölümlərin əsas səbəbi kimi qeydə alınmaqdadır. Ümumdünya Səhiyyə Təşkilatının (ÜST) məlumatlarına əsasən, dünya üzrə bu xəstəlikdən təkcə 2012-ci ildə 8,2 milyon ölüm hadisəsi baş vermişdir (Roslan et al., 2019). Dünyada hər il 1,4 milyondan çox yoğun bağırsağın bəd xassəli şişi diaqnozu qoyulur ki, bu da bütün xərçəng diaqnozlarının təxminən 1/10-ni əhatə edir (Ferlay et al., 2012). Digər bəd xassəli şiş xəstəliklərində olduğu kimi xəstəliyin inkişafında genetik və ətraf mühit amillərinin mühüm rol oynadığı, o cümlədən virus, bakteriya və parazitlərlə yoluxma hallarının da xərçəngin inkişafı üçün güclü risk faktorları olduğu bildirilmişdir (Hold, 2016). Digər risk faktorlarına isə yoğun bağırsağ polipləri (adenomalar, hiperplastik poliplər və s.), ət və yağlı qidaların çox istifadə edilməsi, tütün məsulları, alkoqol, yaş və cins faktoru, oturaq həyat tərzi və piylənməni misal göstərmək olar (Migliore et al., 2011). Bununla yanaşı tərkibində fol turşusu, vitaminlər və liflərlə zəngin qidaların istifadəsi, eləcə də kolonoskopiya üsulu vasitəsilə adenomatoz poliplərin rezeksiya edilməsi xəstəlik riskinin azaldılmasında effektiv olmuşdur (Bretthauer, 2010; Dahm et al., 2010).



Yoğun bağırsağ xərçənginin molekulyar patogenezinə nəzər yetirdikdə, tumor supressor genlərdə (*APC*, *SMAD2*, *SMAD4*, *TP53* və s.) və onkogenlərdə (*KRAS*, *NRAS*, *HRAS* və s.) mutasiyaların toplanması ilə nəticələnən çox mərhələli bir proses olduğu nəzərə çarpır (Bellacosa, 2003). Bununla yanaşı, epigenetik dəyişikliklər də xərçəng xəstəliklərinin inkişafına təkan verən faktor kimi qəbul edilmişdir (Bird, 2002). Xərçəng xəstəliklərində tez-tez rast gəlinən epigenetik dəyişikliklərə anormal DNT metilləşməsi, histon modifikasiyaları və müxtəlif kodlaşdırmayan RNT-lərin, o cümlədən mikro-RNT növlərinin (miRNT) dəyişilmiş ekspressiya səviyyələri aid edilir (Okugawa et al., 2015). Karsinogenez prosesində miRNT-lərin rolu daha dəqiqliklə və ətraflı tədqiq edilmişdir. Uzunluğu 18-25 nukleotiddən ibarət olan miRNT-lər, ilk dəfə 1993-cü ildə *C. Elegans* üzərində aparılan təcrübələrdə post-transkripsional neqativ tənzimləyici kimi kəşf edilmişdir (Lee et al., 2003). Pri-miRNT şəklində nüvədə sintez edilmiş miRNT-lər, daha kiçik hissələrə parçalanaraq pre-miRNT şəklində nüvədən xüsusi zülallar vasitəsilə sitoplazmaya daşınır. Burada isə yetişkin miRNT-yə çevrilərək RISC (RNA-Induced Silencing Complex) adlanan zülal kompleksi ilə birləşib hədəf mRNT-lərin translyasiya olunmayan 3' (3'-UTR) nahiyəsinə bağlanaraq mRNT-lərin deqradasiyasını həyata keçirir (He et al., 2004; Mendell 2005). Günümüzdə yüzlərlə miRNT növləri aşkar edilmiş, əksəriyyətinin isə hədəflədiyi mRNT növü məlum olmuşdur. Kodlaşdırmayan miRNT-lərin bəzi növləri tumor supressor və onkogenlərin ekspressiya səviyyələrini neqativ yöndə tənzimlədiyinə görə xərçəngyaranma prosesində funksional rola sahibdir (Slaby et al., 2009). Belə miRNT növlərindən biri olan onkogen və tumor supressor kimi fəaliyyət göstərmək xüsusiyyətinə malik miR-149 növünün, müxtəlif xərçəng xəstəliklərində (mədə, ağciyər, prostat, yoğun bağırsağ və s.) anormal ekspressiya profilinə malik olduğu aşkar edilmişdir. MiR-149, 2q37.3 üzərində lokalizə olunmuşdur və 1 ekzondan ibarətdir (He et al., 2018). MiRNT kodlaşdıran gendə baş verən mutasiya və ya tək nukleotid polimorfizmləri (SNP) pre-miRNT-lərin formalaşmasına və beləliklə də hədəf mRNT-yə bağlanma prosesinə təsir göstərə bilər (Chen et al., 2008; Link et al., 2012). Tədqiqatlar miR-149 genindəki polimorfizmlərin bir çox bəd xassəli şiş növləri ilə; ağciyər, baş və boyun şişləri, mədə, hepatosellular karsinoma və süd vəzi xərçəngi və digər bəd xassəli şişlərlə əsassasiyasının olduğunu göstərmişdir (Chayeb et al., 2018).

Tədqiqat işində əsas məqsəd Azərbaycan populyasiyasında ilk dəfə olaraq yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulan xəstələrdə və praktik sağlam insanlarda PZR-RFLP metodlarından istifadə etməklə miRNT-149 kodlaşdırmayan RNT növünün C>T (rs2292832) tipli polimorfizmini tədqiq etmək, xəstə və kontrol qruplarında allel və genotip tezliklərini müqayisəli təhlil edərək xəstəliklə əlaqəsinin tədqiqindən ibarətdir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işinə Akademik M.A.Topçubaşov adına Elmi Cərrahiyyə Mərkəzində yoğun bağırsağ xərçəngi diaqnozu qoyulan xəstələr və sağlam şəxslərdən ibarət kontrol qrupu daxil edilmişdir. EDTA-lı tyublarda fərdlərdən qan nümunələri alınmış və tədqiqata daxil edilmişdir. Xəstələrə aid məlumatlar (yaş, cins, diaqnoz, patohistoloji analiz nəticələri və s.) Elmi Cərrahiyyə Mərkəzində cəmləşdirilmiş və hər bir xəstə tədqiqata qatılmaqla bağlı razılıq formasını imzalamışdır. Tədqiqata 150 yoğun bağırsağ xərçəngi və 150 sağlam insandan alınan qan nümunələri daxil edilmişdir. Qan nümunələrindən AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Biotexnologiya şöbəsi, İnsan Genetikası Laboratoriyasında İtaliyanın Sacace DNA sorb B kit protokolu əsasında DNT-nin ekstraksiyası həyata keçirilmişdir. DNT-nin kəmiyyət və keyfiyyət göstəriciləri Nanodrop (Thermo Scientific, 2000) cihazında ölçülmüşdür. Tədqiq edilən genin amplifikasiyası 25 µl həcmdə, tərkibində; 2,5 µl 10x PZR buferi, 2,5 µl MgCl<sub>2</sub> (50 mM), 0,25 µl dNTP qarışığı (20 mM), 0,5 µl praymerlər (10 pmol/µl), 0,25 µl Taq polimeraza fraqmenti (5 U/µl), 2 µl genom DNT-si (50 nq/µl) və 16,5 µl dH<sub>2</sub>O istifadə edilmişdir. PZR cihazı üçün (Applied Biosystems, USA) amplifikasiya şərtləri isə; ilkin denaturasiya 94 °C-də 5 dəq.,

denaturasiya 93 °C-də 45 saniyə, birləşmə (annealing) 62 °C-də 45 saniyə və elonqasiya 72 °C-də 5 dəqiqədən ibarət olan 35 tsikl və 5 dəqiqə 72 °C-də final elonqasiyadan ibarət olmuşdur. PZR nəticələri 1,5 %-li aqaroz gəldə elektroforez edilməklə analiz olunduqdan sonra PvuII (New England Biolabs, R0151S, 10,000 units/ml 5,000 units) restriksiya enzimidən istifadə etməklə işlənmişdir. Alınmış nəticələr aqaroz gel üzərində təhlil edilmişdir. Restriksiya enzimi PZR məhsullarını kəsməklə fraqmentlərə ayırmış və genotiplər müəyyənləşdirilmişdir. Praymer ardıcılığı və ampikon uzunluğu və istifadə edilmiş restriksiya enzimi Cədvəl 1-də göstərilmişdir.

**Cədvəl 1.** miR-149 (rs2292832) polimorfizminə aid praymer ardıcılığı

SNP	Praymer ardıcılığı	Ampikon uzunluğu	Restriksiya enzimi	Allelərin uzunluğu
<b>miR-149 rs2292832 (C&gt;)T</b>	5'TGTCTTCACTCCCGTGCTTGTCC3' 5'TGAGGCCCGAAACACCCGTA3'	254 nc	PvuII	C: 254 nc T: 196 və 60 nc

Nəticələrin biostatistik analizi hipotezə uyğunluq baxımından SPSS proqramının 17.0 versiyası ilə analiz edilmişdir. Parametrlər arasındakı assosiasiya *Pearsonun chi square* testi ilə qiymətləndirilmiş, Risk Dəyəri (Odds Ratio, OR, 95%CI) və *P* dəyəri hesablanmışdır.  $P < 0,05$  statistik olaraq əhəmiyyətli qəbul edilmişdir.

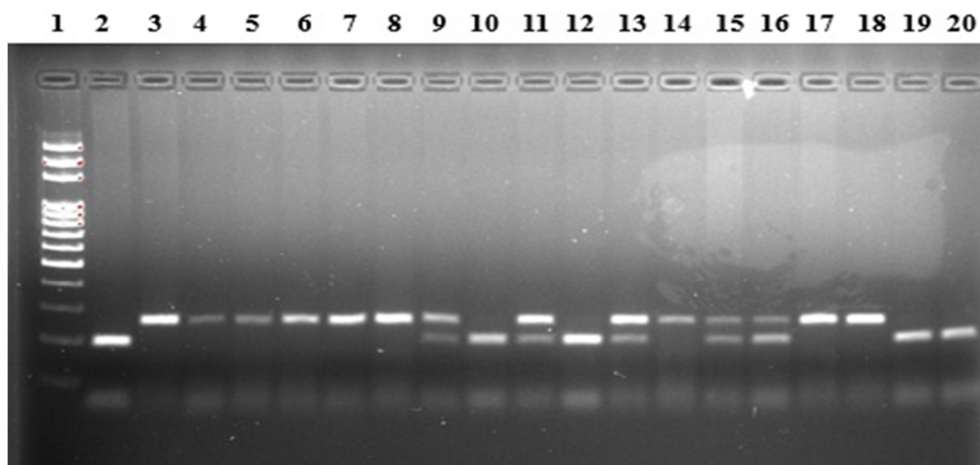
## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Tədqiqata daxil edilən 150 xəstədən 62 nəfəri (41,3%) kişi, 88 nəfəri (58,7%) isə qadınlardan, kontrol qrupu isə 59% (89/150) kişi və 41% (61/150) qadınlardan təşkil olunmuşdur. Xəstə qrupunda yaş aralığı 25-85, kontrol qrupunda isə 28-85 təşkil etmişdir. Cins faktoru ilə tədqiq edilən polimorfizm arasında pozitiv assosiasiya aşkar edilmişdir ( $P=0,002$ ). Şiş toxumasından alınan biopsiya materialının patohistoloji nəticələrinə gəldikdə isə xəstələrin 9,3%-də T1, 16%-də T2, 65,4%-də T3 və 9,3%-də isə T4 mərhələsi aşkar edilmişdir. Aşağı dərəcəyə (G1) sahib xəstələr 10%, orta dərəcəli (G2) 60%, yüksək dərəcəli (G3) 26,6% və 3,4% G4 patohistoloji analizlərlə təyin edilmişdir. Xəstə və kontrollara aid demoqrafik və klinik göstəricilər Cədvəl 2-də təqdim edilmişdir.

**Cədvəl 2.** Xəstə və kontrollara aid demoqrafik və klinik göstəricilər

Xarakteristika	Xəstələr (n=150)	Kontrol Qrupu (n=150)	<i>P</i> Dəyəri
<b>Cins</b> Kişi Qadın	62 (41,3%) 88 (58,7%)	89 (59%) 61 (41%)	<b>0.002</b>
<b>Yaş</b> Yaş Aralığı Ortalama Yaş	25-85 63,3±9,7	28-85 62,7±10,1	
<b>Şişin Mərhələsi</b> T1 T2 T3 T4	14 (9,3%) 24 (16%) 98 (65,4%) 14 (9,3%)		
<b>Şişin Dərəcəsi</b> G1 G2 G3 G4	15 (10%) 90 (60%) 40 (26,6%) 5 (3,4%)		

Xəstə və kontrollarda genotiplərin təyini PZR-RFLP metodları vasitəsilə həyata keçirilmişdir. Şəkil 1-də genotiplərin aqaroz gel görüntüsü göstərilmişdir.



