

UOT 575:633.353:631

**RAPD VƏ ISSR MARKERLƏRLƏ YERLİ VƏ İNTRODUKSİYA OLUNMUŞ  
ADI LOBYA (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) NÜMUNƏLƏRİNDƏ  
GENETİK POLİMORFİZMİN TƏDQIQI**

**T.A.HƏSƏNOVA\*, S.M.BABAYEVA, A.İ.ƏSƏDOVA, M.Ə.ABBASOV**  
*AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı, AZ1106, Azadlıq pr. 155; turane250498@gmail.com*

**STUDY OF GENETIC POLYMORPHISM OF LOCAL AND INTRODUCED COMMON BEAN  
(*PHASEOLUS VULGARIS* L.) ACCESSIONS USING RAPD AND ISSR MARKERS**

**T.A.HASANOVA\*, S.M.BABAYEVA, A.I.ASADOVA, M.A.ABBASOV**  
*Genetic Resources Institute of ANAS*

*Genetic diversity of 37 common bean accessions of diverse origins was studied using 6 ISSR and 1 RAPD primers. In total, 47 bands were synthesized with 6 ISSR and 9 with 1 RAPD primers, the percentages of polymorphisms in the collection were 33.6% and 66.6%, respectively. The coefficient of genetic diversity in the common bean collection was  $GMI = 0.75$ . Based on the Jaccard genetic similarity coefficient, the genotypes were grouped into 3 main clusters, and no relation was found between the geographical regions of origin and the genetic structure. The genetic distance index between the samples ranged from 0-1, and genotypes 9 (AzePHA-23) and 28 (AzePHA-29) showed maximum differences from each other. Involvement of genetically distant genotypes from different clusters with high productivity indices in hybridization programs as parent forms can increase the efficiency of the breeding process.*

**Açar sözlər:** *adi lobyə, molekulyar markerlər, ISSR, RAPD, genetik müxtəliflik*

**Ключевые слова:** *фасоль обыкновенная, молекулярные маркеры, ISSR, RAPD, генетическое разнообразие*

**Keywords:** *common bean, molecular markers, ISSR, RAPD, genetic diversity*

## **GİRİŞ**

Mənşə mərkəzi Latın Amerikası olan adi lobyə (*Phaseolus vulgaris* L.) bitkisinin [1] arxeoloji qazıntılara əsasən 10000 il bundan əvvəl Argentinada mədəniləşdirildiyi söylənilir [2]. Lobyə zülalla zəngin olduğu üçün qiymətli ərzaq bitkisi, həm də çiçəkli formaları bəzək bitkisi, bəzən də yaşıl gübrə kimi istifadə edilir və təyinatından asılı olaraq müxtəlif üsullarla becərilir [3]. Öz morfoloji xüsusiyyətlərinə əsasən adi lobyə yarpaqların, paxlaların və toxumların dəyişikliyi ilə fərqlənən kol, yarımşarmaşan və şarmaşan formalara bölünür [10]. Lobyə ölkəmizə gəlmə bitki olmasına baxmayaraq zamanla ölkənin torpaq-iqlim şəraitinə uyğun forma və sortları yaradılmışdır [4].

Adi lobyə xromosom sayı  $2n=2x=22$  olan diploid bir növ olmaqla kiçik genoma malikdir (587 Mbp). *P. vulgaris* genomu ilk dəfə 2014-cü ildə bütöv genom şotqan üsulu ilə sekvens olunmuş, 587 Mb ölçülü genomun 473 Mb-i asembl olunmuşdur [5].

İstehlakçıların toxumun ölçüsü, forması və rənginə olan tələbi valideyn forma kimi Mezoamerika mənşəli genotiplərindən istifadə, bütün dünyada adi lobya seleksiya işləri üzrə inkişafı ləngitmiş, genetik müxtəlifliyinin azalmasına səbəb olmuşdur. Fərqli genotipləri müəyyən etməyə, uyğun seleksiya üsullarını seçməyə, dublikatları müəyyən etməyə və genbankda saxlanma xərclərini azaltmağa imkan verdiyindən genetik müxtəlifliyin tədqiqi seleksiya proqramlarında böyük əhəmiyyət kəsb edir. Genotiplər arasındakı genetik müxtəlifliyi qiymətləndirmək üçün istifadə olunan molekulyar markerlər DNT səviyyəsində genetik müxtəlifliyin birbaşa qiymətləndirilməsinə imkan verir və ətraf mühitin təsirinə məruz qalmır. Universal və yüksək polimorfizmə malik olan ISSR markerlər hazırlanması və istifadəsi ucuz və asan olduğu üçün genetik müxtəlifliyin tədqiqində geniş istifadə olunur [6].

