

UOT 579

**X.İ.Kərimova**  
*AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu*  
*xayalakerimova90@gmail.com*

## **SSR MARKERLƏRİNDƏN İSTİFADƏ EDƏRƏK GİLƏS (*Prunus avium* L.) GENPLAZMASININ MOLEKULYAR XARAKTERİSTİKASI**

*Açar sözlər: Prunus avium L., SSR markerlər, genetik müxtəliflik, genetik oxşarlıq*

Bu tədqiqatda 74 giləs genotipini qiymətləndirmək üçün 12 SSR praymerindən istifadə olunmuşdur. İstifadə edilmiş praymerlərdən PaCITA 18, pchcmS 2, AK 193 polimorf xarakter daşıyaraq giləs genotiplərinin bir-birindən fərqləndirməsi üçün yetərinə effektiv olmasını göstərir. Beləliklə, mikrosatellit lokusların giləs genotipləri arasındakı genetik fərqliliyi tədqiq etmək üçün güclü və səmərəli vasitə olması bir daha təsdiq edilmişdir.

**X.И.Каримова**

## **МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ГЕНПЛАЗМЫ ЧЕРЕШНЯ (*Prunus avium* L.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МАРКЕРОВ SSR**

*Ключевые слова: Prunus avium L., маркеры SSR, генетическое разнообразие, генетическое сходство*

В этом исследовании 12 праймеров SSR были использованы для оценки 74 генотипов черешни. Среди используемых праймеров PaCITA 18, pchcmS 2, AK 193 являются полиморфными по природе и показывают, что они достаточно эффективны для дифференциации генотипов черешни. Таким образом, было дополнительно подтверждено, что микросателлитные локусы являются мощным и эффективным инструментом для изучения генетических различий между генотипами черешни.

**Kh.I.Karimova**

## **MOLECULAR CHARACTERISTICS OF CHERRY (*Prunus avium* L.) GENPLASM USING SSR MARKERS**

*Keywords: Prunus avium L., SSR markers, genetic diversity, genetic similarity*

In this study, 12 SSR primers were used to assess 74 cherry genotypes. Among the primers used, PaCITA 18, pchcmS 2, AK 193 are polymorphic in nature and show that they are effective enough to differentiate between cherry genotypes. Thus, it has

been further confirmed that microsatellite loci are a powerful and effective tool for studying genetic differences between cherry genotypes.

### Giriş

Genplazmanın genetik xarakteristikası bitki kolleksiyalarının daha yaxşı idarə edilməsini və istifadəsini asanlaşdırır. Tarixən, genplazm kolleksiyalarının səciyyələndirilməsi taksonomik, biogeografik, morfometrik, aqronomik və ya molekulyar səviyyədə aparılmışdır [Charpman, 1989; Clegg, 1990; Gepts, 1995]. Molekulyar markerlərdən istifadə edərək aşkar olunan dəyişkənliyin artması genplazma menecerləri, bitki yetişdiriciləri və genetikləri, kənd təsərrüfatı bitkilərinin genetik ehtiyatlarına aid idxal problemlərini həll etməyə imkan verdi [Guarino et al., 2006].

Gilas (*Prunus avium* L.) gülçiçəyikimilər fəsiləsinə aid olub çarpaz tozlanan, diploid ( $2n=2x=16$ ) ağac bitkisi olub, təbii arealı Qərbi Avrasiyanın və Afrikanın şimal hissəsini əhatə edir. Gilasın mənşə mərkəzi Xəzər dənizi və Qara dəniz arasındakı ərazidə olması, oradan quşlar vasitəsilə Avropaya yayılması güman edilir [Webster, 1996]. Dünyada 2.200.000 ton gilasa istehsal olunur və çayirdəki meyvələrdən gavalı, şaftalı, ərikdən sonra məhsuldarlığına görə dördüncü yerdədir. Gilas istehsalının 60 %-i yeddi ölkədə cəmləşmişdir (İran, ABŞ, Türkiyə, Almaniya, İtaliya, İspaniya və Rumıniya; FAOSTAT, 2007).

