

AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASI

Əlyazması hüququnda

**AZƏRBAYCANDA BECƏRİLƏN ƏRİK BİTKİSİNİN
GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN VƏ ŞARKA XƏSTƏLİYİNƏ
DAVAMLILIĞININ TƏDQİQİ**

İxtisas: 2409.01 – Genetika

Elm sahəsi: Biologiya

İddiaçı: **Əminə Mərfət qızı Rəkidə**

Fəlsəfə doktoru elmi dərəcəsi
almaq üçün təqdim edilmiş dissertasiyanın

AVTOREFERATI

BAKİ-2024

Dissertasiya işi Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun "Meyvə bitkiləri", "Molekulyar genetica və genomika", "İmmunogenetika" şöbələrində və Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyes Universitetinin Genom və Kök Hüceyrə Mərkəzinin Biotexnologiya laboratoriyasında yerinə yetirilmişdir.

Elmi rəhbərlər:

AMEA- nın müxbir üzvü, professor
Zeynal İba oğlu Əkpərov
B.ü.f.d., dosent
Kahraman İdare oğlu Gürcan

Rəsmi opponətlər:

Biologiya elmləri doktoru, professor
Ramiz Tağı oğlu Əliyev

B.e.d., AMEA-nın müxbir üzvü
İlham Əyyub oğlu Şahmuradov

Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru
Natəvan Zöhrab qızı Baxşəliyeva

Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Ali Attestasiya Komissiyasının ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən FD 1.37 Dissertasiya şurası

Dissertasiya şurasının sədri:



Biologiya elmləri doktoru, dosent
Mehraq Əli oğlu Abbasov

Dissertasiya şurasının elmi katibi:



Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru
Səidə Qasım qızı Həsənova

Elmi seminarın sədri:



Biologiya elmləri doktoru, dosent
Hamlet Bəyqişi oğlu Sadıqov



GİRİŞ

Mövzunun aktuallığı və işlənmə dərəcəsi. Hazırda, əhalinin balanslaşmış qida məhsulları ilə təmin olunmasında karbohidrat, yağ və zülallarla zəngin olan ərzaq məhsulları ilə yanaşı, orqanizmin normal funksiyasına əhəmiyyətli təsir göstərən vitamin, mineral və əsas yağ turşularını özündə cəmləşdirən meyvələrin səmərəli istehlakına yönəlmiş tədqiqatlara daha çox diqqət yetirilir. Bu cəhətdən qida zəncirinin ikinci pilləsində duran meyvələrin istehlakı xüsusi önəm daşıyır¹. Gülçiçəklilər fəsiləsinə aid olan və bütün dünyada geniş yayılmış mühüm meyvə bitkilərindən biri də ərkdir (*Prunus sp.*)². Ərik özünün ləzzətli meyvəsi ilə insan qidasında mühüm yer tutur. Tərkibində şəkərlər (əsasən qlükoza, fruktoza və saxaroza), üzvi turşular (əsasən alma, limon və s.), fenollar, flavonoidlər, antosianinlər, karotenoidlər, lifli qidalar, minerallar və vitaminlər kimi bioaktiv və qidalandırıcı birləşmələr, sağlamlıq və xəstəlik riskinin azaldılması baxımından faydalı funksional qidalar hesab olunur³. Tədqiq olunan bütün ərək növləri səkkiz cüt xromosoma ($2n = 16$) malik olan sabit diploidlərdir⁴ və 240 Mb ölçülü çox kiçik genoma malikdirlər⁵. Onların hamısı hər iki istiqamətdə çarpazlaşa bilirlər ki, bu da onların təsnifatlarını qarışıq hala gətirir. Azərbaycanda bu bitki üç min ildən artıqdır ki, becərilir

¹ Yılmaz, I. The Biological and Pharmacological Importance of Apricot //SOJ Pharmacy & Pharmaceutical Sciences, – 2018. 5(1), – p.1-4.

² Moustafa, Kh., Cross, J. Production, pomological and nutraceutical properties of apricot //Journal of Food Science and Technology, – 2019. 56(1), – p.12-23.

³ Di Vaio, C. Bioactive compounds and fruit quality traits of Vesuvian apricot cultivars (*Prunus armeniaca* L.) and use of skin cover colour as a harvesting index / C. Di Vaio, C. Cirillo, A. Pannico //Australian Journal of Crop Science, – 2019. 13(12), – p.2022-2029.