Tədqiqat işində əsas məqsəd adi lobya (*Ph. vulgaris* L.) kolleksiyasının molekulyar markerlərlə genetik müxtəlifliyinin, qohumluğunun qiymətləndirilməsi və seleksiya üçün perspektivli donor materialın müəyyənəndirilməsidir.

## MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işinə səpin materialı olaraq, AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində olan Milli Genbankdan alınmış 37 adi lobya (*Phaseolus vulgaris* L.) nümunəsi daxil edilmişdir (cədvəl 1). Əkin yazda - 22.IV.21-ci il tarixində AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Təcrübə Təsərrüfatı Bazasında aparılmışdır. Nümunələrdən DNT-nin ekstraksiyası CTAB protokolu əsasında həyata keçirilmişdir [7]. Tədqiqat işində 1 RAPD, 6 ISSR praymeri istifadə olunmuşdur.

ISSR markerlər üçün PZR mərhələsində ümumi reaksiyanın həcmi 20 µl təşkil etmişdir. Hər reaksiya qarışığı 2µl 10x PZR buferi, 1,5 µl 50 mM MgCl<sub>2</sub>, 1 µl 10 mM dNTP, 2 µl 10 µM praymer, 0.2 µl 5U/µl Taq polimeraza və 2 µl 100 nq/µl DNT-dən ibarət olmuşdur. RAPD praymerləri ilə PZR reaksiyası ümumi həcm 25 µl olmaqla, aşağıdakı tərkibdə olmuşdur: 20 ng DNT, 2.5 µl 10X bufer [10 mM Tris-HCl pH 8.0, 50 mM KCl], 2 µl 50 mM MgCl<sub>2</sub>, 0.5 µl 10mM dNTP qarışığı, 2.5 µl 100 µM praymer və 0.25 µl 5 U/µl Taq polimeraza fermenti. PZR reaksiyası ilkin denaturasiya (94 °C temperaturda 3 dəqiqə), 38 tsiki (94 °C-də 40 saniyə, praymerin birləşmə temperaturunda 40 saniyə, 72°C-də 2 dəqiqə) və son elonqasiya (72°C-də 1 dəqiqə) mərhələlərindən ibarət olmuşdur. Amplifikasiya məhsulları 1xTBE buferində 1.2%-li aqaroz gelində elektroforetik analiz edilmişdir. Genetik Müxtəliflik İndeksi Veir [8], polimorf informasiya tutumu - PIC Roldan-Ruiz və b. [9], effektiv multipleks əmsali (EMR) və marker indeksi (MI) Powell və b. [10], görüntüləmə qabiliyyəti (RP) və orta görüntüləmə qabiliyyəti (MRP) Prevost və Vilkinson [11] düsturu əsasında hesablanmışdır. DARwin kompüter proqramı vasitəsilə Cakkard genetik oxşarlıq indeksi əsasında dendrogram tərtib edilmiş və nümunələr qruplaşdırılmışdır [12].

Tədqiqatda istifadə olunmuş adi lobya genotipləri

Cədvəl 1

№	Nümunələr	№	Nümunələr	№	Nümunələr
1	Yerli piyada	14	Sekunda	27	AzePHA-27
2	K-14044	15	K-13044	28	AzePHA-29
3	AzePHA-6	16	K-13038	29	AG-3307
4	AzePHA-18	17	AzePHA-t/5-N16	30	K-13037
5	AzePHA-36/2	18	AG-1891	31	AzePHA-36
6	AzePHA-33	19	AzePHA-15	32	AzePHA-t/9
7	AzePHA-209 t	20	K-13036	33	AzePHA-t/29
8	K-15274	21	AzePHA-34	34	AzePHA-t/5
9	AzePHA-23	22	AzePHA-210	35	AzePHAV-213t
10	AzePHA-t/1	23	AzePHA-20	36	AzePHA-13/1
11	AzePHA-t/10	24	K-3498	37	Sonesta
12	AG-1894	25	AzePHA-14		
13	AzePHA-t/6	26	Azeqri/69		

## NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Aparılan tədqiqat işlərində adi lobya kolleksiyasında genetik polimorfizmi müəyyən etmək məqsədi ilə 6 ISSR markeri ilə PZR aparılmış və 16-sı polimorf olmaqla, ümumilikdə 47 bənd sintez olunmuşdur (cədvəl 2). Polimorf bəndlərin sayı 2-4 arasında dəyişmiş, maksimum göstərici UBC 828 praymeri ilə əldə olunmuşdur. Oxşar nəticələr digər tədqiqatçılar tərəfindən də əldə edilmişdir. Kabral və b. (2018) tərəfindən 57 genotipdən ibarət adi lobya kolleksiyası 20 ISSR praymeri ilə tədqiq olunmuş və yalnız 11 praymer polimorfizm nümayiş etdirmişdir. Sintez olunmuş 51 bənddən 39-u polimorf olmuşdur [6]. Qalvan və b. (2003) tərəfindən aparılmış tədqiqatda 13 nümunədən ibarət adi lobya kolleksiyasında istifadə olunmuş 23 ISSR praymerdən 9-u ilə polimorfizm müşahidə edilmiş və 75 bənddən 33-ü polimorf olmaqla polimorfizm faizi aşağı olmuşdur (40%) [13].

Praymerlər vasitəsi ilə alınmış nəticələrə əsasən bir sıra statistik parametrlər tədqiq edilmişdir. Praymerlər üzrə polimorfizm göstəriciləri aşağı olmaqla, 25-40% arasında dəyişmiş, orta polimorfizm 33.6% təşkil etmişdir. Ən yüksək polimorfizm (TG)<sub>8</sub>C ardıcılıqlı UBC 828 praymeri ilə qeydə alınmışdır.

Cədvəl 2

## ISSR və RAPD praymerləri ilə adi lobya genotiplərində təyin olunmuş polimorfizm və genetik müxtəliflik ölçüləri

Praymer adı	Praymer ardıcılığı 5'-3'	Sintez olunmuş bənd sayı	Polimorf bənd sayı	Polimorfizm, %	Genetik müxtəliflik əmsali	PIC	EMR	MRP	RP	MI
UBC 812	(GA) <sub>8</sub> A	8	2	25	0.52	0.31	0.50	0.63	0.80	0.16
UBC 818	(CA) <sub>8</sub> G	8	3	38	0.45	0.25	1.13	0.31	1.09	0.28
UBC 823	(TC) <sub>8</sub> C	7	2	29	0.49	0.48	0.57	0.31	1.62	0.27
UBC 828	(TG) <sub>8</sub> C	10	4	40	0.70	0.41	1.60	0.09	2.69	0.66
UBC 834	(AG) <sub>8</sub> YT	6	2	33	0.62	0.37	0.67	0.42	1.20	0.25
UBC 885	BHB(GA) <sub>7</sub>	8	3	38	0.73	0.30	1.13	0.18	1.87	0.34
Ümumi Orta		47	16	33.6	0.59	0.35	0.93	0.32	1.55	0.33
OAS13	CACGGACCGA	9	6	66.6	0.92	0.47	4	0.04	4.67	1.88

Qeyd : Y= C, T; H= A, C, T; B= C, G, T

ISSR profillərin rastgəlmə tezliyi əsasında adi lobya kolleksiyası üçün genetik müxtəliflik əmsali (GMI) hesablanmışdır. Praymerlər üzrə genetik müxtəliflik əmsalinin orta qiyməti 0.59 vahid təşkil etmiş və praymerlərdən 3-ü üzrə GMI-nin qiyməti orta qiymətdən yüksək olmuşdur. PIC bir markerin keyfiyyətini və genetik tədqiqatlarda dəyişkənliyi aşkar etmək qabiliyyətini göstərir [14; 15]. 37 nümunədən ibarət adi lobya kolleksiyasında orta PIC 0.35 vahid təşkil etmişdir. Maksimum PIC qiyməti 0.48 olmaqla UBC 823 praymeri ilə alınmışdır. Polimorf lokus fraksiyasına əsaslanan effektiv multipleks əmsalinin (EMR) orta qiyməti 0.93 vahid təşkil etmiş, ən yüksək göstərici 1.6 vahid - UBC 828 praymeri üçün əldə edilmişdir. Çözüm gücü (RP) yüksək olmaqla 0.8 – 2.69 arasında dəyişmiş, orta hesabla 1.55 olmuşdur. Bu göstərici seçilmiş praymerin genotipləri bir-birindən fərqləndirmə (diskriminasiya) potensialını göstərir [16]. Orta çözümlü gücü (MRP) çox sayda genotip arasındakı fərqlilikləri təhlil etmək üçün praymer inteqrasiyasını xarakterizə edən bir parametrdir [17]. Adi lobya nümunələri üçün ISSR praymerlərin orta çözümlü gücü 0.09 – 0.63 arasında dəyişmişdir. Praymer-marker sisteminin ümumi effektivliyini hesablamaq üçün istifadə olunan marker indeksinin (MI) qiyməti 0.16-0.66 arasında dəyişmiş və orta hesabla 0.33 vahid olmuşdur.