Şəkil 1. PZR-RFLP metodları ilə əldə edilmiş genotiplərin aqaroz gel görüntüsü

**Ladder** (100 nc): 1

**Normal homoziqot CC:** 3, 4, 5, 6, 7, 8, 14, 17, 18

**Heteroziqot CT:** 9, 11, 13, 15, 16

**Homoziqot mutant TT:** 2, 10, 12, 19, 20

Xəstə qrupunda normal homoziqot CC genotipi 45,3% (68/150), heteroziqot CT genotipi 32,7% (49/150), mutant homoziqot TT genotipi isə 22% (33/150) aşkar edilmişdir. Kontrol qrupunda isə müvafiq olaraq 44,7% normal CC, 38% heteroziqot CT və 17,3% isə mutant TT genotipinə rast gəlinmişdir. Cədvəl 3-də hər iki qrup üçün müvafiq olaraq allel və genotip tezlikləri, risk dəyərləri və P dəyəri təqdim edilmişdir. Heteroziqot CT genotipi kontrol qrupunda daha yüksək faiz nisbətində aşkar edilmişdir. Aparılmış biostatistik analizlərin nəticələrinə əsasən CT genotipi baxımından xəstə və kontrol qrupları arasında fərq aşkar edilməmişdir ( $P > 0,05$ ;  $OR = 0,792$ ;  $95\%CI = 0,493-1,272$ ). Mutant TT genotipi qruplar arasında yüksək risk dəyəri ( $OR = 1,345$ ;  $95\%CI = 0,759-2,385$ ) göstərsə də statistik cəhətdən əhəmiyyətlik ifadə etməmişdir  $P = 0,309$ . Mutant T allelinin tezliyi xəstələrdə kontrol qrupu ilə müqayisədə daha yüksək (38,3%) rast gəlinmişdir. Lakin bu statistik baxımdan əhəmiyyətlik ifadə etməmişdir ( $P > 0,05$ ).

Cədvəl 3. Xəstə və kontrol qrupuna aid allel və genotip tezlikləri

Genotip Tezliyi	Yoğun bağırsaq xərcəngi		Kontrol qrupu		OR(95%CI)	P dəyəri
	N=150	%	N=150	%		
CC	68	45,3	67	44,7	Referans	-
CT	49	32,7	57	38	0,792(0,493-1,272)	0,334
TT	33	22	26	17,3	1,345(0,759-2,385)	0,309
Allel Tezliyi	185	61,7	191	63,7	Referans	-
C	115	38,3	109	36,3	1,089(0,782-1,517)	0,613
T						

Xərçəngin mərhələ və dərəcəsi genotip tezliyi baxımından qiymətləndirildikdə isə T3 mərhələsində heteroziqot CT 38,7%, T1 mərhələsində isə mutant TT 42,8% genotipi yüksək faiz nisbət ilə rast gəlinmişdir. Heteroziqot CT ən yüksək G4 dərəcəli şişlərdə (40%), mutant TT genotipi isə orta dərəcəli şişlərdə 23,3% aşkarlanmışdır.

**Cədvəl 4.** Şiş toxumasının patohistoloji nəticələri ilə genotiplərin qarşılaşdırılması

	<b>Homoziqot CC</b>	<b>Heteroziqot CT</b>	<b>Homoziqot TT</b>
<b>Şişin mərhələsi</b>			
T1 (14)	28,6% (4/14)	28,6% (4/14)	42,8% (6/14)
T2 (24)	54,2% (13/24)	25% (6/24)	20,8% (5/24)
T3 (98)	42,9% (42/98)	38,7% (38/98)	18,4% (18/98)
T4 (14)	64,3% (9/14)	7,1% (1/14)	28,6% (4/14)
<b>Şişin dərəcəsi</b>			
G1 (15)	46,7% (7/15)	33,3% (5/15)	20% (3/15)
G2 (90)	44,4% (40/90)	32,3% (29/90)	23,3% (21/90)
G3 (40)	47,5% (19/40)	32,5% (13/40)	20% (8/40)
G4 (5)	40% (2/5)	40% (2/5)	20% (1/5)

MiRNT-lər, transkripsiya prosesindən sonrakı mərhələdə gen ekspressiyasını tənzimləyən kiçik kodlaşdırmayan RNT-lərdir (Hollis et al., 2015). Bir sıra tədqiqatlarda miRNT-lərin yoğun bağırsağ xərçəngi üçün potensial diaqnostik və proqnostik biomarker ola biləcəyi vurğulanmışdır (Mitchell et al., 2008; Cortez et al., 2011). İran populyasiyasında 2018-ci ildə 76 xəstə və 70 kontrol qrupunda aparılan tədqiqat işində TT genotipi ilə fərdlərin yaş və cins faktorları ilə pozitiv asossasiya aşkar edilsə də tədqiq edilən miR-149 (rs2292832) polimorfizmi ilə xərçəng riski arasında pozitiv əlaqə aşkar edilməmişdir (Ranjbar et al., 2018). Tunisdə aparılan bir digər tədqiqat işində həm mutant, həm də heteroziqot genotiplər kontrol qrupu ilə müqayisədə xəstə qrupunda daha yüksək tezlikdə aşkar edilmişdir (Chayeb et al., 2018). Cari tədqiqat işində mutant genotipə sahib fərdlərin xəstə qrupunda üstünlük təşkil etməsinə baxmayaraq heteroziqot formalar kontrol qrupunda üstünlük təşkil etmişdir. Cîmpeanu və əməkdaşlarının apardığı tədqiqat işində həm heteroziqot CT, həm də mutant homoziqot TT genotipi xəstə qrupu ilə müqayisədə kontrol qrupunda yüksək tezlikdə aşkar edilmiş, miR-149 C/T polimorfizmi ilə xəstəlik arasında pozitiv əlaqə aşkarlanmamışdır (Cîmpeanu et al., 2017). Bu tədqiqatı təsdiqləyən digər meta-analiz tipli tədqiqat işində Asiya və Qafqaz populyasiyasında miR-149 polimorfizmi baxımından fərqin və xərçəngyaranma ilə asossasiyasının olmadığı bildirilsə də TT genotipininmədə-bağırsağ traktı xərçəngi riskinin azalması, heterozigot CT genotipinə sahib olanlarda isə riskin artması göstərilmişdir (Choupani et al., 2019). Tədqiq edilən rs2292832 tipli polimorfizminin xərçəngə tutulma riskini artırdığını göstərən tədqiqat işləri də mövcuddur (Du et al., 2014).

Bu gen polimorfizminin müxtəlif populyasiyalarda və subqruplarda heterogenlik göstərərək xərçəngyaranma prosesində rolu olduğu və riski artırdığı məlum olmuşdur. Azərbaycan populyasiyasında ilk dəfə olaraq yoğun bağırsağ xərçəngi və kontrol qrupunda kiçik kodlaşdırmayan mikro RNT növü miR-149 C>T tədqiq edilmiş, PZR-RFLP üsulu ilə genotipləndirilməsi həyata keçirilmiş, genotip və allel tezlikləri müqayisəli şəkildə analiz edilmişdir. Nəticələrə əsasən mutant TT genotipləri xəstə qrupunda daha yüksək aşkar edilmiş, heteroziqot CT genotipləri isə kontrol qrupunda üstünlük təşkil etmişdir. Aparılan biostatistik analiz nəticələrinə əsasən isə istər genotip istərsə də allel tezliklərinə görə statistik əhəmiyyətlik aşkarlanmamışdır. Alınan nəticələr populyasiyamızda tədqiq edilən gen polimorfizmi yoğun bağırsağ xərçənginin inkişafı üçün risk təşkil etmədiyini söyləməyə əsas verir.

## ƏDƏBİYYAT

**Bellacosa A.** (2003) “Genetic hits and mutation rate in colorectal tumorigenesis: versatility of Knudson’s theory and implications for cancer prevention” // *Genes Chromosomes and Cancer*, vol. 38, no. 4, pp. 382–388

**Bretthauer M.** (2010) Evidence for colorectal cancer screening // *Best Pract Res. Clin. Gastroenterol. Aug*; 24(4):417-25

**Chayeb V., Mahjoub S., Zitouni H., Jrah-Harzallah H., Zouari K., Letaief R., Mahjoub T.** (2018) Contribution of microRNA-149, microRNA-146a, and microRNA-196a2 SNPs in colorectal cancer risk and clinicopathological features in Tunisia // *Gene. Aug. 5*;666:100-107

**Chen K., Song F., Calin G.A., Wei Q., Hao X., Zhang W.** (2008) Polymorphisms in microRNA targets: a gold mine for molecular epidemiology // *Carcinogenesis. 29*(7):1306–1311

**Choupani J., Nariman-Saleh-Fam Z., Saadatian Z., Ouladsahebmadarek E., Masotti A., Bastami M.** (2019) Association of mir-196a-2 rs11614913 and mir-149 rs2292832 Polymorphisms With Risk of Cancer: An Updated Meta-Analysis // *Front Genet. Mar. 15*;10:186

**Cîmpeanu R.A., Popescu D.M., Burada F., Cucu M.G., Gheonea D.I., Ioana M., Rogoveanu I.** (2017) miR-149 rs2292832 C>T polymorphism and risk of gastric cancer// *Rom. J. Morphol. Embryol.*58(1):125-129

**Cortez M.A., Bueso-Ramos C., Ferdin J., Lopez-Berestein G., Sood A.K., Calin G.A.** (2011) MicroRNAs in body fluids-the mix of hormones and biomarkers // *Nat. Rev. Clin. Oncol. 8*:467–477

**Dahm C.C., Keogh R.H., Spencer E.A., Greenwood D.C., Key T.J., Fentiman I.S., Shipley M.J., Brunner E.J., Cade J.E., Burley V.J., Mishra G., Stephen A.M., Kuh D., White I.R., Luben R., Lentjes M.A., Khaw K.T., Rodwell Bingham S.A.** (2010) Dietary fiber and colorectal cancer risk: a nested case-control study using food diaries // *J. Natl. Cancer Inst. May 5*;102(9):614-26

**Du W., Ma X.L., Zhao C., Liu T., Du Y.L., Kong W.Q., Wei B.L., Yu J.Y., Li Y.Y., Huang J.W., Li Z.K., Liu L.** (2014) Associations of single nucleotide polymorphisms in miR-146a, miR-196a, miR-149 and miR-499 with colorectal cancer susceptibility// *Asian. Pac. J. Cancer Prev.*15(2):1047-55

**Ferlay J., Soerjomataram I., Dikshit R., Eser S., Mathers C., Rebelo M.** (2012) Cancer incidence and mortality worldwide: sources, methods and major patterns in GLOBOCAN// *Int. J. Cancer* 2015;136:E359–E386

**He L., Hannon G.J.** (2004) MicroRNAs: small RNAs with a big role in gene regulation// *Nat. Rev. Genet. 5*:522–531

**He Y., Yu D., Zhu L., Zhong S., Zhao J., Tang J.** (2018) miR-149 in Human Cancer: A Systemic Review// *J. Cancer. Jan 1*;9(2):375-388

**Hold G.L.** (2016) Gastrointestinal Microbiota and Colon Cancer // *Dig. Dis.*34(3):244-50

**Lee R.C., Feinbaum R.L., Ambros V.** (2003) The *C. elegans* heterochronic gene *lin-4* encodes small RNAs with antisense complementarity to *lin-14* // *Cell. 75*:843–854

**Link A., Kupcinskis J., Wex T., Malfertheiner P.** (2012) Macro-role of microRNA in gastric cancer // *Dig. Dis.*, 30(3):255–267

**Roslan N.H., Makpol S., Mohd Yusof Y.A.** (2019) A Review on Dietary Intervention in Obesity Associated Colon Cancer // *Asian Pac. J. Cancer Prev. May 25*;20(5):1309-1319

**Mendell J.T.** (2005) MicroRNAs: critical regulators of development, cellular physiology and malignancy // *Cell Cycle. 4*:1179–1184

**Migliore L., Migheli F., Spisni R., Coppedè F.** (2011) Genetics, cytogenetics, and epigenetics of colorectal cancer // *J. Biomed. Biotechnol.*2011:792362

**Mitchell P.S., Parkin R.K., Kroh E.M., Fritz B.R., Wyman S.K., Pogosova-Agadjanyan E.L., Peterson A., Noteboom J., O'Briant K.C., Allen A.** (2008) Circulating microRNAs as

stable blood-based markers for cancer detection // Proc. Natl. Acad. Sci. USA.105:10513–1051.

**Okugawa Y., Grady W.M., Goel A.** (2015) Epigenetic Alterations in Colorectal Cancer: Emerging Biomarkers // Gastroenterology. Oct;149(5):1204-1225.e12

**Ranjbar R., Chaleshi V., Aghdaei H.A., Morovvati S.** (2018) Investigating the Association Between miR-608 rs4919510 and miR-149 rs2292832 with Colorectal Cancer in Iranian Population // Microna.7(2):100-106

**Slaby O., Svoboda M., Michalek J., Vyzula R.** (2009) MicroRNAs in colorectal cancer: translation of molecular biology into clinical application // Mol. Cancer. 8:102

## **ИЗУЧЕНИЕ РОЛИ C>T ПОЛИМОРФИЗМА НЕКОДИРУЮЩИХ ТИПОВ МИКРО РНК ПРИ КОЛОРЕКТАЛЬНОМ РАКЕ**

**Б.И.Байрамов**

*Институт генетических ресурсов НАНА*

Колоректальный рак - одна из самых распространенных опухолей желудочно-кишечного тракта с высокой летальностью и прогрессированием. В целом канцерогенез - это сложный, многоэтапный процесс, который происходит под влиянием как генетических, так и экологических факторов риска. Некодирующая РНК -тип эпигенетической модификации, который наряду с тем, что является регулятором многих фундаментальных биологических процессов (дифференциация, клеточный цикл, апоптоз, ангиогенез и т.д.), может также выступать в процессе канцерогенеза, как в роли онкогена, так и супрессора опухоли. В данном исследовании мы проанализировали полиморфизм C>T (rs2292832) у микро-РНК 149 (miRNA-149), являющегося разновидностью малых не кодирующих РНК. Была установлена связь однонуклеотидных полиморфизмов, встречающихся в некоторых не кодирующих типах микроРНК с риском развития рака толстой кишки, однако в некоторых этнических группах данную ассоциацию установить не удалось. В данное исследование были включены 150 пациентов с диагнозом колоректальный рак и контрольная группа из 150 здоровых людей. У больных и контрольной группы в пробирки с ЭДТА были взяты образцы крови и была проведена экстракция ДНК. Определение полиморфизмов проводили методом ПЦР-ПДРФ, результаты оценивали электрофорезом в агарозном геле. В то время, как частота генотипов в группе пациентов составляла - 45,3% нормальных гомозигот (СС), 32,7% гетерозигот (СТ), 22% мутантных гомозигот (ТТ), в контрольной группе данное соотношение составило 44,7%, нормальных гомозигот (СС), 38% гетерозигот (СТ) и 17,3% мутантных гомозигот (ТТ). Было установлено, что хотя в группе пациентов преобладал мутантный генотип ТТ, в контрольной группе был выше гетерозиготный СТ (38%). Высокая частота выявления мутантного аллеля Т в группе пациентов предполагает, что полиморфизм этого гена может иметь прогностическое значение при колоректальном раке.