⁴ Zhebentyayeva, T. Chapter 12 Apricot /T. Zhebentyayeva, C. Ledbetter, L. Burgos, [et al] //Handbook of Plant Breeding, Fruit Breeding, – vol. 8. – 2012. – 415-458 p.

⁵ Mori, G. D. Resistance to Sharka in Apricot: Comparison of Phase-Reconstructed Resistant and Susceptible Haplotypes of 'Lito' Chromosome 1 and Analysis of Candidate Genes /G. D. Mori, R. Falchi, R. Testolin [et al] //Frontiers in Plant Science, – 2019. 10, – p.1-15.

və onun bir sıra rayonlarda ildən-ilə becərilməsi genişləndirilir. Azərbaycanda ərik istehsalının 30%-i Naxçıvan iqtisadi zonasının payına düşür⁶. Çəyirdəkli meyvə bitkiləri içərisində ərik öz iqtisadi əhəmiyyətinə görə Azərbaycanda önəmli yer tutur və tarixən bu bitki lap qədim zamanlardan becərməklə, öz müxtəlifliyinə və keyfiyyətinə görə həmişə diqqət mərkəzində olmuşdur. Uzun illər ərzində Azərbaycanda əriyin xalq seleksiyası sortları yaradılmış, eləcə də onun seleksiyası üzrə tədqiqat işləri aparılaraq, elmi seleksiya sortları yaradılmışdır. Bunlara misal olaraq, Şalax, Badam ərik, Qırmızıyanaq, Əbu Talibi, Ağ Təbərzə (Balyarım), Haqverdi və s. ərik sortlarını göstərmək olar. Əriyin çox geniş xalq, elmi və introduksiya olunmuş sort və formalarının genetik müxtəlifliyinə baxmayaraq, onların məqsədyönlü toplanması və tam şəkildə kolleksiyasının yaradılması istiqamətində konkret tədqiqat işi aparılmamışdır. Ərik bitkisinin genofondunun yaradılması, genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi, xəstəlik və zərərvericilərə davamlılığının öyrənilməsi, öz-özünə uyğun(suz)luq fenotiplərinin səciyyələndirməsi nəticəsində *S* genotiplərinin müəyyən edilməsi və yeni sortlarının yaradılması üçün onun xalq və elmi seleksiya sortlarının toplanılması və hibridləşmə məqsədi ilə başlanğıc valideyn formaların seçilməsi mühüm əhəmiyyətə malikdir.

Şarka xəstəliyi çəyirdəkli meyvə bitkilərinin ən təhlükəli xəstəliklərindən biridir. Bu xəstəliyin törədicisi *Plum pox virus* (PPV) ərik ağaclarında yarpaq və meyvələrə sirayət edir. Xəstəliyin törədicisi olan *Plum pox virusu* (PPV) bir çox mənənə növü tərəfindən calaq yolu ilə (şitillik ticarəti) asanlıqla ötürülür və *Prunus* növləri arasında çox geniş yayılmışdır⁷. Azərbaycanda Şarka xəstəliyinin müşahidə olunmamasına rəğmən, qonşu ölkələrdə əriyin xalq və elmi seleksiya sortlarında ona tez-tez rast gəlinir. Qonşu ölkələrdə bu xəstəliyin olması onun hər zaman Azərbaycan ərazisinə keçmə ehtimalının yüksək olduğunu göstərir. Bu baxımdan Azərbaycanda becərilən ərik sort və formalarının xəstəliyə

⁶ Züleyxa. Ərik bitkisinin bioloji xüsusiyyətləri // Paralel.az. —2021.

⁷ [Elektron resource] URL: <https://www.cabi.org/isc/datasheet/42203>

davamlılığının tədqiqi və davamlı formaların seçilərək seleksiyada istifadəsi olduqca aktualdır.

İndiyədək Azərbaycanda ərik kolleksiyasının Şarka xəstəliyinə davamlılığının öyrənilməsi üzrə tədqiqatlar aparılmamışdır. Hazırkı tədqiqat işi Azərbaycanda yayılmış ərik genotiplərinin bu xəstəliyə davamlılığının molekulyar tədqiqinə həsr olunmuş ilk tədqiqat işidir.

Bu baxımdan, Azərbaycanda yaradılmış ərik kolleksiyasında Şarka xəstəliyinə davamlılıq genlərinin müşahidə edildiyi sort və formaların müəyyənləşdirilməsi və əriyin əlamət kolleksiyasının yaradılması olduqca əhəmiyyətlidir və bu istiqamətdə aparılan tədqiqatlar gələcəkdə Şarka xəstəliyinə davamlı sortların yaradılmasında istifadə oluna bilər.