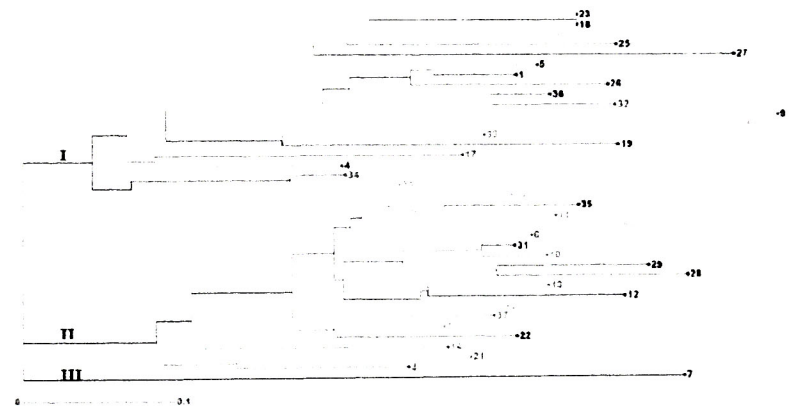
Polimorfizmi 38% təşkil edən UBC 818 praymeri ilə unikal DNT profilinə malik nümunə ayırd edilmiş, 28 nömrəli genotip AzePHA-29 üçün digər nümunələrdən fərqli profil müşahidə olunmuşdur.

37 adi lobya nümunəsi arasındakı genetik müxtəlifliyin tədqiqi zamanı ISSR markerlərlə yanaşı, 1 RAPD - OAS13 praymerindən də istifadə edilmiş və ISSR markerlərlə müqayisədə daha üstün göstəricilər əldə olunmuşdur. Belə ki, ISSR praymerləri ilə alınmış ümumi polimorfizm göstəricisi 33.6% olduğu halda, OAS13 praymeri ilə bu göstərici 66.6% təşkil etmişdir. Ümumilikdə, OAS13

praymeri ilə 9 bənd sintez olunmuş, onlardan 6-sı polimorf olmuşdur. OAS13 praymeri üzrə genetik müxtəliflik əmsalinin qiyməti və polimorf informasiya tutumu (PIC) müvafiq olaraq, 0.92 və 0.47 vahid təşkil etmişdir. RAPD praymerinin GMI göstəricisi ISSR praymerlərlə alınmış nəticədən yüksək olsa da, PIC göstəricisi UBC823 (0.48) praymeri ilə daha üstün olmuşdur. Effektiv multipleks əmsalinin qiyməti 4 vahid təşkil etmişdir. Çözüm gücü və onun əsasında orta çözümlü gücü müvafiq olaraq, 4.67 və 0.04 olmuşdur. OAS13 praymeri üçün, həmçinin marker indeksi parametri hesablanmış və 1.88 vahid qiymətlə ISSR praymerlərdən daha yüksək göstərici əldə edilmişdir.

Bütün bu müqayisələr istifadə olunmuş praymerlərin yüksək verimliliyindən xəbər verməklə yanaşı, 37 adi lobya nümunəsindən ibarət kolleksiyada 6 ISSR lokusu üzrə orta, 1 RAPD praymeri ilə isə yüksək polimorfizmin olduğunu deməyə əsas verir.