Высокая частота мутантного Т-аллеля в группе больных предполагает, что полиморфизм этого гена может иметь прогностическое значение при колоректальном раке.

**Ключевые слова:** микро РНК, полиморфизм, гены, ДНК, рак, ПЦР-ПДРФ

## **STUDYING THE ROLE OF C> T POLYMORPHISM OF NON-CODING MICRO-RNA TYPES IN COLORECTAL CANCER**

**B.I.Bayramov**

*Genetic Resources Institute of ANAS*

Colorectal cancer is the most common gastrointestinal malignancy occurring in males and third in females across the globe associated with high mortality and morbidity. Carcinogenesis is a complex multi-step process caused by both genetic and environmental risk factors. Non-coding RNA, a type of

epigenetic modification, is a regulator of many fundamental biological processes (differentiation, cell cycle, apoptosis, angiogenesis, etc.) and can act as oncogenes and tumor suppressor in the carcinogenesis. In this current study, we analyzed the C>T rs2292832 polymorphism of micro-RNA 149 (miRNA-149), a type of small non-coding RNA. Some single nucleotide polymorphisms occurring in non-coding RNA types, associated with the risk of colon cancer, but in some ethnic groups, this has been ineffective. One hundred fifty patients diagnosed with colorectal cancer and 150 control groups were included in the study. Blood samples from patients and controls taken from EDTA tubes and DNA extraction were performed. The determination of polymorphisms was carried out by the method of PCR-RFLP and the results were evaluated by agarose gel electrophoresis. Genotypic frequencies in the patient group were 45.3%, 32.7% and 22% for normal homozygous (CC), heterozygous (CT), mutant homozygous (TT) and in the control group were 44.7%, 38%, and 17.3% for normal homozygous (CC), heterozygous (CT) and mutant (TT), respectively. Although the mutant TT genotype was higher in the patient group, the heterozygous CT genotype was found to be higher (38%) in the control group. The high incidence of the mutant T allele in the patient group suggests that polymorphism of this gene may have prognostic significance in colorectal cancer.

**Keywords:** *micro-RNA, polymorphism, genes, DNA, cancer, PCR-RFLP*

# **SİTOGENETİKA**

## **SİTOGENETICS**



OT 631.527.5:633.112.9

## TRİTİKALE İLƏ YUMŞAQ BUĞDA HİBRİDLƏŞMƏSİNDƏN ALINAN AD908 POLİEMBRİON XƏTTİNİN MOLEKULYAR SİTOGENETİK TƏDQIQI

\*S.P.MEHDİYEVA<sup>1</sup> b.ü.f.d., N.X.ƏMİNOV<sup>1</sup> b.e.d., prof., A.HOUBEN<sup>2</sup> b.e.d., prof.

<sup>1</sup>AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı, AZ 1106, Azadlıq pr., 155  
anaib@rambler.ru; mora271976@gmail.com

<sup>2</sup>Leybnits adına Bitki Genetikası və Kənd Təsərrüfatı Bitkilərinin Tədqiqatı İnstitutu, Almaniya, Gatersleben, 06466, Corrensstraße 3  
houben@ipk-gatersleben.de

Tədqiqat işində tritikale ABDR (genom formulu AABRR (*T.durum/Ae. squarrosa/Secale cereale* ssp. *segetale*),  $2n=42$ ) ilə yumşaq buğdanın var. *velutinum* növmüxtəlifliyinin hibridləşməsindən alınan və ana valideyn formasının müxtəlif hibrid populyasiyalarında poliembrioniya (PE) əlamətinin ən yüksək rastgəlmə tezliyinə (0,26 -11, 98%) görə seçilən AD 908 poliembrion xəttinin ND-FİSH metoduna əsasən molekulyar sitogenetik analizi aparılmışdır. ND-FİSH analizində xromosom və genom identifikasiyası üçün müvafiq olaraq DNT zond və yaxud problemləri qismində Oliqo-pSc119.2-1, Oliqo-pTa535-1 və çovdar bitkisinin total genom DNT-si, qeyri spesifik hibridləşmənin qarşısının alınması üçün bloklayıcı DNT qismində isə Çayniz Spring (Chinese Spring) heksaploid buğda sortunun total genom DNT-si istifadə edilmişdir. Tədqiqatın nəticəsində AD908 poliembrion xəttinin ana valideyn forması ilə oxşar genom tərkibinə - 14 cüt buğda və 7 cüt çovdar xromosomuna malik olduğu aşkar edilmişdir. Bu xəttin hər iki komponenti – sitoplazma və çovdarın tam xromosom dəstini ana valideyn forması tritikale ABDR -dən almasını nəzərə alsaq, sonuncu ilə fərqi yalnız rekombinant olması gözlənilən, bərk və yumşaq buğda üçün ümumi olan A və B subgenomlarındadır. Beləliklə, aparılmış sitogenetik analizə əsasən AD908 xəttinin A və B subgenomlarını təşkil edən xromosomların heç birinin artıq dozada olmaması, onun genomunda PE əlamətinə cavabdeh olan rekombinasiyanı böyük ehtimalla AB genom komponentləri arasındakı homoloji xromosomların yerdəyişmə və ya mübadilələri ilə və yaxud da digər xromosom rekonstruksiyaları ilə izah etmək olar.

*Açar sözlər:* tritikale, yumşaq buğda, çarpazlaşma, poliembrioniya, molekulyar sitogenetik analiz, ND-FİSH

## GİRİŞ

Bitkilərdə poliembrioniya (PE) və yaxud çoxrüşeymlilik cücrən toxumda nadir hallarda müşahidə edilən iki və ya daha çox cücrətinin eyni zamanda əmələ gəlməsinə deyilir. Bitki poliembrioniyası ilk dəfə olaraq 1719-cu ildə Holland alimi Anton van Levenhuk tərəfindən narınc bitkisinin (*Citrus aurantium* L.) toxumlarında təsvir edilmişdir. Hal-hazırda isə örtülütoxumlularla müqayisədə daha çox çıpaqtoxumlulara xas olan əlamət kimi, hər iki şöbənin ümumilikdə 59-a yaxın bitki fəsiləsini əhatə edən 158 cinsə aid bitki növündə qeyd edilmişdir (Batygina, Vinogradova, 2007). Embriogeneza prosesində onu törədən hüceyrələrin mənşəyindən asılı olaraq PE əsasən iki tipə ayrılır: qametofit və sporofit. PE əlamətinə malik toxumlarda cücrətilərin rüşeym kisəsindən (yumurtacıqdan, ziqotdan, sinergid və antipodlardan), nutsalus toxumasından və intequmentdən əmələ gəlməsindən asılı olaraq hər birinin yalnız monoploid və ya haploid (xromosomların normal sayının yarısına ( $n$ )), diploid (xromosomların normal sayına malik ( $2n$ )) və yaxud müxtəlif ploidiyə aid olaraq hər ikisinə mənsub olduqları müəyyən edilmişdir (Titova et al., 2016). Belə ki, zeytun toxumlarında aparılmış tədqiqatda PE nəticəsində əmələgələn əkiz rüşeymlərin hər ikisinin diploid ( $2n$ ) olmaqla müxtəlif mənşəli – ziqot və nutsalusdan, kartof və kətan bitkilərindəki əkiz rüşeymlərdən birinin diploid ( $2n$ ) olmaqla ziqotdan, digərinin isə haploid ( $n$ ) olub sinergiddən, qulançarda və qarğıdalıda əkiz embrionların

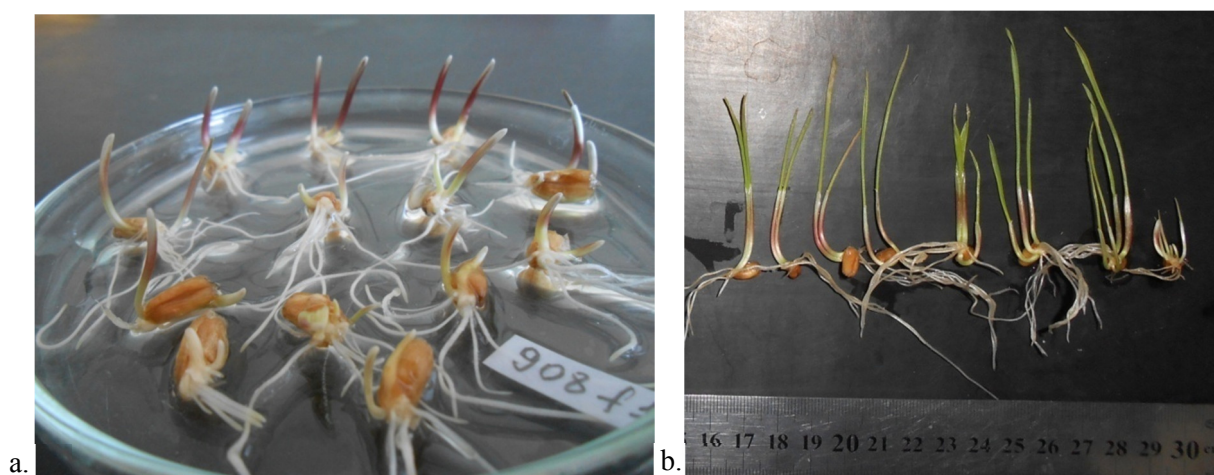
hər ikisinin diploid olmaqla proembriodan (bölünməyə yeni başlamış embrion), sitruslarda və papayada cinsi yolla yanaşı digər embrionların nutselusdan, buğdadada əkiz embrionlardan birinin yumurtahüceyrədən ( $n$ ), digərinin isə mayalanmış sinergiddən ( $2n$ ) əmələ gəldiyi müəyyən edilmişdir (Trapero et al., 2014). Müxtəlif tədqiqatçılar tərəfindən çoxrüşeymliliyi törədən faktorlar qeyd edilsə də onun induksiyası və mexanizmləri çoxsaylı müzakirələrə səbəb olmuşdur. Bəzi tədqiqatçılar örtülü toxumlularda əlavə rüşeymlərin əmələ gəlməsini apomiksisin, pozulmuş xromosom balansının, poliploidləşmənin, mutasiyaların, böyümə hormonlarının təsirinin, hibridləşmənin, şüalanmanın, müxtəlif biotik və abiotik amillərin təsiri nəticəsində müşahidə edildiyini qeyd edirlər (Batygina, Vinogradova, 2007).

Kənd təsərrüfatında PE əlaməti bir bitkidə gövdə sayının normadan çox olmasına səbəb olaraq səpinə ayrılmış toxuma qənaət edilməsinə rəğmən əkin sahəsində yenə də nəzərdə tutulmuş məhsuldarlıq üçün lazımı sünbül sayı və yaxud bitki sıxlığının təmin edilməsi baxımından perspektivli əlamət sayılır (Michel et al., 2017).

Hazırkı tədqiqat işində əsas məqsəd sahə təcrübəsində tritikale ilə yumşaq buğda hibridləşməsindən aldığımız AD908 poliembrion xəttinin molekulyar sitogenetik analizidir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işinin materialı kimi AD 908 poliembrion xətti istifadə olunmuşdur ki, onun da yaradılmasında ana valideyn qisminə AMEA-nın Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Molekulyar sitogenetika şöbəsinə aid kolleksiyadan götürülmüş yapon tədqiqatçısı M.Tanaka tərəfindən alınmış sintetik buğda ABD (*T. durum/Ae.squarrosa* ssp.*meyeri* Griseb.,  $2n=42$ , genom AABBDD, Yaponiyanın Kyoto genbankındakı kataloq nömrəsi AD 221-16a, Rusiyanın VİR genbankında - k-45918) ilə çovdarın (*Secale cereale* ssp. *segetale* Zhuk. ( $2n=14$ , genom RR)) hibridləşməsindən alınmış buğda-çovdar amfidiploidi (tritikale) ABDR-dən ( $2n=42$ ) istifadə edilmişdir (Аминов, Мамедов, 1981). Ata valideyn qisminə isə yumşaq buğdanın var. *velutinum* növü müxtəlifliyi istifadə edilmişdir. AD 908 poliembrion xətti tritikale ABDR-in cinsdaxili və cinsarası hibrid populyasiyalarından alınan xətlər arasında PE əlamətinə görə ən yüksək rastgəlmə tezliyinə malik olmuşdur (Мехтиева, 2013). Bu xəttə aid dənələrdə stabil olaraq monokoleotil (ümumi koleoptilli) və polikoleotil (bitişik və ya ayrı-ayrı koleoptilli), həmçinin də hər ikisindən ibarət əkiz cücərtilərə rast gəlinir (Şəkil 1.)



