

SOYANIN KOLLEKSIYA NÜMUNƏLƏRİNDƏ (*Glycine max*) ÜMUMİ XLOROFİL MİQDARININ TƏDQIQI

Orxan Bayramlı

AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı
bayramliorxan98@gmail.com

Soya bitkisi (*Glycine max* [L.] Merr.) yüksək keyfiyyətli protein və yağ təmin etməkdə qida təhlükəsizliyində əsas rol oynayan mənbə kimi tanınır [1-2]. Son 10 ildə dünya miqyasında soya istehsalı sürətli artım göstərməkdədir. Son 5 ildə 122-127 milyon hektar əkin sahəsində soya bitkisi yetişdirilmiş və illik ümumi məhsul 335-360 milyon ton arasında dəyişmişdir. Bu, soyanın dünya miqyasında əhəmiyyətli bir məhsul olduğunu və bu bitkinin istehsalının artmağa davam etdiyini vurğulayır [4]. Hazırda Şimali və Cənubi Amerika əsas soya istehsalçıları və ixracatçılarıdır, Çin və Avropa isə əsas soya idxal edən bölgələrdir [7]. Çin soyanın vətəni və genetik çeşidlilik mərkəzi olsa da, dünya miqyasında yayılması bir çox onilliklər ərzində xüsusi adaptasiya və davamlı bitki yetişdirmə fəaliyyəti sayəsində soyanın müxtəlif coğrafi bölgələrdə regional populyasiyalarının inkişafına kömək etmişdir [10]. Dünya çapında soya bitkisinin introduksiyaalarının yayılması və modern sortların inkişafı zamanı seleksiya və əhəmiyyətli mədəni inkişafın təsiri ilə genetik çeşidlilik daimi olaraq azalmışdır [6-10]. Müxtəlifliyin azalması əsasən nadir allellərin itirilməsi ilə əlaqələndirilsə də, elit soya sortlarında köhnə sortlar, torpaq irqləri və ya yabanı sortlarla müqayisədə son zamanlarda əhəmiyyətli gen itkisi (yəni, mövcud/yoxluq variasiyası və genom ölçüsünün azalması) müşahidə edilmişdir [3]. Soya genetik ehtiyatlarına və germplazma birləşmələrinə əsaslanaraq, Çin soyasında – müxtəlif coğrafi dairələrdə yetişdirilən yeddi əsas ekotipdə strukturlaşdırılmış soyada yüksək müxtəliflik səviyyəsi müşahidə olunmuşdur [4]. Bunun əksinə, Şimali Amerika soya tarlalarının azsaylı nəslinə və bitki introduksiyaalarına əsaslanmasına baxmayaraq [5], məhdud genetik bazası vardır, halbuki burada da bölgələrə görə müxtəlifliyin güclü strukturlaşması aşkar edilmişdir [10]. Avropada, Avropanın şimalında erkən yetişən soya genotiplərinin Kanada genotiplərinə nisbətən dayanıqlı olduğu görünür [10]. Bənzər soyuğa davamlı bitki introduksiyaaları ilə əlaqəli olaraq, Cənubi Avropa soya tarlaları daha çox Şimali Amerika Birləşmiş Ştatlarının (ABŞ) genetik fonduna aiddir [8-10]. Son zamanlarda selektiv yetişdirmə insan ehtiyaclarına cavab verərək həyata keçirilir, bu isə "genetik çatışmazlıqlara" səbəb olur [10]. 2022-ci ildə Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Saray Dayaq Məntəqəsində 42 yerli və introduksiya olunmuş soya genotipləri əkilərək, müxtəlif morfoloji göstəriciləri tədqiq olunmuşdur. Bu tədqiqat nəticəsində soyaya dair genetik çeşidliliyi və məhsuldarlığı artırmaq üçün əhəmiyyətli məlumatlar alınmışdır.

Ləklərin sxemi 10 metr uzunluğa və 7 metr enə malikdir. Hər ləkdə 10 sıra yerləşir, sıralararası məsafə 70 santimetrdir, bir sırada isə 200 toxum əkilmişdir, toxumların arasındakı məsafə 5 santimetrdir. SPAD 502 cihazı vasitəsilə xlorofilin miqdarı ölçülmüş və Kanada mənşəli Kanada-4 və Kanada-5 genotipləri arasında ən yüksək miqdar müşahidə edilmişdir.

Əlavə olaraq, genotiplər arasında müxtəlif morfoloji xüsusiyyətlər də müşahidə olunmuşdur. Məsələn, Kanada mənşəli Kanada-4, Kanada-5, Kanada-6 alçaqboylu olub, həmçinin Özbəkistan mənşəli Linney-

12, Linney-8, Linney-1 genotipləri alçaq boya malik olmuş, amma Türkiyə mənşəli Çukurova-10, Çukurova-11, Çukurova-14 genotipləri hündürboylu olmuşdur. SPAD 502 cihazı ilə aparılan ölçmələr nəticəsində Kanada mənşəli Kanada-4 və Kanada-5 genotiplərinin xlorofil miqdarının daha yüksək olduğu müşahidə edilmişdir.

Bu tədqiqatlar fərqli mənşələrə malik soyada genetik müxtəlifliyin qorunması və məhsuldarlığın artırılması üçün dəyərli nəticələr vermişdir. Həmçinin, fərqli coğrafi mənbələrə əsaslanan genetik çeşidliliyin qorunması bitki seleksiyasında və kənd təsərrüfatında əhəmiyyətli addım kimi qiymətləndirilir. Bu tədqiqatlar soyada sürətli inkişaf və səmərəli yetişmə üçün əsaslı bir mənbə təşkil edir.

Ədəbiyyat:

1. Q.Y.Məmmədov. Dənli-paxlalı bitkilərin botaniki quruluşu və bioloji xüsusiyyətləri. Bakı: ADAU, 2009.
2. S.C. Əliyev və b. Zülal probleminin həllində dənli-paxlalı bitkilərin rolu. Kirovabad: 1988, 41 s.
3. Bayer P., Valliyodan B., Hu H., Marsh J., Yuan Y., Vuong T.D., Patil G., Song Q., Batley J., Varshney R.K., Lam H.M., Edwards D., Nguyen H.T. (2022) Sequencing the USDA core soybean collection reveals gene loss during domestication and breeding. *Plant Genome* 15:e20109. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20109>.
4. FAOSTAT (2022) Food and agriculture data. FAO, Rome. URL: <https://www.fao.org/faostat/en/#home> (accessed May 5, 2022)
5. Gizlice Z., Carter T.E.Jr., Burton J.W. (1994) Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. *Crop Sci* 34(5):1143-1151.
6. Gizlice Z., Carter T.E.Jr., Gerig T.M., Burton J.W. (1996) Genetic diversity patterns in North American public soybean cultivars based on coefficient of parentage. *Crop Sci* 36(3):753-765.
7. Hartman G.L., West E.D., Herman T.K. (2011) Crops that feed the World 2. Soybean-worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. *Food Sec* 3:5-17.
8. Hrustic M., Miladinovic J. (2011) Importance, origin and expansion of soybean. In: Miladinovic J., Hrustic M., Vidic M. (eds) soybean. Institute of Field and Vegetable Crops, Novi Sad, Serbia, pp. 11-44.
9. Hymowitz T. (1970) On the domestication of the soybean. *Econ Bot* 24:408-421.
10. Hyten D.L., Song Q., Zhu Y., Choi I.Y., Nelson R.L., Costa J.M., Specht J.E., Shoemaker R.C., Cregan P.B. (2006) Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. *Proc Natl Acad Sci* 103(45):16666-16671.