ISSR və RAPD praymerləri ilə ümumilikdə 56 bənd sintez olunmuş, bəndlər əsasında binar matris tərtib olunaraq, Cakkard genetik oxşarlıq əmsali hesablanmış və dendrogram qurulmuşdur. UPGMA klaster analizi 37 adi lobya genotipini 3 klasterdə qruplaşdıraraq, onlar arasındakı genetik yaxınlığı nümayiş etdirmişdir (şəkil 1). Nümunələr arasında genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, 9 (AzePHA-23) və 28 (AzePHA-29) nömrəli genotiplər bir-birindən maksimum fərqlilik nümayiş etdirmişlər. Qeyd olunan nümunələr boy və yekun məhsuldarlıq kimi əlamətlərə, həmçinin gövdə tipinə görə də bir-birindən kəskin fərqlənmişdir. İki nümunə - AzePHA-15 və K-3498 öz aralarında indentiklik nümayiş etdirmişdir ki, hər iki yerli nümunənin kol gövdə tipinə malik olduğu məlumdur. Qeyd edək ki, nümunələr struktur və məhsuldarlıq göstəricilərinə görə də bir-birinə çox yaxın olmuşlar. Bununla belə, nümunələrin sinonim olmasının təsdiqi üçün əlavə lokusların analizi tələb olunur.



Şəkil 1. 37 adi lobya nümunəsinin kombinə olunmuş ISSR+RAPD verilənləri əsasında genetik yaxınlığını nümayiş etdirən dendrogram. Qara – yerli, mavi – VIR, göy – Moskva, qırmızı – Stavropol, narıncı – Türkiyə, yaşıl – Ukrayna, qəhvəyi – Dağıstan, bənövşəyi – Təbriz

I klaster özündə 19 adi lobya nümunəsini cəmləşdirmişdir ( $GMI_{orta}=0.58$ ). Türkiyədən olan yeganə nümunə bu klasterdə yer alaraq Ağdaşdan olan AzePHA-15 nümunəsi ilə genetik yaxınlıq nümayiş etdirmişdir. II klasterdə 17 nümunə qruplaşaraq ( $GMI_{orta}=0.53$ ), Moskvadan olan bütün nümunələri, eləcə də Ukraynadan olan yeganə genotipi birləşdirmişdir. VIR-dən əldə edilmiş 4 nümunədən 3-ü II klasterdə, Stavropol nümunələrindən 2-si I, digər 2-si isə II klasterdə yer almışlar. III klaster yalnız bir - AzePHA-209t (Bakı) nümunəsindən ibarət olmuşdur. AzePHA-209t və digər nümunələr arasındakı genetik məsafə indeksi 0.6-0.94 arasında dəyişmişdir. Klasterdə nümunələrin qruplaşması ilə onların əldə olduğu region arasında əlaqə aşkar edilməmişdir. Yalnız Moskvadan olan nümunələr eyni klasterdə (II) yerləşmiş, digər regionlardan olan sortlar klasterlər arasında paylanmışdır.

Morfoloji əlamətlər və DNT marker verilənləri əsasında dendroqramların müqayisəsi ümumilikdə klasterlər arasında hər-hansı bir uyğunluğun olmadığını göstərir. Bununla belə, tək-tək əlamətləri müqayisə edərkən 1 bitkidə paxlanın sayı əlaməti və nümunələrin genetik yaxınlığı arasında müəyyən bir əlaqənin olması müşahidə edilir. Belə ki, I klasterdə qruplaşan nümunələrin 95%-də bitkidə paxla sayı 10-dan aşağı olduğu halda, II klasterdəki nümunələrin 65%-də bu göstərici 10-23 ədəd arasında dəyişmişdir. I klaster üzrə bir bitkidə paxla sayı orta hesabla 6.9, II klaster üzrə isə 13 ədəd təşkil etmişdir. Ümumi kolleksiya üzrə isə bu göstərici orta hesabla 9.7 ədəd olmuşdur (cədvəl 3).

Cədvəl 3

Adi lobya nümunələrində ISSR+RAPD dendroqramındakı klasterlər üzrə  
1 bitkidə paxla sayı əlamətinin variasiya dərəcəsi

Göstəricilər	I klaster	II klaster	III klaster	Ümumi kolleksiya
Nümunə sayı	19	17	1	37
1 bitkidə paxla sayı, variasiya həddi	3-13	10-23	8	3-23
1 bitkidə paxla sayı, ədəd, orta hesabla	6.9	13	8	9.7

Qeyd edilən əlamətin  $1\text{ m}^2$ -dən məhsuldarlığa təsir edən əsas göstərici olduğunu nəzərə alsaq, aşkar edilmiş bu əlaqə xüsusi əhəmiyyət kəsb edir. Əldə olunmuş nəticə daha çox lokusun və statistik təhlillərin cəlb olunması ilə gələcək tədqiqatlar üçün yeni imkanlar açır.