Ənənəvi olaraq sortların identifikasiyası morfoloji və aqronomik xüsusiyyətlərə etibar edilir, lakin DNT markerləri meyvə ağacı genotiplərinin daha dəqiq müəyyənəndirilməsini təmin edir. Molekulyar markerlər gilasa bitkisinin sortlarının identifikasiyası və xarakteristikası üçün getdikcə daha çox istifadə olunur. Əvvəlki tədqiqat işlərində, Grander *et al.* (1993) və Beaver *et al.* (1995) gilasa sortlarını fərqləndirmək üçün izozimlərdən, Gerlach və Stösser (1997) və Cai *et al.* isə təsadüfi amplifikasiya olunan polimorf DNT (RAPD) və amplifikasiya olunmuş fraqmentlərin uzunluğu polimorfizmi (AFLP) markerlərindən istifadə etmişlər [Struss *et al.*, 2001; Boritzki *et al.*, 2000; Zhou *et al.*, 2002]. Mikrosatellit markerlər genetik analizlər üçün yüksək keyfiyyətli markerlərdir, çünki onların genomda çoxluğu, yüksək dərəcədə polimorfizm, kodominant xarakter daşması onları populyasiya analizləri üçün əvəzsiz edir [Morgante və Olivieri, 1993].

Bu günə kimi gilasa üçün xarakterik olan bəzi mikrosatellit praymer cütləri aşkarlanmışdır. Bunlardan biri PS12A02 (Downey və Iezzoni, 2000) Napoleon sortunun genom DNT-sindən əldə edilmişdir. Bundan əlavə 5 daha (PS01H03, PS05C03, PS07A02, PS08E08 və PS09F08) praymer eyni mənşəyə aiddir [Joobeur *et al.*, 2000; Sosinski *et al.*, 2000]. Daha dörd praymer (PMS 2, 3, 60 və 67) Struss *et al.*, tərəfindən təqdim edildi (2002). Bu tədqiqat işlərində, SSR praymerlər qara gilasa (*P. seronita*), albaliya (*P. cerasus*), badama (*P. dulcis*), şaftalığa (*P. persica*) və yaxud *Prunus* hibridlərinə tətbiq edilib.

**Material və metodlar*****Bitki materialı***

Tədqiqata istifadə edilmiş 74 gilə genotipləri Azərbaycanın 5 (Quba, Xaçmaz, Şəki, Ağdaş və Tərtər) bölgələrindən toplanılmışdır. Tədqiq olunan genotiplər haqqında məlumatlar Cədvəl 1-də verilmişdir.

***Cədvəl 1. İstifadə olunan gilə nümunələri haqqında məlumat***

Nümunələrin adı	Toplandığı yer	Nümunələrin adı	Toplandığı yer
<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>	<i>4</i>
1. Samba	Quba ETB	38. Ballı gilə	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
2. Lapins	Quba ETB	39. Cır gilə acı	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
3. Ziraat	Quba ETB	40. Cır gilə-2	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
4. Cır gilə	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	41. Mayovka qırmızı	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
5. Çəhrayı Napoleon	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	42. Düm ağ gilə	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
6. Sarı Droqana	Quba ETB	43. Albalı gilə yumru	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
7. Tezyetişən Kassini	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	44. Mayovka çil-çil	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
8. Ramon Oliva	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	45. Qara Mayovka	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
9. Regina	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	46. Sarı gilə	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
10. Svet Heart	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	47. Albalı gilə ağ	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
11. Bianka gözəli	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	48. Sarı uzun gilə	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
12. Sarı Denissema	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	49. Quzugörən	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s
13. Cır gilə-2	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	50. Qara öküzürəyi	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
14. Biqarro Burlat	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	51. Zoğalı	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
15. Ağ gilə	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	52. Çal Kırım	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
16. Early Lory	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	53. Gecyetişən öküzürəyi	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
17. North Vander	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	54. Yabanı gilə	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
18. Qara gilə	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	55. Napoleon	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s

