

YERLİ VƏ İNTRODUKSIYA EDİLMİŞ BƏZİ MEYVƏ BİTKİLƏRİNİN GENOMUNUN MÜQAYİSƏLİ ŞƏKİLİDƏ ÖYRƏNİLMƏSİ

Nəzakət Hüseynova¹, Ləman Rəsulova²

¹Bakı Dövlət Universiteti, biolog-bdu@rambler.ru,

²Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutu,
lemanrasulova566@gmail.com

Ən mühüm təsərrüfat və bioloji əlamətlərə görə müxtəlif ekoloji-coğrafi və genetik mənşəli alma genotiplərinin kompleks tədqiqi aparılmış, onların qısa davamlılığı, müqaviməti, həmçinin böyümə və məhsuldarlıq baxımından müqavimət potensialı müəyyən edilmişdir. Hibridoloji təhlilə əsasən, maksimum şaxtaya davamlılığın irsiyyət nümunələri, müqaviməti, böyümə xüsusiyyətləri, maksimum şaxtaya davamlılıq əlamətinin formalaşmasında genlərin əlavə qarşılıqlı təsirlərindən hansının üstünlük təşkil etdiyi müəyyənləşdirilmişdir.

Tədqiqatın məqsədi meyvə bitkilərinin yerli və introduksiya edilmiş sortlarının (alma, armud, heyva) genofondunun genetik müxtəlifliyini qiymətləndirmək və seleksiya prosesini təkmilləşdirmək üçün DNT-nin identifikasiyası, genotipləşdirilməsi və markerlə seleksiya üsullarının işlənib hazırlanması və bu tədqiqat işləri əsasında rəqabət qabiliyyətli çeşidlər yaratmaq olmuşdur. Bu məqsədə çatmaq üçün aşağıdakı məsələlərin həlli qarşıya qoyulmuşdur: meyvə bitkilərinin genotiplərini müəyyən etmək üçün ən informativ, etibarlı və əlverişli molekulyar markerlər sisteminin müəyyənləşdirilməsi; Azərbaycanda yetişdirilən müxtəlif mənşəli meyvə bitkilərinin genofondunun genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi; Azərbaycanda yetişdirilən yerli alma, armud və heyva sortlarının, eləcə də introduksiya sortlarının SSR lokuslarının polimorfizmini öyrənmək, ən polimorf və informativ lokusları müəyyənləşdirmək; Azərbaycanda yetişdirilən alma, armud, heyva növlərinin və sortlarının DNT identifikasiyasına imkan verən SSR markerlər sisteminin işlənib hazırlanması və s. Alma sortlarının və növlərinin genetik müxtəlifliyini öyrənmək üçün 20 SSR markerini özündə birləşdirən dəst yaradılmışdır. Alma genomunun müxtəlif bölgələrini əhatə edən monolokus yüksək polimorfik markerlərə üstünlük verilmişdir. 102 alma çeşidi və növü arasında 220 polimorfik allel müəyyən edilmişdir. Allellərin ümumi müxtəlifliyinə böyük töhfə verən nadir növlər və introduksiya edilmiş növlər olmuşdur. Onların genotiplərində becərilən sortlarda olmayan allellər var. Hər bir marker üçün aşkar edilən allellərin sayı 8-dən 40-a qədər, orta hesabla 16,5 olmuşdur. Fərdi allellər üçün başvermə tezliyi qeyd edilmişdir. Alma sortlarının və növlərinin klaster analizi göstərmişdi ki, onların genotipləri unikal SSR allel tərkibinə malikdir. Nümunələr arasındakı genetik məsafə 0,8 ilə 0,1 arasında dəyişir. Introduksiya edilmiş alma növlərinin əhəmiyyətli bir hissəsi ayrı-ayrı qruplar təşkil edir və yerli sortlardan daha çox genetik məsafədə yerləşir. Alma sortları genetik cəhətdən çox müxtəlifdir. Onlar həm müasir, həm də köhnə sortları, həmçinin introduksiya edilmiş sortları özündə birləşdirən ayrı-ayrı qruplar təşkil edirlər. Azərbaycanda yetişdirilən armud sortlarının genetik müxtəlifliyini öyrənmək üçün 15 SSR markerdən ibarət komplekt yaradılmışdır. Onların köməyi ilə 43 armud nümunəsi arasında 217 polimorfik allel müəyyən edilmişdir. Alma və armudun polimorfizm əmsalını müqayisə etdikdə görmək olar ki, hər iki növ mikrosatellit ardıcılığının allellərinin yüksək genetik müxtəlifliyi ilə xarakterizə olunur. Nəzərdən keçirilən lokuslar üçün armud sortlarının orta H_e qiyməti 0,81, alma sortları üçün 0,84 təşkil etmişdir. Armud, eləcə də alma sortları nisbətən yüksək heteroziqotluq səviyyəsi ilə xarakterizə olunur. Azərbaycanda yetişdirilən alma növləri, sortları və hibridləri mikrosatellit ardıcılıq lokuslarının allellərinin yüksək genetik müxtəlifliyi ilə xarakterizə olunur: $H_e = 0,84$, $H_0 = 0,67$, $N_e = 6,25$, $F = 0,2$, $A = 16,5$. Allellərin ümumi müxtəlifliyinə böyük töhfə verən nadir növlər və introduksiya edilmiş növlər olmuşdur. Azərbaycan sortları genetik müxtəliflik dərəcəsinə görə digər ölkələrin seleksiya sortlarından heç də geri qalmır.