Tədqiqatın obyektı və predmeti. Tədqiqat obyektı olaraq ərik bitkisinin yerli və introduksiya olunmuş sort və formaları götürülmüşdür. Tədqiqatın predmeti isə ərik kolleksiyasının genetik müxtəlifliyinin və şarka xəstəliyinə davamlılığının molekulyar genetik öyrənilməsidir.

Tədqiqatın məqsəd və vəzifələri. Tədqiqat işinin əsas məqsədi Azərbaycanda mövcud olan ərik sort və formalarının kolleksiyasının yaradılması, kolleksiyanın genetik müxtəlifliyinin molekulyar markerlərlə qiymətləndirilməsi, eləcə də ərik genotiplərinin Şarka xəstəliyinə davamlılığının öyrənilməsindən ibarətdir.

Bu məqsədlə qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

- yerli və introduksiya olunmuş ərik sort və formalarının yayıldığı və ya becərildiyi ərazilərin koordinatlarının (GPS) müəyyənləşdirilməsi və kolleksiyasının yaradılması;
- ərik sort və formalarının pomoloji, fenoloji və biomorfoloji əlamətlərinin qiymətləndirilməsi;
- ərik sort və formalarının genetik müxtəlifliyinin spesifik markerlərlə tədqiqi;
- ərik sort və formalarının molekulyar verilənlər əsasında özək kolleksiyalarının yaradılması;
- ərik kolleksiyasında Şarka xəstəliyinə davamlılığın gen-spesifik markerlərlə tədqiqi;
- ərik genotiplərinin öz-özünə uyğun(suz)luq fenotipinə görə səciyyələndirilməsi nəticəsində S genotiplərinin müəyyən edilməsi.

Tədqiqat metodları. Tədqiqat işində həm klassik (morfoloji əlamətlərin qiymətləndirilməsi, pomoloji analiz və s.) və həm də müasir metodlardan (DNT-nin ekstraksiyası, PZR reaksiyasının qoyulması, SSR və gen spesifik markerlərlə skrining və s.) istifadə edilmişdir.

Müdafiəyə çıxarılan əsas müddəalar:

- ayrı-ayrı morfoloji kəmiyyət əlamətlərinə görə, müxtəlif ekoloji şəraitlərdə becərilən 61 ərik genotipi arasında statistik əhəmiyyətli yüksək genetik müxtəliflik mövcuddur;
- 10 biomorfoloji, fenoloji və pomoloji parametrlərin əsasında klaster analizinin nəticələrinə görə, ən yaxın genotiplər Ağca Nabad 2 (Naxçıvan) və Göycə Nabad (Naxçıvan), ən uzaq genotiplər isə Ağdaş mənşəli Ağ ərik Elçin və Tərtər mənşəli Ordubad əriyidir;
- 17 SSR və 1 SSLP markeri üzrə, 61 yerli ərik nümunələri arasında Naxçıvandan və Ağdaşdan olan genotiplər ən yüksək ($PIC=0.65$), Tərtərdən olan nümunələr isə ən aşağı ($PIC=0.45$) genetik müxtəlifliyə malikdir;
- molekulyar verilənlərin klaster analizinin nəticələrinə görə 4 klasterdə qruplaşan 61 yerli ərik nümunəsinin **STRUCTURE** analizinin nəticələrinə əsasən 4 subpopulyasiyası mövcuddur;
- Şarka xəstəliyinə davamlılığını təmin edən *PPVres* lokusu ilə ilişikli 3 SSR və 1 SSLP markerləri üzrə, 61 ərik nümunəsinin 28-i nümunə-spesifik çoxsaylı davamlılıq allellərinə malikdir;
- öz-özünə uyğunsuzluq fenotipinə görə, 61 ərik nümunəsinin ən azı, 9 müxtəlif *S* genotipi (S_2 , S_3 , S_6 , S_7 , S_8 , S_{11} , S_{12} , S_{13} və S_c) mövcuddur: 27 nümunədə rast gəlinən S_{13} genotipi ən yüksək, 2-3 nümunədə rast gəlinən S_{12} , S_3 , S_8 və S_c genotipləri isə ən aşağı rastgəlmə tezliyinə malikdir.