Şəkil 1. a,b. AD 908 xəttinə aid poliembrion cücərtilər

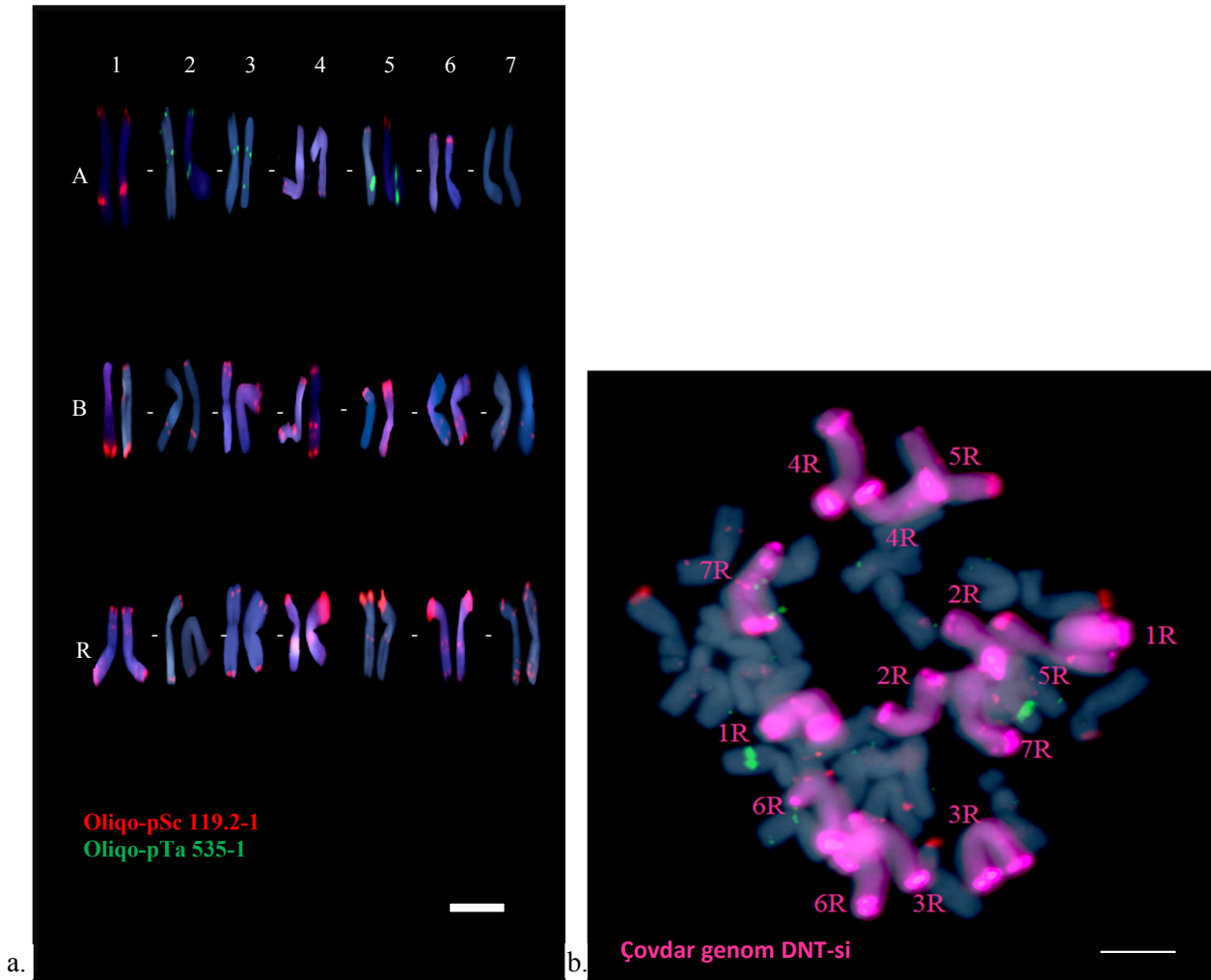
Xəttin oliqoproblarla molekulyar sitogenetik analizi (FISH və GISH) ilk dəfə 2010- cu ildə təklif edilərək sonralar təkmilləşdirilmiş denaturasiyasız ND-FISH (non -denatured FISH) protokoluna əsasən yerinə yetirilmişdir (Cuadrado, Jouve, 2010; Fu et al., 2015). Xromosom və

genom identifikasiyası üçün müvafiq olaraq DNT zondları və yaxud problemləri qismində Oliqo pSc119.2-1, Oliqo pTa535-1 və çovdar bitkisinin total genom DNT-si, qeyri spesifik hibridləşmənin qarşısının alınması üçün bloklayıcı DNT qismində isə Çayniz Spring heksaploid buğda sortunun total genom DNT-si istifadə edilmişdir. Oliqo pSc119.2-1 qırmızı rəngli rodamin (FAM 5'CCGTTTTGTGGACTATTACTACCGCTTTGGGGTCCCATAGCTAT3'), Oliqo pTa535-1 yaşıl rəngli flüoressein (Tamra 5'AAAACTTGACGCACGTCACGTACAAATTGGACAAACTCTTTTCGGAGTATCAGGGTTTC3') və çovdarın total genom DNT-si isə tünd qırmızı ATTO 647 (mikroskopdan alınan şəkillərdə proqram təminatı vasitəsilə tünd çəhrayı psevdorəng ilə əvəz olunur) flüoroxromları ilə nişanlanmışdır. Sitogenetik preparatların vizualizasiyası və şəkillərinin çəkilməsi müvafiq olaraq Olympus BX61 epiflüorescent mikroskopu və ona qoşulu olan ORCA ER CCD kamerası ilə aparılmışdır (Hamamatsu). Siqnal intensivliyinin tənzimi və psevdorənglənmə CellDimensions (Soft Imaging System) və Adobe Photoshop CSS Extended Version 12.1 (Adobe) proqram təminatları vasitəsilə həyata keçirilmişdir.

### NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

ND-FİSH metodu ilə molekulyar sitogenetik analizin nəticəsi, xromosomlarla hibridləşmədə istifadə edilmiş oliqoproblar və nişanlanmış total çovdar DNT-sinə görə, AD 908 poliembriyon xəttinin onun alınmasında ana valideyn forması qismində götürülmüş və dənələrində PE əlaməti müşahidə edilməyən tritikale ABDR ilə eyni siqnal patterninə və xromosom tərkibinə (28 buğda və 14 çovdar xromosomuna) malik olduğunu aşkar etmişdir (Şəkil 2).

L.A.Pərşina və həmkarları 5 buğda-çovdar əvəzolunmuş (1R(1D), 2R(2D), 3R(3B), 5R(5A), 6R(6A)) xətləri ilə arpa buğda alloplazmatik rekombinant xətti arasındakı resiprok hibridlərdə, yalnız axırıncının ana forması qismində götürülərək 1R(1D) və 3R(3B) əvəzolunmalarını daşıyan formalarla çarpazlaşmasından alınan kombinasiyalarda PE müşahidə edərək, bu əlamətin fenotipik təzahürünü uzaq hibridləşmənin nəticəsi olaraq məhz arpa sitoplazması ilə 1R və 3R çovdar xromosomlarının qarşılıqlı təsiri ilə izah etmişdilər. Müəlliflər bu nəticəni əsaslandırarkən yapon tədqiqatçıların ana valideyn qismində istifadə etdikləri *Aegilops* sitoplazmasını daşıyan yumşaq buğda xətləri ilə 1BL:1RS translokasiyasını daşıyan yumşaq buğda sortu Salmon arasındakı hibridləşmədən alınan cürcütlərdə də PE əlamətinin müşahidə olunduğunu qeyd etmişlər (Pershina, et al., 2007). Bizim tədqiq ediyimiz poliembriyon xətt AD 908 bərk buğdanın (*T.durum* ( $2n=28$ , genom AABB)) sitoplazmasına və ND-FİSH analizinə əsasən çovdarın (*S. cereale* ( $2n=14$ )) tam xromosom dəstinə malikdir. Bu xəttin hər iki komponenti, yəni sitoplazmasını və çovdarın tam xromosom dəstinə ana valideyn forması tritikale ABDR-dən almasını nəzərə alsaq, sonuncu ilə fərqi yalnız rekombinant olması gözlənilən, bərk və yumşaq buğda üçün ümumi olan A və ya B subgenomlarındadır. Beləliklə, sitogenetik analizə əsasən AD 908 xəttinin A və B subgenomlarını təşkil edən xromosomların heç birinin artıq dozada olmaması, onun genomunda PE əlamətinə cavabdeh olan rekombinasiyanı böyük ehtimalla bərk və yumşaq buğdaya aid AB genom komponentləri arasındakı homoloji xromosomların yerdəyişmə və ya mübadilələri ilə və yaxud da digər xromosom rekonstruksiyaları ilə izah etmək olar. Digər tərəfdən isə PE əlamətinin tritikale ABDR-in cinsdaxili və cinsarası hibrid populyasiyalarında yalnız tritikale fenotipinə malik xətlər arasında müşahidə edilməsi bu əlamətin təzahürünə çovdar xromatininin də müəyyən təsirinin olmasını göstərir. Tritikale fenotipinə malik xətlərin isə öz növbəsində yalnız 1/10-ində PE əlamətinin müşahidə edilməsi sonuncunun ekspresiya səbəbini həmin xətlərdəki buğda və çovdar xromatinində genlərin spesifik kombinasiyasının nəticəsi kimi qəbul etmək olar. Hibrid bitkilər üzərində aparılmış tədqiqat işləri xromosom rekonstruksiyaları ilə yanaşı, onların genomlarında tandem təkrarların amplifikasiyası, mobil elementlərin aktivasiyası, gen ekspresiyasının modifikasiyaları və digər genom, xromosom və gen səviyyəsində müşahidə edilən əhəmiyyətli dəyişikliklərin olmasını sübut etmişdir (Glombik et al., 2020).



**Şəkil 2.a.** Poliembrion xətt AD 908 ( $2n=42$ ) ilə onun ana valideyn forması tritikale ABDR-in ( $2n=42$ ) xromosom dəstlərinin müqayisəli ND-FISH analizi (homoloji xromosom cütlərində sol tərəfdə AD 908, sağ tərəfdə isə ABDR-in xromosomudur); **b.** Poliembrion xətt AD 908-in çovdar xromosomlarının ND-FISH analizi. Miqyas  $10\mu\text{m}$ .

Qeyd etmək lazımdır ki, əksər tədqiqatçılar tərəfindən PE əlaməti hibridləşmələrdə irsən ötürülməsinə görə ressesiv, ikinci nəsildə 15:1 nisbətində parçalanma verən natamam penetrant əlamət sayılır. Yalnız biri və ya hər ikisi PE əlamətinə malik valideyn formalarının hibridləşməsindən asılı olaraq sitrus bitkilərində bu əlamətin bir və yaxud iki və ya çox az sayda dominant genlərlə idarə olunması haqqda fikirlər də irəli sürülmüşdür (Kumar et al., 2014). Bizim tədqiq etdiyimiz AD 908 xəttinin yumşaq buğda, tritikale və buğdanın yadinsli amfiploid və amfidiploidləri ilə hibridləşmələrində PE əlaməti ressesiv əlamət olmuş və ikinci nəsildə parçalanması cüzi variasiyalarla yuxarıda göstərilən nisbətə yaxın olmuşdur.

İndiyə qədər PE əlamətinin fenotipdə təzahürünün heç bir bitkidə 100% -lik olmaması onun bitki sortlarının yaradılması istiqamətində seleksiya proqramlarına salınmasının qarşısını alsada, bu əlamətin tədqiqinə aid seleksiya işlərində müəyyən çarpazlaşma sxemləri vasitəsilə onun rastgəlmə tezliyinin 1,5% -dən 65% -ə qədər yüksəltmə mümkünlüyünün təsdiq olunması və əlamətin ekspresiyasını kodlaşdıran genlərin müəyyənləşdirilməsi istiqamətində aparılan molekulyar genetik tədqiqatlar gələcəkdə onun rastgəlmə tezliyinin artırılması ilə tam penetrantlığının təmin edilməsinə ümid verir (Michel et al., 2017).

AD 908 xəttində PE əlamətinin rastgəlmə tezliyi bitkinin sünbül fertilliyi ilə müsbət

korrelyasiya göstərərək 0,26-11,98% arasında variasiya etmişdir. PE dənələr ən yüksək tezliklə sünbülün orta hissəsindəki sünbülcüklərin bazal (sünbül oxuna ən yaxın) çiçəklərində formalaşmışdır. PE əlamətinin bu xətdə illər ərzində davamlı olaraq müşahidə edilməsi və irsən ötürülməsi onun genetik idarə olunmasını sübut edir. PE əlamətinin genetik tədqiqinə dair elmi işlərin sayı azdır və onlar əsasən bu əlamətin daha çox müşahidə olunduğu sitrus bitkilərinə və az sayda dənli bitkilərə aiddir. Belə ki, hər toxumunda 20-dən çox rüşeym daşıyan, apomiksise meyilli sitrus bitkilərinin birinci nəsil hibridlərində molekulyar genetik markerlərlə PE ilə ilişikli lokus identifikasiya edilmiş (Keriro, Roose, 2010), sekvens edilərək nukleotid ardıcılığının üzümün 4-cü və qovağın 6-cı xromosomundakı ardıcılıqlarla kollinearlıq (uyğunluq) göstərdiyi aşkar edilmişdir (Nakano et al., 2012). Həmçinin, PZR əsaslı supressiyalı substraktiv hibridləşmə (SSH) və mikroçip vasitəsilə namizəd genlərin təyini aparılmışdır (bu hissə tam anlaşılmır (Kumar et al., 2014). Dənli bitkilərdən qarğıdalıda PE əlamətinin tədqiqi onu kodlaşdıran genin mitotik bölünmələrə təsir göstərən *ig* geni ilə ilişikli olmasını, RAPD markerləri ilə mono- və poliembriyon bitkilərin analizi isə onların bu markerlərə görə fərqli patternə malik olmalarını göstərmişdir (Andrade-Rodriguez et al., 2005). Digərdənli bitki – düyüdə T-DNA/*Ds* insersiyası nəticəsində 15-20% arası PE müşahidə edilən mutant xətt Basmati 370 yaradılaraq əlamətə cavabdeh olan gen *OsPE* klonlaşdırılmışdır (Puri et al., 2010). Tritikaedə və ən çox da buğdadə PE əlaməti bir çox tədqiqatçılar tərəfindən çox cüzi rastgəlmə faizi ilə müşahidə edilsə də, onun molekulyar genetik tədqiqinə aid işlər yoxdur. Beləliklə, AD 908 xəttinin molekulyar sitogenetik analizlərə əsasən genom konstitusiyası məlum olduğdan sonra, növbəti tədqiqatda bu xəttin istifadəsilə yaradılmış hibrid populyasiyasının molekulyar genetik markerlərlə tədqiqi PE əlamətinə ilişikli namizəd markerlərin tapılmasına imkan yaradır. Digər istiqamət kimi, bu xəttin daşdığı PE əlamətinin rastgəlmə tezliyinin müəyyən çarpazlaşma sxemləri vasitəsilə artırılması da məqsəduyğun sayıla bilər.