1	2	3	4
19. May gilası	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	56. Şampan gilası	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
20. Krım	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	57. Ağ Krım	Tərtər, Ələsgərli kəndi, h/s
21. Qara Napoleon	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	58. May gilası ağ	Ağdaş, Yuxarı Qəsil kəndi, h/s
22. Frans İosif	Quba, Zərdabi kəndi, h/s	59. Ağ gilası	Ağdaş, Yuxarı Qəsil kəndi, h/s
23. Qara cır gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	60. Ala gilası	Ağdaş, Yuxarı Qəsil kəndi, h/s
24. Mürəbbə ağ gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	61. Qara öküzürəyi	Ağdaş, Yuxarı Qəsil kəndi, h/s
25. Ağ cır gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	62. Tezyetişən Krım	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
26. Qara şabalıdı	Şəki Dayaq məntəqəsi	63. Napoleon	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
27. Qara gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	64. Krım gecyetişən	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
28. Ala gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	65. Ağ gilası	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
29. Cır gilası kəsikli	Şəki Dayaq məntəqəsi	66. Xrustal	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
30. Öküzürəyi ağ	Şəki Dayaq məntəqəsi	67. Ramon Oliva	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
31. Öküzürəyi qara	Şəki Dayaq məntəqəsi	68. Tezyetişən Krım	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
32. Qızıl gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	69. Erkən Krasnadar	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
33. Kəhrəba gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	70. Cır gilası	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
34. Alıç gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	71. Alyanaq	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
35. Ağ gilası	Şəki Dayaq məntəqəsi	72. Ən gecyetişən Krım	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
36. Krım	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s	73. Qara Krımson	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s
37. Napoleon-Şəki	Şəki, Çeşməli kəndi, h/s	74. Regina	Xaçmaz, Qoçaqlı kəndi, h/s

### ***DNT-nin ekstraksiya mərhələsi***

Gilas genotiplərindən nüvə DNT-nin ekstraksiyası Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyez Universitetinin Gen-Kök Hüceyrə Mərkəzinin Biotexnologiya laboratoriyasında həyata keçirilmişdir.

- DNT-nin ekstraksiyası üçün hər bir genotiptən təzə yarpaq nümunəsi götürülərək maye azot içində əzilib toz halına salınmışdır. DNT-nin ekstraksiyası Rocetin təklif etdiyi (1985) CTAB (setiltrimetilammonium

bromid) protokolu əsasında aparılmışdır:

- Alınmış bitki tozundan 100 mq 2ml-lik tübikə tökülür. Tübikdə olan 100 mq bitki tozu üzərinə 1000 µl, əvvəlcədən 65<sup>0</sup>C-dək qızdırılmış 2xCTAB (2% CTAB, 0.1 M Tris HCl (pH=8.0), 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA) məhlulu və 1% β-merkaptoetanol (pH=8.0) əlavə olunur və Vorteksdə həmcins kütlə əmələ gələnədək yaxşıca qarışdırılır;
- Əmələ gəlmiş suspenziya hər 5 dəqiqədən bir tərs-düz etməklə 20 dəqiqə müddətinə su hamamına (65<sup>0</sup>C) yerləşdirilir;
- Otaq temperaturunda 5 dəqiqə müddətində soyudulduqdan sonra suspenziya üzərinə 700 µl xloroform:izoamil spirti (24:1) (XİS) əlavə olunur və 20-25 dəfə tərs-düz edildikdən sonra 30 dəqiqə buz içində saxlanılır. Bu zaman DNT və RNT-ni çıxmaq şərtilə, bütün protein və fenol tərkibli komponentlər həll olur;
- Qarışıq 5 dəqiqə müddətində otaq temperaturunda 14000 rpm tezlikdə sentrifuqaya qoyulur və supernatant təzə 2 ml-lik tübikə keçirilir;
- Yenidən XİS əlavə olunaraq mərhələ təkrar olunur;
- DNT-ni çökdürmək üçün supernatant üzərinə 800-850 µl soyuq izopropanol əlavə olunur və tübikin ağzı parafilmə örtülərək ehtiyatla qarışdırılır, 1 gün boyunca -20<sup>0</sup>C də saxlanılır;
- -20<sup>0</sup>C-dən nümunələr 1 dəqiqə müddətində 14000 rpm tezlikdə sentrifuqadan keçirilir;
- Supernatant yeni tübikə keçirildikdən sonra 2 dəfə üzərinə soyuq yuyucu məhlul (76% etanol və 10 mM ammonium asetat) əlavə olunaraq sentrifuqadan keçirilir;
- Qurutmaq üçün 30 dəqiqə otaq temperaturunda saxlanılır və üzərinə 100 µl TE (ph:8) əlavə edilir. Bu DNT məhlulu ehtiyat məhlul kimi istifadə olunur;
- DNT-nin miqdarı spektrofotometrde ölçüldükdən sonra 1 µl RNase əlavə edilib 37<sup>0</sup>C –də 30 dəqiqə saxlanılır.
- DNT-nin keyfiyyət və kəmiyyətinin ölçülməsində NanoDrop cihazından istifadə edilmişdir. Bir mkl məhlulda neçə ng DNT olduğu müəyyən edilmişdir. Nüvə DNT-si ayrilib, suda həll edilib, miqdarı müəyyən edildikdən sonra 200 ml olmaq şərtilə 100 ng a qədər durulaşdırılmışdır. Durulaşdırma aşağıdakı düstur əsasında aparılmışdır.