Tədqiqatın elmi yeniliyi. İlk dəfə olaraq, Azərbaycanda ərik bitkisinin genetik ehtiyatlarının toplanması, ərik kolleksiyasının yaradılması və onların genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi həyata keçirilmiş və ərik kolleksiyasının Şarka xəstəliyinə davamlılığı qiymətləndirilmişdir.

İlk dəfə olaraq, Azərbaycanda becərilən ərik sortları SSR və SSLP markerlərlə tədqiq olunmuş və yerli genofondada çox yüksək genetik variasiya aşkar edilmişdir. Kolleksiyanın hər bir nümunəsi 17

SSR və 1 SSLP lokusa görə səciyyələndirilmiş və onların molekulyar-genetik profili tərtib olunmaqla, sinonim və omonimləri müəyyən edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, kolleksiyadakı 61 yerli və introduksiya olunmuş ərik nümunəsinin *Plum Pox Virus* davamlılıq (*PPVres*) lokusu ilə ilişkili 3 SSR və 1 SSLP markerinə görə tədqiqi nəticəsində Şarka xəstəliyinə davamlılıq allellərinə malik nümunələr aşkar edilmişdir. Bundan əlavə, ilk dəfə olaraq, yerli ərik genofondunda *S-RNaza* intron regionunun və SFB geninin PZR amplifikasiyası əsasında nümunələrin öz-özünə uyğun(suz)luq fenotipi səciyyələndirilmişdir. Azərbaycanda yayılmış ərik nümunələrinin *S* genotipi müəyyən edilmiş, kolleksiyada öz-özünə uyğunluğa cavabdeh *Sc* allelinin, Mayovka 1 və Forma 2 genotipləri istisna olmaqla, digər genotiplərdə mövcud olmadığı və tədqiq edilən nümunələrin əksəriyyətinin öz-özünə cinsi uyğunsuzluq sərgilədikləri aşkar edilmişdir.

Tədqiqatın nəzəri və praktiki əhəmiyyəti. Tədqiqat əsnasında genetik cəhətdən seçilmiş fərqli genotiplərdən yeni sortların alınmasında başlanğıc material kimi istifadə oluna bilər. Ərik kolleksiyasının beynəlxalq deskriptorun tələblərinə uyğun olaraq pasportlaşdırılması və molekulyar markerlərlə genotipləşdirilməsi özək kolleksiyasının yaradılması baxımından olduqca böyük praktiki əhəmiyyət kəsb edir. Bundan əlavə, bizim aşkar etdiyimiz Şarka xəstəliyinə davamlı nümunələr həm Azərbaycan və həm də bütün dünyada bu xəstəliyə davamlı sortların yaradılması üçün əvəzolunmaz genetik mənbədir. Bundan əlavə, bizim tərəfimizdən müəyyən edilmiş yeni davamlılıq mənbələri quru ərik seleksiya proqramları üçün də faydalı olacaqdır.

İşin aprobasiyası. Dissertasiyanın əsas nəticələri aşağıdakı elmi seminar və konfranslarda müzakirə olunmuşdur:

- Azərbaycan Respublikası Təhsil Nazirliyinin Bakı Dövlət Universitetində Gənc alim və tədqiqatçıların Azərbaycan xalqının böyük oğlu, Ulu Öndər Heydər Əliyevin anadan olmasının 94-cü ildönümünə həsr olunmuş "Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri" mövzusunda VII Beynəlxalq elmi konfransında (2017).

- Gənc alim və tələbələrin Akademik C.A. Əliyevin anadan olmasının 90-cı ildönümünə həsr olunmuş “Qlobal dəyişənlərin həllinə yönəlmiş Biologiya və Kənd Təsərrüfatındakı innovasiyalar” mövzusunda konfransında (2018).

-Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Mikrobiologiya İnstitutunda keçirilən və Gənclər Gününə həsr olunmuş “Müasir biologiyanın aktual problemləri” mövzusunda elmi-praktiki konfransda (2019).

- Tələbə, aspirant və gənc alimlərin “Lomonosov-2019” adlı XXVI Beynəlxalq elmi konfransında (2019).

- Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının tətbiqi elmlərə həsr olunmuş II Qarabağ beynəlxalq elmi konqresində (2021).

-Türkiyənin Bayburt universitetində keçirilən və təkmilləşdirilmiş mühəndislik texnologiyalarına həsr olunmuş 4-cü Beynəlxalq konfransda məruzə edilərək müzakirə olunmuşdur (2022).

Nəşrlər. Dissertasiyanın materialları əsasında yerli və xarici nəşrlərdə 7 məqalə, 6 tezis olmaqla 13 elmi əsər dərc edilmişdir.