## MİNNƏTDARLIQ

Bu işdə molekulyar sitogenetik analizlər AMEA-nın təşkil etdiyi Avropada Postdoktoral Elmi Tədqiqatların aparılması proqramına ayrılan qrant vasitəsilə yerinə yetirilmişdir.

## ƏDƏBİYYAT

- Аминов Н.Х., Мамедов А.Р.** (1981) Некоторые особенности трёхродовых гибридов (*Triticum* × *Aegilops*) × *Secale*// Материалы VI съезда генетиков и селекционеров Азербайджана. Баку: Элм, с. 26.
- Мехтиева С.П.**(2013) Полиэмбриония У Гибридов Пшенично-Ржаного Амфиплоида ABDR (2013) (2n=42)// AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), cild 68, №2, səh. 115-120
- Andrade-Rodriguez M., Villegas-Monter A., Gutierrez-Espinoza M.A., Carrillo-Castaceda G., Garcia-Velázquez A.** (2005) Polyembryony and RAPD markers for identification of zygotic and nucellar seedlings in *Citrus* // *Agrociencia*, Vol. 39, pp. 371-383
- Batygina T.B., Vinogradova G.Y.** (2007) Phenomenon of polyembryony. Genetic heterogeneity of seeds // *Russian Journal of Developmental Biology*, Vol.38, pp.126–151
- Cuadrado, Á., Jouve, N.** (2010) Chromosomal detection of simple sequence repeats (SSRs) using non-denaturing FISH (ND-FISH) // *Chromosoma*, Vol.119, pp.495–503
- Fu S., Chen L., Wang Y., Meng Li, Yang Z., Qiu L., Yan B., Ren Z., Tang Z.** (2015) Oligonucleotide Probes for ND-FISH Analysis to Identify Rye and Wheat Chromosomes // *Scientific Reports*, Vol.5, 10552, pp.1-7
- Glombik M., Bačovský V., Hobza R., Kopecký D.** (2020) Competition of Parental Genomes in Plant Hybrids // *Front Plant Sci.*, Vol.11, pp.1-11

- Kepiro, J.L., Roose, M.L.** (2010) AFLP markers closely linked to a major gene essential for nucellar embryony (apomixis) in *Citrus maxima* × *Poncirus trifoliata* // *Tree Genetics & Genomes*, Vol. 6, pp.1–11
- Kumar V., Malik S.K., Pal D., Srinivasan R., Bhat S.R.** (2014) Comparative transcriptome analysis of ovules reveals stress related genes associated with nucellar polyembryony in citrus // *Tree Genetics & Genomes* Vol.10, pp. 449-464
- Michel R.M., Cruz-Requena M., Avendaño-Sanchez M.C., González-Vazquez V.M., Flores-Gallegos A.C., Aguilar C.N., Espinoza-Velázquez J.E., Rodríguez-Herrera R.** (2017) Polyembryony in Maize: A Complex, Elusive, and Potentially Agronomical Useful Trait // In book: *Maize Germplasm – Characterization and Genetic Approaches for Crop Improvement*, Chapter 2, pp.5-24
- Nakano M., Shimada T., Endo T., Fujii H., Nesumi H., Ebina M., Shimizu T., Omura M.** (2012) Characterization of genomic sequence showing strong association with polyembryony among diverse *Citrus* species and cultivars, and its synteny with *Vitis* and *Populus* // *Plant science*, Vol.183, pp.131-142
- Pershina, L.A., Rakovtseva, T.S., Belova, L.I., Devyatkina E.P., Silkova O.G., Kravtsova L.A., Shchapova A.I.** (2007) Effect of rye *Secale cereale* L. chromosomes 1R and 3R on polyembryony expression in hybrid combinations between (*Hordeum* L.)-*Triticum aestivum* L. alloplasmic recombinant lines and wheat-rye substitution lines *T. aestivum* L.-*S. cereale* L.//*Russian Journal of Genetics*, Vol. 43, pp.791–797
- Puri A., Basha P.O., Kumar M., Rajpurohit D., Randhawa G.S., Kianian S.F., Dhaliwal H.S.** (2010) The polyembryo gene (*OsPE*) in rice // *Functional & Integrative Genomics*, Vol.10, pp. 359-366
- Titova G.E., Seldimirova O.A., Kruglova N.N., Galin I.R., Batygina T.B.**(2016) Phenomenon of“Siamese embryos” in cereals in vivo and in vitro: Cleavage polyembryony and fasciations. *Russian Journal of Developmental Biology* //Vol.47, pp.122-137
- Trapero C., Barranco D., Martín A., Díeza M.C.** (2014) Occurrence and variability of sexual polyembryony in olive cultivars // *Scientia Horticulturae*, Vol.177, pp.43-46

#### МОЛЕКУЛЯРНО-ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИЭМБРИОННОЙ ЛИНИИ AD908, ПОЛУЧЕННОГО ОТ СКРЕЩИВАНИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ТРИТИКАЛЕ

<sup>1</sup>С.П.Мехтиева\*,<sup>1</sup> Н.Х.Аминов, <sup>2</sup>А.Хоубен

<sup>1</sup>Институт генетических ресурсов НАНА

<sup>2</sup> Институт генетики растений и исследования культурных растений им. Лейбница

Статья посвящена молекулярно-цитогенетическому исследованию с помощью метода ND-FISH линии AD 908, полученному от скрещивания тритикале ABDR (геном AABBRR (*T.durum* / *Ae. squarrosa* // *Secale cereale* ssp. *segetale*), 2n = 42)) с разновидностью мягкой пшеницы var. *velutinum*. Линия AD 908 выделена из гибридной популяции на основании обладания самым высоким показателем частоты встречаемости полиэмбрионии (PE), которая стабильно наследуется и варьирует от растения к растению в пределах от 0,26 до 11, 98%. Для проведения ND-FISH анализа в качестве ДНК проб были использованы олигопробы - *Oligo-pSc119.2-1*, *Oligo-pTa535-1*, тотальная ДНК генома ржи, в качестве блокирующей ДНК - тотальная ДНК мягкой пшеницы ChineseSpring. В результате проведенного молекулярно-цитогенетического исследования была установлена схожесть геномного состава линии AD 908 с материнской формой тритикале ABDR, т.е. геномной формулой линии также оказалась AABBRR. Если принять во внимание, что оба компонента - цитоплазму и полный набор хромосом ржи данная линия получила от родительской

формы тритикале ABDR, разница с последней будет только в субгеномах, являющимися общими для твердой и мягкой пшеницы – А или В, или же в обоих, которые, как ожидается, будут рекомбинантными. Таким образом, согласно цитогенетическому анализу, ни одна из хромосом, составляющих субгеномы А и В линии AD 908, не находится в геноме в избыточной дозе, что объясняет ожидаемую рекомбинацию в ее геноме, скорее всего, как результатом замещения или обмена гомологичных хромосом между компонентами генома АВ твердой и мягкой пшеницы или же какими-то другими реконструкциями хромосом.

**Ключевые слова:** тритикале, мягкая пшеница, гибридизация, полиэмбриония, молекулярно-цитогенетическое исследование, ND-FISH

## MOLECULAR-CYTOGENETIC ANALYSIS OF POLYEMBRYONIC LINE AD 908, DERIVED FROM THE CROSSING OF TRITICALE WITH HEXAPLOID COMMON WHEAT

<sup>1</sup>S.P.Mehdiyeva\*, N.X.Əminov<sup>1</sup>, A.Houben<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Genetic Resources Institute of ANAS

<sup>2</sup>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research

The article is devoted to the molecular-cytogenetic study (ND-FISH) of line AD 908, obtained by crossing the triticale ABDR (genome AABBRR (*T. durum* / *Ae. squarrosa* // *Secale cereale* ssp. *segetale*) with botanical variety of hexaploid common wheat var. *velutinum*. Line AD 908 was selected from the hybrid population based on the performing of the highest polyembryonic (PE) frequency, which is constantly inheriting and varies from plant to plant in the range of 0.26 to 11%. For the ND-FISH analysis the DNA probes - *Oligo-pSc119.2-1*, *Oligo-pTa535-1*, total DNA of the rye genome and as a blocking DNA - total DNA of common wheat variety Chinese Spring were used. As a result of the molecular-cytogenetic study, the similarity of the genomic composition of the line AD 908 with the maternal form of triticale ABDR was revealed, i.e. the genomic formula for this line is also appeared to be AABBRR. If consider that both cell components - the cytoplasm and the complete set of rye chromosomes of the studied line had been received from the parental female form of triticale ABDR, the differences (recombination) with the latter will be only in the subgenomes, that are common for hard and common wheats - A and B, or in both of them. Hence, according to the cytogenetic analysis, the absent of any chromosome overdose or nullisomy is suggesting that the expected recombination in the genome of line AD 908 was among of genome component AB as a result of mainly three cases: i) substitutions between homologous chromosomes from different subgenomes of AB component, belonged hard and soft wheat, that were undetectable by ND-FISH analysis; ii) specific combining of genes from them; iii) some other chromosome reconstruction/s appeared only in AB component or also includes the rye chromatin.

**Keywords:** triticale, bread wheat, hybridization, polyembryony (PE), molecular cytogenetic, analysis ND-FISH

# **MƏLUMAT BAZASI**

## **DATABASE**



УДК 575.112:004

## JETGENE: ИНТЕГРИРОВАННАЯ БАЗА ДАННЫХ ДЛЯ АНАЛИЗА РЕГУЛЯТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ИЛИ НУКЛЕОТИДНЫХ КОНТЕКСТОВ У ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО ТРАНСЛИРУЕМЫХ ТРАНСКРИПТОВ РАСТЕНИЙ

О.Н.МУСТАФАЕВ<sup>1,3</sup>, Н.С.САДОВСКАЯ<sup>2\*</sup>, А.А.ТЮРИН<sup>2</sup>, И.В.ГОЛДЕНКОВА-ПАВЛОВА<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Бакинский Государственный Университет, Баку, AZ 1148, ул. акад. Захида Халилова, 23  
[orkhan@bioset.org](mailto:orkhan@bioset.org)

<sup>2</sup> Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, RU127276, ул. Ботаническая, 35

<sup>3</sup> Институт генетических ресурсов НАНА, Баку, AZ1106, пр. Азадлыг, 155

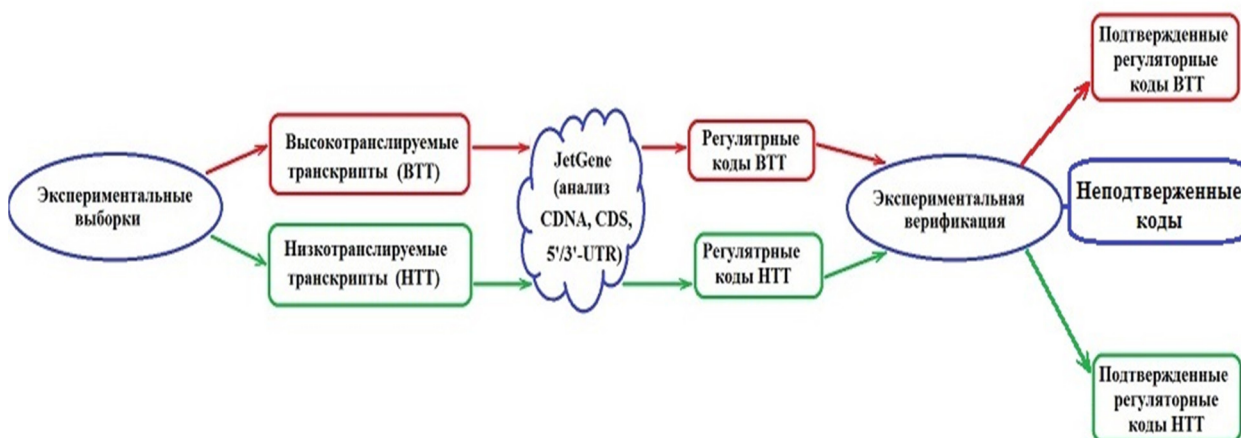
В настоящее время созданы многочисленные базы данных, содержащие колоссальный объем информации о нуклеотидных последовательностях, начиная от последовательностей генов и заканчивая картами метаболических путей. Однако они не позволяют составлять выборки нуклеотидных последовательностей по различным параметрам, удовлетворяющим нетривиальным запросам экспериментатора, без привлечения вспомогательного программного обеспечения. Нами создана, пополняется и поддерживается база данных JetGene, охватывающая информацию о шести основных группах живых организмов: позвоночных, беспозвоночных, растениях, грибах, одноклеточных и бактериях. Она представляет собой многосторонний Интернет-ресурс, позволяющий формировать и анализировать индивидуальные выборки нуклеотидных последовательностей, согласно критериям пользователя. JetGene нацелена на исследователей-экспериментаторов, не имеющих каких-либо специальных навыков в области *in silico* анализа. Ее уникальность заключается в том, что любой пользователь способен в кратчайшие сроки прозондировать огромные массивы информации, имеющиеся у него в распоряжении, либо составить *de novo* различные наборы последовательностей, удовлетворяющие задачам эксперимента, и быстро их проанализировать. Интерфейс JetGene включает в себя графическое отображение результатов и дает возможность получить итоговый набор последовательностей в fasta-формате. Пользователь может сформировать многоступенчатый запрос и провести сравнительный анализ кодирующих (CDS и cDNA) и не кодирующих последовательностей (5'- и 3'-UTR) по 10 основным (size, CpG island, GC-content, nucleotide by position, nucleotide A/C/G/T, gene and transcript names, chromosome, strain, motifs) и трем вспомогательным (aminoacid position, codon position, codon usage) параметрам. Данные, полученные на одном этапе работы можно использовать на последующих этапах, не извлекая их из JetGene. Таким образом, исследователь может получить различные варианты биологических текстов, удовлетворяющие нетривиальным сочетаниям параметров. Это значительно облегчает предварительный анализ и дальнейшую работу экспериментатора. Дополнительно есть возможность загрузить уже имеющуюся выборку или создать выборку *de novo*, проанализировать полноразмерную последовательность целиком либо ее определенный участок. JetGene свободно доступна по ссылке <https://jetgene.bioset.org>