## YEKUN

Ümumilikdə molekulyar verilənlər əsasında klaster analizi nümunələrin 94.6%-ni fərqləndirməyə müvəffəq olmuşdur ki, bu da yüksək göstərici kimi qiymətləndirilə bilər. Müxtəlif klasterlərdən olan genetik baxımdan uzaq genotiplərin valideyn forma kimi seleksiyada istifadəsi geniş spektrli rekombinantlar əldə etməyə imkan verəcəkdir.

## NƏTİCƏ

Ümumilikdə, 6 ISSR praymeri ilə 47, 1 RAPD praymeri ilə isə 9 bənd sintez olunmuş, kolleksiyada polimorfizm faizi, müvafiq olaraq, 33.6% və 66.6% təşkil etmişdir.

Aparılan tədqiqatlarda adi lobya kolleksiyasında genetik müxtəliflik əmsalının  $GMI=0.75$  olduğu müəyyən edilmişdir.

Cakkard genetik oxşarlıq əmsalı əsasında genotiplər 3 əsas klasterdə qruplaşmış, nümunələrin toplandığı coğrafi regionla genetik quruluş arasında əlaqə aşkar olunmamışdır. Nümunələr arasında genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, 9 (AzePHA-23) və 28 (AzePHA-29) nömrəli genotiplər bir-birindən maksimum fərqlilik nümayiş etdirmişlər.

## ƏDƏBİYYAT

- Mamidi S., Rossi M., Annam D., Moghaddam S., Lee R., Papa R., McClean P. Investigation of the domestication of common bean (*Ph. vulgaris*) using multilocus sequence data. // Functional Plant Biol. 2011, vol. 38, p. 953-967.
- Piperno D.R., Dillehay T.D. Starch grains on human teeth reveal early broad crop diet in northern Peru. // Proceedings of the National Academy of Sciences, 2008, vol. 105(50), p. 19622-19627.
- Quliyeva Lamiyə. Faydaları saymaqda bitməyən lobya bitkisi. // Naxçıvan Müəllimlər İnstitutu, 2020, <https://naxcivanxeberleri.com/cemiyet/38749-faydaları-saymaqda-bitmyn-lobya-bitkisi.html>
- Əsədova A.İ., Əmirov L.Ə., Abbasov M.Ə. Azərbaycanın bəzi dənlil paxlalı bitki biomüxtəlifliyi. – Bakı: “Müəllim” nəşriyyatı. – 2016, 184 s.
- Vallejos C.E., Sakiyama N.S., Chase C.D. A molecular marker based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. // Genetics, 1992, vol. 131, p. 733-740.
- Cabral P.D.S., de Souza L.C., da Costa G.F., Silva F.H.L., Soares T.C.B. Investigation of the genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris*.) cultivars using molecular markers. // Genetics and Molecular Research, 2018, vol. 17(4), p. 1-11.
- Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. // Plant Mol. Bio. 1985, vol. 15, p. 69-76.
- Weir B.S. Genetic data analysis. Methods for discrete population genetic data. – Sunderland: Sinauer Associates, 1990. – 377 p.
- Roldan-Ruiz I., Dendauw J., Vanbockstaele E., Depicker A., De Loose M. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). // Mol. Breed. 2000, vol. 6, p. 125-134.
- Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalsky A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. // Mol. Breed. 1996, vol. 2, p. 225-238.
- Prevost A., Wilkinson M.J. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. // Theor. Appl. Genet. 1999, vol. 98, p. 107-112.
- Jaccard P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. // Bulletin de la Société vaudoise des Sciences Naturelles, 1908, vol. 44, p. 223-270.
- Galvan M.Z., Borne B., Balatti P.A., Branchard M. Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as a tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). // Euphytica, 2003, vol. 132, p. 297-301.
- Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. // The American Journal of Human Genetics, 1980, vol. 32, p. 314.
- Tatikonda L., Wani S.P., Kannan S., Beerelli N. AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L., a biofuel plant. // Plant Science, 2009, vol. 176, p. 505-513.