Dissertasiya işinin yerinə yetirildiyi təşkilat. Dissertasiya işi Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun “İmmunogenetika”, “Meyvə bitkiləri”, “Molekulyar genetikə və genomika” şöbələrində və Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyes Universitetinin Genom və Kök Hüceyrə Mərkəzinin Biotexnologiya laboratoriyasında yerinə yetirilmişdir.

Dissertasiyanın struktur bölmələrinin ayrılıqda həcmi qeyd olunmaqla dissertasiyanın işarə ilə ümumi həcmi. Dissertasiya Azərbaycan dilində yazılaraq 158 səhifədən, giriş, 5 fəsil, yekun, nəticələr və tövsiyə, ixtisarlər, ədəbiyyat siyahısı və əlavələrdən ibarətdir. Tədqiqat işində 154 ədəbiyyat məlumatlarına istinad edilmişdir ki, onun da 147-si xarici nəşrdir. Dissertasiyanın işarə ilə ümumi həcmi 200369 işarə (giriş-10192, I fəsil-91104, II fəsil-11638, III fəsil-30356, IV fəsil -29923, V fəsil-17372, yekun-7399, nəticələr-1909, tövsiyə-476) təşkil edir. Dissertasiya işi 25 şəkil və 28 cədvəl özündə əks etdirir.

İŞİN ƏSAS MƏZMUNU

I FƏSİL. ƏDƏBİYYAT İCMALI

Girişdə tədqiqat işinin aktuallığı müasir ədəbiyyat məlumatlarının təhlili əsasında verilmiş, tədqiqat mövzusunun işlənmə dərəcəsi qeyd edilmiş, işin məqsədi və qarşıya qoyulmuş vəzifələr, tədqiqatın elmi yeniliyi, nəzəri və praktik əhəmiyyəti göstərilmiş və əsaslandırılmışdır. Tədqiqat obyekti olan ərik bitkisinin mənşə mərkəzləri, təkamülü, sistematikası, yayılması, təsnifatı, bioloji xüsusiyyətləri, genomunun oxunması, biomüxtəlifliyi, genetik müxtəlifliyinin molekulyar markerlərlə qiymətləndirilməsi, xəstəlikləri, şarka xəstəliyinin genetikası, şarka xəstəliyinə davamlılığının genetik əsaslarına dair mənbələrə istinad edilməklə ədəbiyyat mənbələrinin geniş xülasəsi verilmişdir.

II FƏSİL. TƏDQIQATIN MATERIAL VƏ METODLARI

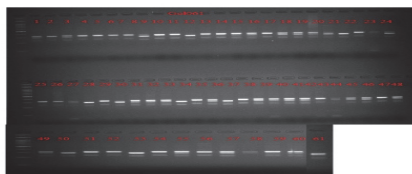
Tədqiqat obyekti kimi Azərbaycanın müxtəlif bölgələrində becərilən, ərik (*Prunus armeniaca* L.) növünə aid 61 nümunədən istifadə olunmuşdur. Tədqiq olunan nümunələrin 44-ü Naxçıvan Muxtar Respublikasının Babək, Şərur, Ordubad rayonlarından, 6-sı Tərtər, 3-ü Goranboy və 8-i Ağdaş bölgələrindən əldə edilmişdir.

Ərik nümunələrinin morfoloji, pomoloji və fenoloji əlamətləri beynəlxalq (IPGRI və CEC, 1984) deskriptorlar əsasında tədqiq edilmiş⁸, korrelyasiya, “principle component” (əsas komponent) və klaster kimi çoxölçülü statistik proqramlar əsasında analiz olunmuşdur.

Ərik nümunələrinin genetik müxtəlifliyini nüvə genomu səviyyəsində SSR praymerləri vasitəsilə tədqiq etmək üçün DNT-nin

⁸ Caliskan, O., Bayazit, S., Sumbul, A. Fruit Quality and Phytochemical Attributes of Some Apricot (*Prunus armeniaca* L.) Cultivars as Affected by Genotypes and Seasons //Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, – 2012a. 40(2), – p.284-294.

ekstraksiyası Doyle J.J və Doyle J.L-nin (1990) təklif etdiyi STAB (setiltrimetilammonium bromid) protokolu əsasında yerinə yetirilmiş, DNT-nin təmizlik dərəcəsi Nanodrop cihazı vasitəsilə yoxlanılmış, müvafiq qatılıqda durulaşdırılmış və seçilmiş praymerlər vasitəsilə PZR həyata keçirilmiş, PZR məhsulları ABI 3500 (tətbiq olunan biosistemlər, Foster City, Kaliforniya, ABŞ) üzərindəki kapillyar elektroforez, DNT fraqmentləri 3%-li aqaroz gelində elektroforez edilmişdir⁹ (Şəkil 1). Molekulyar-genetik analizlər AR Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Molekulyar genetica və genomika şöbəsində, Meyvə bitkiləri şöbəsində və Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyes Universitetinin Genom və Kök hüceyrə mərkəzində yerinə yetirilmişdir.