**Ключевые слова:** CDNA, CDS, UTR, нуклеотидные последовательности, транскриптомные последовательности, сравнительный анализ, поиск мотивов

## ВВЕДЕНИЕ

Несоответствие уровней мРНК (матричная РНК) и их белковых продуктов в клетках эукариот, включая растения (Bärenfaller et al., 2008; Bärenfaller et al., 2012) направляет усилия исследователей на изучение тонких механизмов трансляции (Guerra et al., 2015).

Континуум различных и, в тоже время, изящных экспериментальных исследований, указывает на то, что в процессе декодирования генома растения, одновременно с рядом канонических трансляционных правил, довольно часто могут применяться правила регуляции и декодирования более высокого уровня. Это свидетельствует о наличии специфических регуляторных кодов, участвующих в трансляции мРНК растений. Для выявления таких регуляторных кодов применяют *in silico* анализ разных областей мРНК - кодирующего региона (CDS), 5'-нетранслируемой области (5'-UTR) и 3'-нетранслируемой области (3'-UTR). С целью выявления регуляторных кодов у мРНК растений и их взаимосвязи с трансляционной эффективностью нами создан ресурс JetGene (<https://jetgene.bioset.org/>), который содержит последовательности cDNA, CDS, 5'-UTR, 3'-UTR для представителей шести важнейших царств: Bacteria - бактерии, Fungi-грибы, Metazoa – многоклеточные, Plants – растения, Protists – протисты, Vertebrates – позвоночные. Этот ресурс имеет инструменты (Tools) для сравнительного анализа последовательностей и позволяет (1) оценить вариации длины, нуклеотидного состава, частоты использования кодонов, окружение стартового кодона трансляции; (2) выявить и определить статистически значимую представленность потенциальных регуляторных контекстов у мРНК с разной эффективностью трансляции. Одно из ключевых преимуществ JetGene – это возможность сравнения двух выборок мРНК (по запросу исследователя), что позволяет использовать *omics* данные для поиска потенциальных регуляторных кодов у мРНК (Рисунок 1).

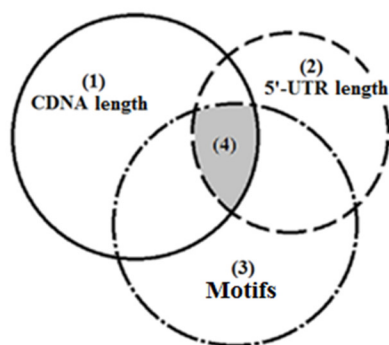


**Рисунок 1.** Схема сравнения двух индивидуальных выборок пользователя, с целью выявления и подтверждения регуляторных кодов в высокотранскрируемых/низкотранскрируемых транскриптах.

Необходимо упомянуть про удобный функциональный набор инструментов JetGene: исследование допустимо проводить как по полноразмерным последовательностям, так и по их определенному компоненту или области.

Следующее важное преимущество JetGene заключается в реализации в нем особого алгоритма, названного нами «системой вложенных выборок», суть которого состоит в том, что на первом этапе работы исследователь выбирает определенный критерий в качестве начального, например, (1) cDNA (комплементарная ДНК) заданной длины, «cDNA size», и формирует главную выборку. На дальнейших этапах анализа он может использовать оставшиеся параметры как дополнительные, например, (2) первоначально добавить параметр «5'-UTR size», что позволит выбрать из главной выборки последовательности, имеющие определенную длину 5'-UTR, и сформировать выборку последовательностей 2-го порядка; (3) и далее можно добавлять следующий параметр, например, поиск по мотиву «Motifs», в результате которого JetGene выберет последова-

тельности, содержащие указанный мотив из выборки 2-го порядка. Таким образом, имеется возможность сформировать серию последующих выборок, каждая из которых строится на основе предыдущей без извлечения промежуточных результатов из JetGene (Рисунок 2).



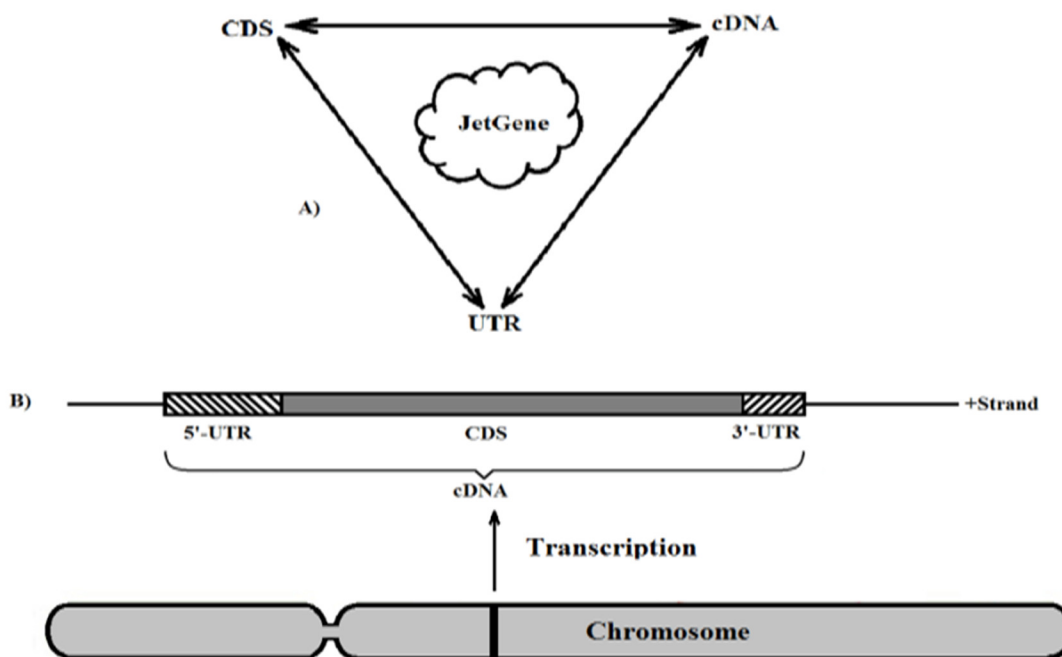
**Рисунок 2.** Алгоритм «система вложенных выборок». Окружности схематически изображают возможность выбрать последовательности по критериям «CDNA length», «5'-UTR length», «Motifs». В качестве начального критерия выбран (1) размер CDNA, в качестве сопровождающих – (2) размер 5'-UTR и (3) GC-состав выше определенного значения. Результирующая выборка пользователя (4) находится на пересечении всех окружностей и закрашена серым цветом.

Старшинство критериев (основной и вспомогательные) пользователь может определить по своему усмотрению. В результате исследователь имеет возможность получить различные варианты биологических текстов, удовлетворяющие нетривиальным сочетаниям параметров, при этом количество таких комбинаций не ограничено. Следует подчеркнуть, что как итоговая, так и каждая из промежуточных выборок могут быть экстрагированы из JetGene в fasta-формате на произвольном этапе работы. Дополнительно в JetGene предусмотрена графическая визуализация результатов проведенного исследования, сопровождающаяся статистически обработанными количественными значениями. Все вышесказанное существенно упрощает *in silico* анализ.

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

### Строение JetGene

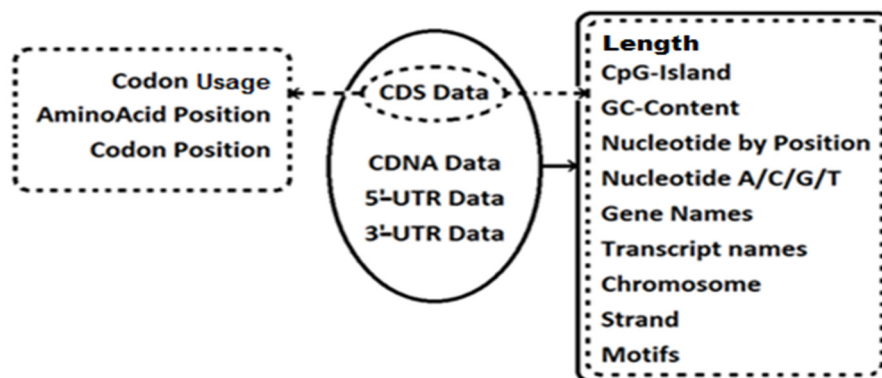
Транскриптомные данные о представителях шести ключевых царств живых организмов: Bacteria (44048 species), Fungi (782 species), Metazoa (68 species), Plants - (44 species), Protists (191 species), Vertebrates (101 species) загружены 28 июня 2017 года с сервера Ensembl (Zerbino et. al., 2016). Информация в JetGene регулярно обновляется по мере добавления последовательностей в базу данных Ensembl (проверка наличия новых последовательностей осуществляется раз в неделю). Описание каждого транскриптома содержит информацию о сборке (assembly), для ряда из них приведена Gene Ontology Annotations (генная аннотация онтологии) (The Gene Ontology Consortium, 2015). Главный интерфейс пользователя JetGene содержит четыре основных раздела (CDNA data, CDS data, 5'-UTR data, 3'-UTR data) (Рисунок 3) для большинства эукариот. Раздел GO (генная онтология) является вспомогательным. Он не связан с основными разделами и присутствует только в том случае, когда информация о Gene Ontology Annotations приведена на сервере Ensembl. Каждый из разделов отображает количество находящихся в нем последовательностей. Следует отметить, что информация об UTR получена путем вычитания CDS из CDNA.



**Рисунок 3.** А) Общая структура JetGene. Стрелки символизируют, что работу можно начать с любого раздела (CDS, CDNA, 5'-URT, 3'-UTR) и переходить в любой раздел, не извлекая полученный результат из JetGene. Б) Схематическое изображение гена на хромосоме (интроны удалены).

JetGene организована в модульной форме. Модули можно использовать как индивидуально, так и применять их последовательно с целью провести расширенное и непрерывное исследование. Веб-интерфейс базы данных содержит десять основных модулей, свойственных всем разделам и три приложения, присущие разделу «CDS data». Кроме того, реализована возможность загрузить и две произвольные выборки нуклеотидных последовательностей и сравнить их между собой (эта опция доступна после бесплатной регистрации). В этом случае будут доступны все инструменты, за исключением «chromosome» (хромосома), «motifs» (мотивы) и «strand» (цепь), а также не будет показана разметка последовательностей на CDS, CDNA, 5'-UTR, 3'-UTR. Стоит подчеркнуть, что пользователь может экстрагировать полученные последовательности в fasta-формате на произвольной стадии исследования. Графическая интерпретация результатов (1) позволяет сравнить две выборки пользователя между собой или (2) дает возможность сравнить выборку пользователя, полученную в процессе работы с информацией по всему транскриптому для исследуемого организма. Тем самым наглядно иллюстрируется сравнение результатов выполненного анализа (1) двух индивидуальных выборок пользователя или (2) составленной узкоспецифичной выборки последовательностей с исходными транскриптомными данными для выбранного организма. Все перечисленные детали позволяют пользователю выполнить *in silico* исследование для огромного количества научных направлений и выбрать JetGene в качестве удобного ресурса для широкого спектра исследований.

Ниже приведено краткое описание модулей, свойственных для каждого из вышеперечисленных разделов (Рисунок 4).



**Рисунок 4.** Обзор основных приложений JetGene. Схематически изображены, инструменты, которые доступны для каждого из имеющихся типов данных (CDS, CDNA, 5'-UTR, 3'-UTR).

## GO

- 1) gene ontology annotations.

## Tools, характерные для «CDS data»:

- 1) codon usage (предпочтение кодонов);
- 2) aminoacid position (позиция аминокислоты);
- 3) codon position (позиция кодона).