C1C2=V1V2

### ***İstifadə olunmuş SSR praymerlər***

İstifadə olunmuş SSR praymerlər 2015-ci ildə ərik (*Prunus armeniaca L.*) bitkisinin genetik xəritəsinin qurulması üçün təkmilləşdirilmişdir. İstifadə olunan SSR praymerlərin siyahısı, nukleotid ardıcılığı, birləşmə temperaturu (T<sub>m</sub>) cədvəl 2-də göstərilmişdir.

**Cədvəl 2. İstifadə edilmiş praymerlərin siyahısı**

Praymerlərin adı	Praymerlərin ardıcılığı (5'-3')	T <sub>m</sub> °
1. SSR PaCİTA 18	F:CACGACGTTGTAAAACGACGCCGGTAGCTTTCGATT TCAAAC R:CCTAGGCTTCTATTCCCCTCACGAC	55
2. SSR pchms2	F:CACGACGTTGTAAAACGACAGGGTCGTCTCTTTGAC R:CTTCGTTTCAAGGCCTG	53
3. SSR AK69	F:TGAAACTGAGGACGATGACG R:CGTCTTCCGGATTTGCTTTA	50
4. SSR AK123	F:TGACATGCGCACTCTTCTCT R:CAGTTGGTAGGCCCTGGTAA	50
5. SSR PaCİTA10	F:CACGACGTTGTAAAACGACGGTGAGGTCTGTGCTGA ATATGCCA R:CGATTAAGAAATAAGAAAAAGAGC	55
6. SSR PaCİTA12	F:CACGACGTTGTAAAACGAGACACCCCAACCCACCCA TCATGT R:GGTSTTGAAATGTGGAAAGAAATG	56
7. SSR PaCİTA 14A	F:CACGACGTTGTAAAACGACCCTTCAATGCTGGCATG GTTTCTTC R:GGAGAGAGGGTAGCTAGGGGGAGG	55
8. SSR PaCİTA14B	F:CACGACGTTGTAAAACGACCCTTCAATGGTGGCATG GTTTCTTC R:GGAGAGAGGGTAGCTAGGGGGAGG	55
9. SSR AK 193	F:GCAAATCAGCTAGTGAAAGA R:TACCACTTACGATGTGTCGTT	53
10. SSR AK200	F:CCAGTAGATTGGGTGCTACT R:CTACGTCCAAGAACAAGATT	53
11. SSR pchgms2	F:CACGACGTTGTAAAACGACGTCAATGAGTTCAGTGT CTACACTC R:AATCATAACATCATTCAGCCACTGC	53
12. SSR AK178	F:GCACCAACTGTTCCATTGA R:TGTCTTGATGTGAACCATGC	55

**Mikrosatellit praymerlərlə PZR reaksiyasının aparılması**

Mikrosatellit praymerlərdən istifadə etməklə giləs nümunələri üçün aşağıdakı tərkibdə PZR qarışığı hazırlanmışdır (cədvəl 3).