16. Babayeva S.M. Əkrərov Z.İ., Əmirov L.Ə., Şixəliyeva K.B., Həsənova S.Q., Muxtarova Z.S., Aslanova Q.S., Abbasov M.Ə. İntroduksiya olunmuş və yerli noxud (*Cicer arietinum* L.) nümunələrində genetik müxtəlifliyin molekulyar analizi. AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), 2016, cild 71(1), s. 103-110.
17. Raza A., Farooq U.B., Khan A.W. Polymorphic information and genetic diversity in *Brassica* species revealed by RAPD markers. // Biocell, 2020, vol. 44(4), p. 769-776.

## **RAPD VƏ ISSR MARKERLƏRLƏ YERLİ VƏ İNTRODUKSİYA OLUNMUŞ ADI LOBYA (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) NÜMUNƏLƏRİNDƏ GENETİK POLİMORFİZMİN TƏDQIQI**

**T.A.HƏSƏNOVA\*, S.M.BABAYEVA, A.İ.ƏSƏDOVA, M.Ə.ABBASOV**

*AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı, AZ1106, Azadlıq pr. 155; turane250498@gmail.com*

6 ISSR və 1 RAPD praymeri ilə müxtəlif mənşəli 37 adi lobya nümunəsinin genetik müxtəlifliyi tədqiq olunmuşdur. Ümumilikdə, 6 ISSR praymeri ilə 47, 1 RAPD praymeri ilə isə 9 bənd sintez olunmuş, kolleksiyada polimorfizm faizi, müvafiq olaraq, 33.6% və 66.6% təşkil etmişdir. Ayrılan tədqiqatlar nəticəsində adi lobya kolleksiyasında genetik müxtəliflik əmsalının  $GMİ=0.75$  olduğu müəyyən edilmişdir. Cakkard genetik oxşarlıq əmsalı əsasında genotiplər 3 əsas klasterdə qruplaşmış, nümunələrin toplandığı coğrafi regionla genetik quruluş arasında əlaqə aşkar olunmamışdır. Nümunələr arasında genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, 9 (AzePHA-23) və 28 (AzePHA-29) nömrəli genotiplər bir-birindən maksimum fərqlilik nümayiş etdirmişlər. Üstün məhsuldarlıq göstəricilərinə malik və müxtəlif klasterlərdən olan genetik baxımdan uzaq genotiplərin valideyn forma kimi hibridləşmə proqramlarına cəlb olunması seleksiya prosesinin effektivliyini artırmağa imkan verəcəkdir.

## **ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА МЕСТНЫХ И ИНТРОДУЦИРОВАННЫХ ОБРАЗЦОВ ФАСОЛИ ОБЫКНОВЕННОЙ (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ RAPD И ISSR МАРКЕРОВ**

**Т.А.ГАСАНОВА\*, С.М.БАБАЕВА, А.И.АСАДОВА, М.А.АББАСОВ**

*Институт Генетических Ресурсов НАНА*

Генетическое разнообразие 37 образцов фасоли обыкновенной различного происхождения было изучено с использованием 6 ISSR и 1 RAPD праймеров. Всего было синтезировано 47 фрагментов с шестью ISSR и 9 фрагментов одним RAPD праймером; процент полиморфизма в коллекции составлял 33,6% и 66,6% соответственно. В результате исследования для коллекции обыкновенной фасоли индекс генетического разнообразия составил 0,75 единиц. Генотипы были сгруппированы в 3 основных кластерах на основе индекса генетического сходства Джаккарда. Связь между географическим регионом и генетической структурой не было обнаружено. Индекс генетической дистанции между образцами колебался в пределах 0-1, а генотипы 9 (AzePHA-23) и 28 (AzePHA-29) демонстрировали максимальные отличия друг от друга. Вовлечение генетически отдаленных генотипов из разных кластеров с высокими показателями продуктивности в программы гибридизации в качестве родительских форм может повысить эффективность селекционного процесса.

*Çapa təqdim etmişdir: Əkrərov Zeynal, AMEA-nın m.ü., a.e.d., professor*

*Redaksiyaya daxil olma tarixi: 15.10.2021. Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 30.10.2021.*

*Çapa qəbul edilmə tarixi: 07.11.2021.*