## Tools, характерные для всех разделов:

- 1) CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR length;
- 2) CpG-island (CpG-островки) in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR;
- 3) GC-content (GC-контент) in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR;
- 4) nucleotide by position (нуклеотидвпозиции) in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR;
- 5) nucleotide A/C/G/T in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR;
- 6) gene names (название гена);
- 7) transcript names (название транскрипта);
- 8) chromosome;
- 9) strand;
- 10) motifs.

Остановимся более подробно на каждом из основных разделов.

## **Tools, характерные для «CDS data»**

### **1. Aminoacid position**

В текущей опции реализована возможность отображает аминокислоту, локализованную в позиции 1-10 как с C-, так и с N-концевой области CDS. Она может быть полезна применения правила «N-конца», согласно которому время полужизни белка определяется вторым N-концевым аминокислотным остатком его полипептидной цепи (Tasaki et al., 2012), либо для анализа и конструирования сигнальных пептидов.

### **2. Codonposition**

Данная утилита аналогична «Aminoacid position». Она определяет, какие триплеты расположены в позиции 1-10 с 5'- или с 3'-концевой области CDS. Также позволяет, например, исследовать N-концевую область белка или сигнальных пептидов на нуклеотидном уровне.

### 3. Codon usage

Текущий модуль показывает триплеты, кодирующие аминокислоты в CDS, а также их численный и процентный состав (за 100% принимается сумма всех триплетов, кодирующих данную аминокислоту, а не сумма всех кодонов по CDS). Он позволяет исследовать полноразмерные CDS или их усеченный вариант (опция «Sequence region to calculate data (%)»). Применяя этот модуль, ученый может изучить набор последовательностей, составленный на основе транскриптомных данных организма, представленного в JetGene. При этом будет показана корреляция между полученной выборкой и всем транскриптомом. Кроме того, есть возможность загрузить и проанализировать любую нуклеотидную последовательность пользователя. Для этого последовательности необходимо импортировать в fasta-формате по одной, т.к. при одновременной загрузке двух и более последовательностей они сшиваются в одну. Кроме того, если ученому необходимо исследовать индивидуальный набор последовательностей, то ему следует загрузить весь набор последовательностей на начальном этапе работы, предварительно зарегистрировавшись на сайте. Данная утилита будет полезна в работах, подобных (Villanueva et. al., 2016). В ней авторы проанализировали использование кодонов аденовирусных белков и оценили их адаптацию к кодонам хозяина. И в работах, подобных (Mioduser et.al., 2017), в которой проведено исследование распределения кодонов в ранних и поздних вирусных генах с точки зрения их экспрессии на разных стадиях цикла репликации вируса. Кроме того, подобная утилита может оказаться полезна для экспериментаторов. Например, в случае, когда необходимо сконструировать клонируемую последовательность таким образом, чтобы ее кодонный состав был схож с кодонным составом генома хозяина, что, в свою очередь, приводит к увеличению уровня экспрессии целевого белка (Quax et al., 2015; Tuller, Zur, 2015).

### Tools, характерные для всех разделов

#### 1. CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTRlength

Эта подпрограмма отображает все последовательности CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR в транскриптоме изучаемого организма. Она дает возможность выбрать последовательности определенной длины (разбивка ведется с шагом по 500 нк), либо задать диапазон, интересующий пользователя, на линейке «Values interval to calculate data». Это приложение может быть использовано при подборе генов максимальной длины, которые можно клонировать в выбранный вектор, а также в работах, подобных (Wever et. al., 2010). В ней авторы изучали влияния размера 5'-UTR на эффективность трансляции. А также в исследованиях, похожих на (Kawaguchi, Bailey-Serres, 2005), в которых авторы изучали взаимосвязь между длиной 5'-UTR и нагрузкой транскриптов рибосомами у *A. thaliana*. Они показали, что (1) длина 5'-UTR 50-75 nt обеспечивают оптимальную нагрузку рибосомами, а (2) короткие 5'-UTR (менее 25 nt) и длинные 5'-UTR (175-300 nt) могут ингибировать нагрузку транскрипта рибосом, т.е. была установлена общая закономерность влияния длины 5'UTR на трансляционный статус мРНК.

#### 2. CpG-island in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR

Данная опция анализирует CpG-острова и вычисляет процент CpG в CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR. Она исследует как в полноразмерных последовательностях, так и в определенных областях (опция «Sequence region to calculate data (%)»). Это позволяет отобрать все последовательности, для которых процент CpG-island попадает в интервал, заданный пользователем (опция «Values interval to calculate data»). Такой анализ может быть полезен в исследованиях, подобных работе (Marenkova et.al., 2012) в которой изучены различия в метилировании CpG-богатых последовательностей из различных организмов.

### 3. GC-content in CDS

Описываемая утилита аналогична «GpC-island in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR», но учитывает все G и C нуклеотиды, входящие в состав транскриптов. Имеется возможность выбрать все транскрипты, обладающие определенным GC-составом (разбивка ведется с шагом 1%). Она может быть применена в исследованиях, схожих с (Guan et al., 2018), в котором авторы проанализировали использование кодонов в CDS, а также распределение содержания динуклеотидов GC в CDS у *H. manillensis*.

### 4. Nucleotide by position in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR

Указанная подпрограмма показывает, какой нуклеотид расположен в позиции 1-10 как с 5'- так и с 3'-конца CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR. Она может быть полезна в работах, подобных (Cridge et al., 2018) в которой было показано, что эффективность терминации трансляции эукариот находится под влиянием шести нуклеотидов (от+4 до +9) внутри рибосомального мРНК канала. А также в исследованиях, подобных (Nakagawa et al., 2008), в которых авторы показали, что C<sup>+5</sup> важен для эффективности трансляции.

### 5. Nucleotide A/C/G/T in CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR

Текущая опция определяет процентное содержание нуклеотида A/C/G/T в CDS/CDNA/5'-UTR/3'-UTR. Анализирует как полноразмерные последовательности, так и их укороченные варианты (опция «Sequence region to calculate data (%)»). Имеется возможность выбрать все последовательности, для которых процент нуклеотида A/C/G/T попадает в интервал, заданный пользователем (опция «Values interval to calculate data»). Данная опция позволяет сформировать для анализа выборку последовательностей, характеризующихся определенным нуклеотидным составом. Данное приложение может быть использовано в работах, подобных (van der Kuyl, Berkhout, 2012; van Hemert et al., 2014; van Hemert et al., 2016), в которых авторы изучали различные аспекты нуклеотидного состава вирусных геномов, в частности нуклеотидный состав геномных сегментов вируса HIV1 (van der Kuyl, Berkhout, 2012). И в исследованиях, схожих с (Kawaguchi, Bailey-Serres, 2005), в которой выявлена связь между композицией моно- и ди-нуклеотидов в 5'-UTR и нагрузкой транскриптов рибосомами *A. thaliana*. В частности авторы показали, что: (1) мРНК с высокой рибосомной нагрузкой обычно имели 5'-UTR с высоким содержанием adenine (A), и ди-нуклеотидов AU и AC; (2) плохо нагруженные рибосомами мРНК обычно имели 5'UTR с повышенным содержанием гуанина(G), и ди-нуклеотида GU.

### 6. Gene names

Этот модуль позволяет выбрать все последовательности, имеющие имя или общую часть имени. Кроме того, он позволяет загружать выборку пользователя по именам генов, если данные по целевому организму охвачены JetGene. Следует отметить, что в этом случае исследователю будут доступны все разделы JetGene.

### 7. Transcript names

Текущее приложение аналогично «Gene names», но при этом пользователь может найти как уникальный транскрипт(ы), так и все транскрипты, относящиеся к одному гену или имеющие общую часть имени гена, введенного пользователем в строку поиска. Подпрограмма позволяет легко выявить все изоформы, изучаемого гена и анализировать наличие различий между ними.

### 8. Chromosome

Указанная опция показывает распределение последовательностей по хромосомам, а также на митохондриальной ДНК. Она может быть полезна в случае, когда исследователя интересуют последовательности, локализованным на определенной хромосоме, либо при сравнении данных, полученных для двух разных хромосом.

### 9. Strain

Эта подпрограмма позволяет выяснить какие CDS локализованы на прямой, а какие – на обратной цепи ДНК и быстро разделить всю выборку на две соответствующие части. Для

бактерий, такая нехитрая процедура позволяет выявить ошибочное предписание генов к одному оперону. Кроме того, она может быть полезна в работах, подобны (Zhao et.al., 2015), в которой авторы исследовали длину генов в зависимости от их расположения на лидирующей (прямой) или на запаздывающей (обратной) цепи.

#### **10. Motifs**

Указанный модуль ищет последовательности, содержащие определенные мотивы, в том числе одновременно несколько мотивов, указанных пользователем (оператор AND), или хотя бы из них (оператор OR). Анализ можно проводить по полноразмерным последовательностям либо по области, ограниченной пользователем. Результаты выводятся в виде гистограммы, отображающей частоту встречаемости мотива по блокам, на которые разбивается последовательность. Число блоков по умолчанию составляет 5, т.е. последовательность разбивается на равные части, составляющие 20% от исходной длины. В зависимости от задачи, пользователь может изменить число блоков. Для каждого введенного мотива исследователь имеет возможность указать определенные блоки в таблице. В этом случае выборка будет ограничена теми генами, в которых мотив встречается в указанных регионах. Описанный модуль может быть полезен при выявлении мотивов внутри регуляторных последовательностей, определении их функционального значения в обеспечении уровня экспрессии генов и при конструировании синтетических регуляторных последовательностей (Rushton, 2016).

#### **Использование JetGene**

В качестве примера применения JetGene (ранее база данных назвалась FlowGene) можно привести статью (Turin et al., 2016), в которой авторы изучали уровень транскрипции генов у растений в зависимости от нуклеотидного состава 5'-UTR. В своей работе они применили алгоритм «система вложенных выборок». За основной критерий авторы взяли (1) размер последовательности не менее 200 п.н. (минимальный размер CpG-островок). В качестве дополнительных критериев приняли (2) GC-содержание выше 50% (одна из характеристик CpG-острков); (3) нуклеотиды, окружающие стартовый кодон, в положении -3 и +4, согласно последовательности Kozak (Kozak, 1989); (4) отсутствие альтернативных стартовых и терминирующих кодонов. Далее в результирующей выборке искали 6-и мерные мотивы, которые встречаются не менее чем у 50% анализируемых последовательностей. Впоследствии эти мотивы были включены в дизайн синтетической последовательности.

#### **ВЫВОДЫ**

Колебания нуклеотидного состава отмечены в геномах всех организмов и определяют эффективность экспрессии генов каждого вида (Ikemura, 1985; Plotkin, Kudla, 2011; Quaxetal., 2015; Songet. al., 2017). Знание точных механизмов регуляции является ключевым для понимания того, что заставляет организмы переключать гены. Использование информации о вариациях нуклеотидного состава помогает при разработке противовирусных вакцин, позволяет успешно подобрать экспрессионную систему-хозяина для эксперимента (Zheng et al., 2007), предсказать гены, на основе геномных последовательностей (Konig et. al., 2016; Picardi, Pesole, 2010), сконструировать вырожденные праймеры (Zhou et al., 2005) и многое другое.

Успех в проведении подобного рода исследований сильно зависит от возможности сформировать наборы биологических текстов последовательностей, исходя из широкого ряда критериев, а также от возможности определить статистически значимые свойства в их распределении. Чем больше число параметров, участвующих в анализе, тем выше потенциал для создания и манипуляций выборками. Следовательно, тем шире потенциал для поиска и выявления характеристик, оказывающих влияние на биологические свойства последовательностей. Разработанная нами база данных JetGene, позволяет быстро и



эффективно проводить анализ подобного рода. В настоящее время она дает наиболее полное представление о структурно-функциональном потенциале биологического текста. JetGene разработана для анализа исключительно нуклеотидных последовательностей и нацелена на исследователей-экспериментаторов, не имеющих каких-либо специальных навыков в области *in silico* анализа. Ее уникальность заключается в том, что любой пользователь способен в кратчайшие сроки прозондировать огромные массивы информации, имеющиеся у него в распоряжении. Или составить *de novo* различные наборы последовательностей, удовлетворяющие задачам эксперимента, и быстро их проанализировать. Таким образом, исходя из критериев, интересующих пользователя, варьируя широким диапазоном параметров, можно провести полноценное биоинформационное исследование, составить выборку нуклеотидных последовательностей и извлечь ее из базы данных. Следует отметить, что графическая иллюстрация результатов сопровождает каждый шаг работы и существенно облегчает работу пользователя.