**Cədvəl 3**

PZR qarışığı	1 reaksiya üçün (µl)	İşçi məhlulun qatılığı	Son qatılıq
ddH <sub>2</sub> O (deionizə və avtoklav olunmuş)	13,3	–	
10x buffer	2		1x
dNTP	2	2 mM	0,2
Düzünə praymer (F)	0,25	10 pmol/ µl	0,5 pmol/ µl
Əksinə praymer (R)	0,25	10 pmol/ µl	0 pmol/ V
Taq polimeraza	0,2	1 U/ µl	0,008U/ µl
Nümunə DNT-si	2	100 ng/ µl	5 ng/ µl
Ümumi həcm	20	--	

1 nümunə üçün ümumi reaksiyanın həcmi 20 µl (2 µl nümunə DNT-si +18 µl reaksiya qarışığı) təşkil etmişdir. Reaksiya yığıldıqdan sonra tübiklər PZR aparatına (Applied Biosystems by Thermo Fisher SCIENTIFIC; Veriti™ 96-Well Thermal Cycler) yerləşdirilmiş və aşağıdakı ardıcılıqda proqram tərtib olunmuşdur (cədvəl 4).

**Cədvəl 4. Zəncirvari Polimeraz Reaksiyasının tsiklləri və davam etmə müddəti**

PZR temperaturu	Davam etmə müddəti	Tsikl
94 <sup>0</sup> S	3 dəq	1
94 <sup>0</sup> S	45 san	35
T <sub>m</sub>	1 dəq	
72 <sup>0</sup> S	1 dəq	
72 <sup>0</sup> S	5 dəq	1

T<sub>m</sub> praymerdən asılı olaraq dəyişən temperaturdur. İlk olaraq reaksiya 94<sup>0</sup>S temperaturunda DNT zəncirinin denaturasiyası ilə başlayır. Sonrakı 3 mərhələ isə bir-birinin ardınca 35 dəfə tsikl təkrarlanır. 5 dəqiqə müddətində 72<sup>0</sup>S temperaturda sintez prosesinin tamamlanması ilə PZR reaksiyası yekunlaşmış olur. PZR bitdikdən sonra lokuslara aid PZR məhsulları 2 %-lik agaroz gelində yoxlanılır. Geldəki bəndlər etidiom bromid məhlulu vasitəsilə rənglənərək ultrabənövşəyi şüa altında baxılır.

### Nəticə və müzakirələr

**Cədvəl 5. SSR praymerlərdən istifadə edilərək öyrənilən genetik parametrlər**

Primer	Allele frequency	Genotype No	No.of obs	Number of alleles	Availability	Gene diversity	Heterozygosity	PIC
<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>
SSR PaCITA18(6-FAM)	0,4923	7	65	6	0,8784	0,6347	0,8769	0,5721
SSR pchcms2(NED)	0,4727	6	55	5	0,7432	0,5893	0,1636	0,5038
SSR AK69(PET)	0,9833	2	60	2	0,8108	0,0328	0	0,0322
SSR AK123(VIC)	0,9841	2	63	2	0,8514	0,0312	0	0,0308
SSR PaCITA10(6-FAM)	0,7576	4	66	4	0,8919	0,4008	0	0,3716
SSR PaCITA12(NED)	0,9583	5	72	4	0,973	0,0807	0,0556	0,0791
SSR PaCITA14A(PET)	0,4931	2	72	3	0,973	0,5136	0,9861	0,3952
SSR PaCITA14B(VIC)	0,5071	2	70	2	0,9459	0,4999	0,9857	0,3749

1	2	3	4	5	6	7	8	9
SSR AK193(PET)	0,2929	22	70	12	0,9459	0,8016	0,7857	0,7753
SSR AK200(NED)	0,4914	5	58	6	0,7838	0,5489	0,9483	0,4473
SSR pchgms2(6-FAM)	0,5069	6	72	5	0,973	0,5262	0,9167	0,4147
SSR AK178(VIC)	0,9514	4	72	3	0,973	0,0935	0,0139	0,0909
Total	7,8911	67	795	54	10,7003	5,2214	5,7325	4,0879
Mean	0,6576	5,5833	66,25	4,5	0,8953	0,3961	0,4777	0,3407

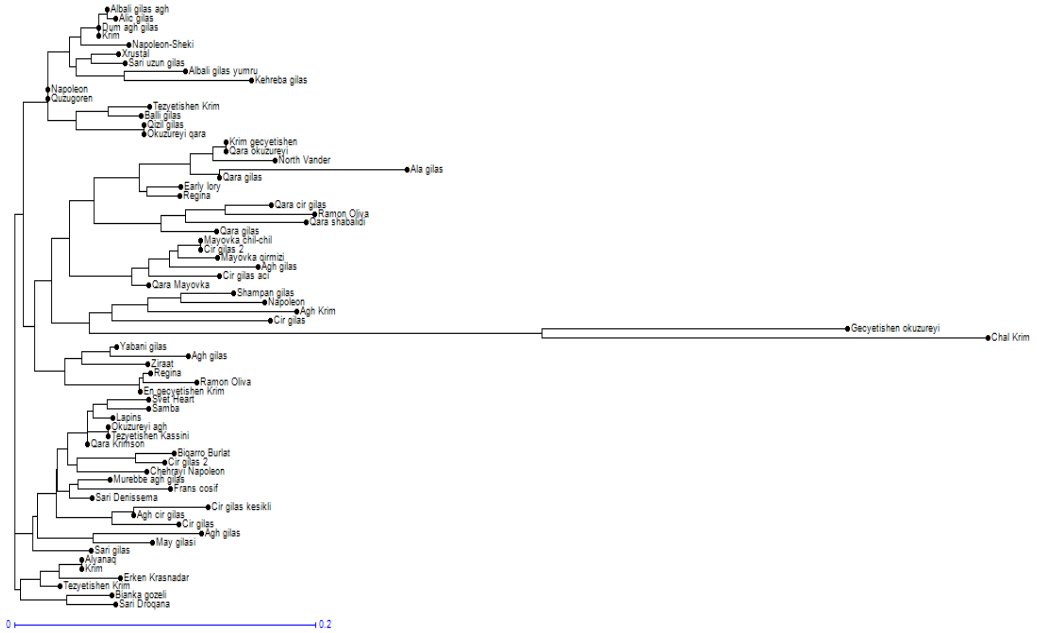
Məqalədə hər lokus üçün genetik parametrlər- allel sayı (n), allel frekansı (%), gözlənilən heterozioqotluq ( $H_e$ ) və müşahidə olunana heterozioqotluq ( $H_o$ ), aşkarlanma ehtimalı (PI) dəyəri IDENTITY 1.0 [Wagner və Sefc 1999] proqramı istifadə edilərək Paetkau vd. (1995) metoduna görə hesablanmışdır. Genetik oxşarlıq indeksi hesablandıqdan sonra genetik əlaqə dendogramı UPGMA metoduna görə [Sneath və Sokal 1973] yaradılmışdır (Şəkil 1). Alınan genetik parametrlərdən allel saylarına baxıldığında PaCITA 18 və AK 200 lokuslarında 6 allel gözlənilərkən, pchcmS 2 və pchgms 2 lokuslarında 5 allel aşkarlanmışdır. Ən çox allel sayı isə AK 193 lokusunda (12) tapılmışdır. 12 SSR lokusunda toplamda 54 allel tapılmışdır. PIC dəyəri isə 0,0322-0,7753 arasında dəyişmişdir. Genetik müxtəliflik isə 0,0312-0,8016 arası dəyər vermişdir. Cədvəl 5-də qeyd edildiyi kimi allel frekansı 0,2929-0,9841 arası dəyişmişdir. Ən yüksək gösrərici isə AK 123 lokusunda qeydə alınmışdır.