### Финансирование

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда (проект №18-14-00026; IVG-P)

### ЛИТЕРАТУРА

- Bärenfaller K., Grossmann J., Grobei M.A., Hull R., Hirsch-Hoffmann M., Yalovsky S., Zimmermann P., Grossniklaus U., Gruissem W., Baginsky S. (2008) Genome-scale proteomics reveals *Arabidopsis thaliana* gene models and proteome dynamics // Science, 320:938–941
- Bärenfaller K., Massonnet C., Walsh S., Baginsky S., Buhlmann P., Hennig L., Hirsch-Hoffmann M., Howell K.A., Kahlau S., Radziejowski A., Russenberger D., Rutishauser D., Small I., Stekhoven D., Sulpice R., Svozil J., Wuyts N., Stitt M., Hilson P., Granier C., Gruissem W. (2012) Systems-based analysis of *Arabidopsis* leaf growth reveals adaptation to water deficit // Mol. Syst. Biol, 8:606
- Cridge A.G., Crowe-McAuliffe C., Mathew S.F., Tate W.P. (2018) Eukaryotic translational termination efficiency is influenced by the 3' nucleotides within the ribosomal mRNA channel // Nucleic Acids Res.;46(4):1927-1944. doi:10.1093/nar/gkx1315
- Guan D.L., Ma L.B., Khan M.S., Zhang X.X., Xu S.Q., Xie J.Y. (2018) Analysis of codon usage patterns in *Hirudinaria manillensis* reveals a preference for GC-ending codons caused by dominant selection constraints // BMC Genomics, 19(1):542. doi: 10.1186/s12864-018-4937-x.
- Guerra D., Crosatti C., Khoshro H.H., Mastrangelo A.M., Mica E., Mazzucotelli E. (2015) Post-transcriptional and post-translational regulations of drought and heat response in plants: a spider's web of mechanisms // Front Plant Sci. 6:57
- Ikemura T. (1985) Codon usage and tRNA content in unicellular and multicellular organisms // Mol. Biol. Evol., 2(1):13-34
- Kawaguchi R., Bailey-Serres J. (2005) mRNA sequence features that contribute to translational regulation in *Arabidopsis* // Nucleic Acids Res. // 33(3), 955-965
- Kozak M. Circumstances and mechanisms of inhibition of translation by secondary structure in eucaryotic mRNAs (1989) // Mol. Cell. Biol., 9(11):5134-42
- König S., Romoth L.W., Gerischer L., Stanke M. (2016) Simultaneous gene finding in multiple genomes // Bioinformatics, 32(22):3388-3395
- Marenkova T.V., Loginova D.B., Deineko E.V. (2012) Mosaic patterns of transgene expression in plants // Genetika, 48(3):293-306
- Mioduser O., Goz E., Tuller T. (2017) Significant differences in terms of codon usage bias

- between bacteriophage early and late genes: a comparative genomics analysis // *BMC Genomics*. 18(1):866. doi: 10.1186/s12864-017-4248-7
- Nakagawa M., Koyanagi M., Tanabe K., Takahashi K., Ichisaka T., Aoi T., Okita K., Mochiduki Y., Takizawa N., Yamanaka S.** (2008) Generation of induced pluripotent stem cells without Myc from mouse and human fibroblasts // *Nat. Biotechnol.* 26:101-106
- Picardi E., Pesole G.** (2010) Computational methods for ab initio and comparative gene finding // *Methods Mol. Biol.*;609:269-84. doi: 10.1007/978-1-60327-241-4\_16
- Plotkin J.B., Kudla G.** (2011) Synonymous but not the same: the causes and consequences of codon bias // *Nat. Rev. Genet.*, 12(1):32-42. doi: 10.1038/nrg2899
- Quax T.E., Claassens N.J., Söll D., van der Oost J.** (2015) Codon Bias as a Means to Fine-Tune Gene Expression // *Mol. Cell*, 59(2):149-61. doi:10.1016/j.molcel.2015.05.035
- Rushton P.J.** (2016) What Have We Learned About Synthetic Promoter Construction? // *Methods Mol. Biol*, 1482:1-13. doi: 10.1007/978-1-4939-6396-6\_1
- Song H., Gao H., Liu J., Tian P., Nan Z.** (2017) Comprehensive analysis of correlations among codon usage bias, gene expression, and substitution rate in *Arachis duranensis* and *Arachis ipaensis* orthologs // *Sci Rep. Nov.* 1;7(1):14853. doi:10.1038/s41598-017-13981-1
- Tasaki T., Sriram S.M., Park K.S., Kwon Y.T.** (2012) The N-end rule pathway // *Annu. Rev. Biochem.* 81:261-89. doi: 10.1146/annurev-biochem-051710-093308
- The Gene Ontology Consortium** (2015) Gene Ontology Consortium: going forward // *Nucleic Acids Res.*, 43(Database issue):D1049-56. doi: 10.1093/nar/gku1179
- Tuller T., Carmi A., Vestsigian K., Navon S., Dorfan Y., Zaborse J., Pan T., Dahan O., Furman I., Pilpel Y.** (2010) An evolutionarily conserved mechanism for controlling the efficiency of protein translation // *Cell*, 141(2):344-54. doi:10.1016/j.cell.2010.03.031
- Tyurin A.A., Kabardaeva K.V., Gra O.A., Mustafaev O.M., Sadovskaya N.S., Pavlenko O.S., Goldenkova-Pavlova I.V.** (2016) Efficient Expression of a heterologous gene in plants depends on the nucleotide composition of mRNA's 5'-region // *Russ. J. Plant Physiol.*, 63, 511–522.
- van der Kuyl A.C., Berkhout B.** (2012) The biased nucleotide composition of the HIV genome: a constant factor in a highly variable virus // *Retrovirology*, 9:92. doi: 10.1186/1742-4690-9-92
- van Hemert F., van der Kuyl A.C., Berkhout B.** (2016) Impact of the biased nucleotide composition of viral RNA genomes on RNA structure and codon usage // *J. Gen. Virol.*, 97(10):2608-2619. doi:10.1099/jgv.0.000579
- van Hemert F., van der Kuyl A.C., Berkhout B.** (2014) On the nucleotide composition and structure of retroviral RNA genomes. // *Virus Res.*, 193:16-23. doi:10. 1016/j. virusres.2014. 03.019
- Villanueva E., Martí-Solano M., Fillat C.** (2016) Codon optimization of the adenoviral fiber negatively impacts structural protein expression and viral fitness // *Sci. Rep.*, 6:27546. doi: 10.1038/srep27546
- Wever W., McCallum E.J., Chakravorty D., Cazzonelli C.I., Botella J.R.** (2010) The 5' untranslated region of the VR-ACS1 mRNA acts as a strong translational enhancer in plants// *Transgenic Res.*, 19(4):667-74. doi: 10.1007/s11248-009-9332-6
- Zerbino D.R., Johnson N., Juetteman T., Sheppard D., Wilder S.P., Lavidas I., Nuhn M., Perry E., Raffailac-Desfosses Q., Sobral D., Keefe D., Gräf S., Ahmed I., Kinsella R., Pritchard B., Brent S., Amode R., Parker A., Trevanion S., Birney E., Dunham I., Flicek P.** (2016) Ensembl regulation resources // *Database (Oxford)*, 2016. pii:bav119. doi: 10.1093/database/bav119
- Zhao H.L., Xia Z.K., Hua Z.G., Wei W.** (2015) Selectional versus mutational mechanism underlying genomic features of bacterial strand asymmetry: a case study in *Clostridium acetobutylicum* // *Genet. Mol. Res.*, 14(1):1911-25. doi:10.4238/2015
- Zheng Y., Zhao W.M., Wang H., Zhou Y.B., Luan Y., Qi M., Cheng Y.Z., Tang W., Liu J.,**

- Yu H., Yu X.P., Fan Y.J., Yang X. (2007) Codon usage bias in Chlamydia trachomatis and the effect of codon modification in the MOMP gene on immune responses to vaccination // Biochem. Cell Biol., 85(2):218-26
- Zhou T., Gu W., Ma J., Sun X., Lu Z. (2005) Analysis of synonymous codon usage in H5N1 virus and other influenza A viruses // Biosystems, 81(1):77-86. Epub 2005 Apr 7.

## FƏRQLİ OLARAQ TRANSLYASIYA EDİLƏN BİTKİ TRANSKRİPTLƏRİN TƏNZİMLƏYİCİ SAHƏLƏRİ VƏ YA NUKLEOTİD KONTEKSTLƏRİNİN TƏHLİL EDİLMƏSİ ÜÇÜN İNTEQRASIYA EDİLMİŞ VERƏNLƏR BAZASI: JETGENE

O.N.Mustafayev<sup>1,3</sup>, N.S.Sadovskaya<sup>2\*</sup>, A.A.Tyurin<sup>2</sup>, İ.V.Goldenkova-Pavlova<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bakı Dövlət Universiteti

<sup>2</sup>REA K.A. Timiryazev adına Bitki Fiziologiyası İnstitutu

<sup>3</sup>AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

Hal-hazırda, gen ardıcılığından metabolik yolların xəritələrinə qədər nukleotid ardıcılığı haqqında çoxlu sayda məlumat olan verilənlər bazası yaradılmışdır. Lakin bu köməkçi proqram təminatına cəlb edilmədən, tədqiqatçının qeyri-həssas istəklərini ödəyən müxtəlif parametrlərə görə nukleotid ardıcılığı nümunələri yaratmağa imkan vermir. Tərəfimizdən canlı orqanizmlərin altı əsas qrupu: onurğalılar, onurğasızlar, bitkilər, göbələklər, bir hüceyrəli orqanizmlər və bakteriyalar haqqında məlumatları əhatə edən JetGene verilənlər bazası yaradılmışdır, yenilənərək saxlanılır. Bu istifadəçinin meyarlarına uyğun olaraq nukleotid ardıcılığının fərdi nümunələrini formalaşdırmağa və təhlil etməyə imkan verən çox tərəfli internet resursudur. Jet Gene, siliko analizinin aparılmasında xüsusi bacarıqları olmayan eksperimental tədqiqatçılara yönəlib. Onun unikalığı istənilən istifadəçinin qısa müddətdə öz ixtiyarında olan çoxlu miqdarda məlumatı yoxlayan və ya təcrübənin tapşırıqlarını yerinə yetirən və tez təhlil edə bilən müxtəlif ardıcılıqlar tərtib edə bilməsindədir. JetGene interfeysi nəticələrin qrafik görüntüsünə daxildir və fasta formatında ardıcılıqların son dəstini əldə etmək imkanı verir.

İstifadəçi çox mərhələli bir sorğu meydana gətirə bilib kodlaşdırılan (CDS və cDNA) və kodlaşdırılmayan ardıcılıqla (5'- və 3'-UTR), 10 əsas (ölçü, CpG adası, GC-tərkib, mövqeyə görə nukleotid, A / C / G / T nukleotidi, gen və transkript adları, xromosom, motivlər) və üç köməkçi ( aminturşu mövqeyi, kodon mövqeyi, kodon istifadəsi) parametrlər ilə müqayisəli təhlil apara bilər. İşin bir mərhələsində əldə edilən məlumatlar sonrakı mərhələlərdə JetGene-dən çıxarmadan istifadə edilə bilər. Beləliklə, tədqiqatçı parametrlərin qeyri-mənasız birləşməsini təmin edən bioloji mətnlərin müxtəlif variantlarını əldə edə bilər. Bu, ilkin təhlil və tədqiqatçının sonrakı işini xeyli asanlaşdırır. Bundan əlavə, mövcud bir nümunəni yükləmək və ya de novo nümunəsi yaratmaq, bütövlükdə və ya müəyyən bir hissədə tam ölçülü bir ardıcılığı təhlil etmək mümkündür. JetGene sərbəst olaraq <https://jetgene.bioset.org> saytında mövcuddur.

**Açar sözlər:** CDNA, CDS, UTR, nukleotid ardıcılığı, transkriptome ardıcılığı, müqayisəli təhlili, motivləri axtarmaq

**JETGENE: AN INTEGRATED DATABASE FOR ANALYSIS OF REGULATORY AREAS OR NUCLEOTIDE CONTEXTS IN DIFFERENTIALLY TRANSLATED PLANT TRANSCRIPTS**

O.N.Mustafaev<sup>1,3</sup>, N.S.Sadovskaya<sup>2\*</sup>, A.A.Tyurin<sup>2</sup>, I.V.Goldenkova-Pavlova<sup>2</sup>

<sup>1</sup> *Baku State University*

<sup>2</sup> *Timiryazev Institute of Plant Physiology of RAS*

<sup>3</sup> *Genetic Resources Institute of ANAS*

At present, numerous databases have been created that contain an enormous amount of information about nucleotide sequences, from gene sequences to maps of metabolic pathways. However, they do not make it possible to compose samples of nucleotide sequences according to various parameters that satisfy the nontrivial requests of the experimenter, without the involvement of auxiliary software. We have created, updated and maintains the JetGene database, which covers information on six main groups of living organisms: vertebrates, invertebrates, plants, fungi, unicellular organisms and bacteria. It is a multi-sided Internet resource that allows you to form and analyze individual samples of nucleotide sequences according to the user's criteria. JetGene is aimed at experimental researchers who do not have any special skills in silico analysis. Its uniqueness lies in the fact that any user is able to probe huge amounts of information at his disposal in the shortest possible time, or to compose de novo various sets of sequences that satisfy the tasks of the experiment and quickly analyze them. JetGene interface includes graphical display of results and provides the ability to get the final set of sequences in fasta format. The user can form a multi-stage request and carry out a comparative analysis of the coding (CDS and cDNA) and non-coding sequences (5'- and 3'-UTR), 10 basic (size, CpG island, GC-content, nucleotide by position, nucleotide A / C / G / T, gene and transcript names, chromosome, strain, motifs) and three auxiliary (aminoacid position, codon position, codon usage) parameters. The data obtained at one stage of work can be used in subsequent stages without extracting it from JetGene. Thus, a researcher can obtain various variants of biological texts that satisfy non-trivial combinations of parameters. This greatly facilitates the preliminary analysis and further work of the experimenter. Additionally, it is possible to load an existing sample or create a de novo sample, analyze a full-size sequence as a whole or a specific section of it. JetGene is freely available at <https://jetgene.bioset.org>

**Keywords:** *CDNA, CDS, UTR, nucleotide sequences, transcriptom sequences, comparative analysis motif search*

Nəşriyyatın direktoru: M.Şəfiyev

Texniki redaktor: S.Mamoyeva

“Müəllim” nəşriyyatında çap olunmuşdur.

Tel.: (+99412) 555 15 60

E-mail: muallim.mmc@gmail.com

Çapa imzalanmışdır 24.11.2020. Sifariş 166.

Kağız formatı  $60 \times 84^{1/8}$ . 17,5 ç.v. Sayı 100.