Acunalp (2012) *Prunus* növlərində tədqiqat apardığı zaman 9 SSR lokusu istifadə etmişdir. Ən yüksək allel sayı 11 olaraq UCDC -17 lokusunda aşkarlanmışdır. 45 genotipdə əldə edilən toplam allel sayı 61 olmuşdur. Stanys vd. (2012) tədqiqat zamanı 31 ədəd olmaqla, 20 Litvanya giləs sortu və 11 yabanı giləs sortlarının genetik analizini 14 SSR marker istifadə edərək aparmışdır. 20 Litvanya giləs sortunda 74 polimorf allel aşkarlanaraq hər lokusdakı allel sayı 2 ilə 11 arasında dəyişmişdir (ort. 5, 29). 11 yabanı giləs sortunda isə 67 polimorf allel müəyyən edilmişdir. Hər lokusdakı allel sayısı isə 2 ilə 8 arasında dəyişmişdir (ort. 4,8).

Şəkil 1-də göstərilən dendogramda giləs nümunələri 5 klasterə ayrılmışdır. Birinci klaster 3 sub-klasterə bölünmüşdür. 3 sub-klaster aid 15 giləs genotipləri qeydə alınmışdır. 2-ci klaster isə 4 sub-klasterə ayrılmışdır. Dendogramda da görüldüyü kimi ən böyük klaster olub, 29 giləs nümunəsindən təşkil olunmuşdur. 3-cü sub-klasterdə yerləşən Çal Kırım (Tərtər) və Gecyətışən öküzürəyi digərlərindən uzaq məsafədə yerləşib. 3-cü klaster də 4 sub-klasterə ayrılmışdır. Bu klaster özündə 18 giləs nümunəsini əhatə edir. 4-



cu və 5-ci klasterlər isə 6 genotipdən təşkil olunub. Bunlardan 5-ci klaster ən kiçik qrup olmaqla cəmi iki genotipdən tərtib olunmuşdur.



**Şəkil 1. 74 gilə nümunəsinin 12 SSR lokusuna görə genetik yaxınlığını əks etdirən dendoqram**

## Yekun

Klaster analizinin nəticəsi olaraq 4 əsas fikri irəli sürmək olar:

1. Klaster səviyyəsində tam olmasa da, sub-klaster və qrup daxilində nümunələrin qruplaşması ilə coğrafi mənşə arasında açıq-aydın əlaqə müşahidə olunur. Tədqiqatımızda istifadə olunan mikrosatellit markerlər gələcəkdə də gilə genotiplərinin bir-birindən fərqləndirilməsi üçün istifadə oluna bilər. Tədqiq olunacaq lokusların sayının artırılması nəticəsinin etibarlılığını daha da artırmış olur.

2. Dendoqramda izolə olunmuş və müstəqil qrup əmələ gətirmiş, genetik baxımdan çox fərqli formalar aşkar edilmişdir. 2-ci klasterin 3-cü sub-klasterində yerləşən Çal Kırım və Gecyətışən öküzürəyi nadir allellərə malik olmaqla gələcək seleksiya və genetik tədqiqatlarda dəyərli formalar kimi istifadə oluna bilər.

3. Klasterdə Genetik Oxşarlıq Əmsalı geniş intervalda dəyişmişdir. Bu fakt onu göstərir ki, eyni klasterə daxil olan ayrı-ayrı sub-klasterlər genetik cəhətdən bir-birinə uzaq olan genotiplər qrupundan təşkil olunmuşdur.

4. Hər bir coğrafi region daxilində genetik cəhətdən bir-birindən uzaq

və yaxın olan genotiplər aşkar edilmişdir. Quba rayonundan toplanmış olan Samba və Svet Heart sortları eyni qrupda yerləşərək və daha yüksək oxşarlıq dərəcəsi göstərmişdir. Bianka gözəli və Sarı Droqana sortları arasında da 5-ci klasterdə görüldüyü kimi yüksək oxşarlıq dərəcəsi müəyyən edilmişdir.

## ƏDƏBİYYAT

1. *Acunalp, S.*, 2012. Ekonomik öneme sahip yerli kiraz genotiplerinin SSR'a dayalı genetik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 66s.
2. *BEAVER, J. A., IEZZONI, A. F. and RAMM, C. W.* (1995). Isozyme diversity in sour, sweet and ground cherry. *Theoretical and Applied Genetics*, 90, 847–852.
3. *CAI, Y. L., CAO, D. W. and ZHAO, G. F.* (2007). Studies on genetic variation in cherry germplasm using RAPD analysis. *Scientia Horticulturae*, 111, 248–254.
4. *CHAPMAN, C.* (1989). Principles of germplasm. In: Training Courses: Lecture Series 2. Scientific Management of Germplasm: Characterization, Evaluation, and Enhancement. (Stalker H. T. and Chapman, C., Eds.). IBPGR International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy. 55–64.
5. *Chao, C. C. T. ; Krueger, R. R.* 2007. The date palm (*Phoenix dactylifera* L.): overview of biology, uses, and cultivation. *HortScience*, 42 (5): 1077-1082.
6. *DOWNEY, S. L. and IEZZONI, A. F.* (2000). Polymorphic DNA markers in black cherry (*Prunus serotina*) are identified using sequences from sweet cherry, peach, and sour cherry. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 125, 76–80.
7. *FAOSTAT.* (2007). Agriculture data. <http://faostat.fao.org/>. Accessed June 2007.
8. *GERLACH, H. K. and STÖSSER, R.* (1997). Patterns of random amplified polymorphic DNAs for sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivar identification. *Angewandte Botanik*, 71, 412–418.
9. *GRANGER, A. R., CLARKE, G. R. and JACKSON, J. F.* (1993). Sweet cherry cultivar identification by leaf isozyme polymorphism. *Theoretical and Applied Genetics*, 86, 458–464.
10. *GUARINO, C., SANTORO, S., DE SIMONE, L., LAIN, O., CIPRIANI, G. and TESTOLIN, R.* (2006). Genetic diversity in a collection of ancient cultivars of apple (*Malus domestica* Borkh.) as revealed by SSR-based fingerprinting. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 81, 39–44.
11. *Liu K, Muse SV* (2005). Power marker an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21: 2128-2129.
12. *MORGANTE, M. and OLIVIERI, A. M.* (1993). PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal*, 3, 175–182.
13. *Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I. and Strobeck, C.* 1995. Microsatellite

- analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4, 347-354.
14. *Schuelke M.* (2000). An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nat Biotechnol* 18: 233-234.
  15. *SOSINSKI, B., GANNAVAPU, M., HAGER, L. D., BECK, L. E., KING, G. J., RYDER, C. D., RAJAPAKSE, S., BAIRD, W. V., BALLARD, R. E. and ABBOTT, A. G.* (2000). Characterisation of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]. *Theoretical and Applied Genetics*, 101, 421–428.
  16. *STRUSS, D., BORITZKI, M., GLOZER, K. and SOUTHWICK, S. M.* (2001). Detection of genetic diversity among populations of sweet cherry (*Prunus avium* L.) by AFLPs. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 76, 362–367.
  17. *STRUSS, D., BORITZKI, M., KARLE, R. and IEZZONI, A. F.* (2002). Microsatellite markers differentiate eight Giessen cherry rootstocks. *HortScience*, 37, 191–193.
  18. *Sneath, P.H.A. and Sokal, R.R.* 1973. *Numerical taxanomy*. Freeman, San Francisco, CA, USA.
  19. *Stanys V., Stanytė R., Staniėnė G., Vinskienė J.* S-allele identification by PCR analysis in Lithuanian sweet cherries // *Biologija*. – 2008, vol. 54, No. 1, p. 22–26.
  20. *Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., Kumar, S.,* 2007. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.* 24. 1596-1599.
  21. *Wagner, H.W. and Sefc, K.M.* 1999. *IDENTITY 1.0*. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Science, Vienna.
  22. *WEBSTER, A. D.* (1996). The taxonomic classification of sweet and sour cherries and a brief history of their cultivation. In: *Cherries: Crop Physiology, Production and Uses*. (Webster,A.D. and Looney, N.E., Eds.). CAB International, Wallingford, Oxon, UK. 3–24.

Redaksiyaya daxil olub 29.05.2020