Şəkil 1. Gol061 praymer cütü ilə əldə olunmuş PZR məhsullarının 3%-li aqaroza gelindəki elektroforeqramı

Statistik analizlər. Dissertasiya işində SPSS, XLSTAT, PowerMarker V3.25, DarWin 6 və Structure 2.3.4 kompüter proqramlarından istifadə olunmuşdur.

III FƏSİL. ƏRİK NÜMUNƏLƏRİNİN TOPLANILMASI VƏ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

3.1. Ərik genotiplərinin toplanması

Tədqiqat işində Azərbaycanın müxtəlif rayonlarına (Tərtər, Ağdaş, Goranboy) və Naxçıvan Muxtar Respublikasına

⁹ Doyle, J.J., Doyle, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue //Focus, – 1990. 12(1), – p.13–15.

ekspedisiyalar təşkil olunmuşdur. NMR-dan 44, Tərtər rayonundan 6, Ağdaş rayonundan 8, Goranboy rayonundan 3 ərik sort və formasının becərildiyi yer və koordinatlar müəyyənləşdirilmişdir. Bütün sort və formalardan qələm materialı götürülərək Genetik Ehtiyatlar İnstitutuna gətirilmiş və calaqaqlılara calaq vurularaq, ilk dəfə olaraq bütün sortlardan ibarət ərik genofondu yaradılmışdır.

3.2. Ərik bitkisinin sort və formalarının pomoloji, fenoloji və biomorfoloji qiymətləndirilməsi

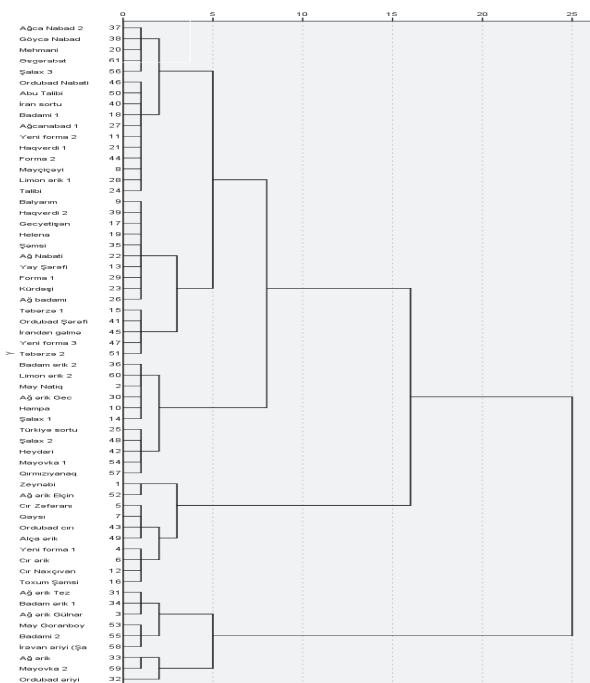
Tədqiqat Azərbaycanın Naxçıvan Muxtar Respublikası, Tərtər, Ağdaş və Goranboy rayonlarından toplanmış ərik nümunələri üzərində aparılmışdır. Bu regionlarda ekoloji amillər əriyin normal inkişafına əlverişli şərait yaradır. Naxçıvan Muxtar Respublikasından 44, Tərtər rayonundan 6, Goranboy rayonundan 3, Ağdaş rayonundan 8 ərik sort və forması toplanaraq, Genetik Ehtiyatlar İnstitutuna gətirilmiş və onların pomoloji, morfoloji və fenoloji xarakteristikaları 10 parametmə görə qiymətləndirilmişdir. Tədqiq olunan kolleksiya nümunələri arasında məhsuldarlıq, şəkərlilik və meyvə kütləsi arasında geniş fərq aşkar edilmişdir. Belə ki, Naxçıvan Muxtar Respublikasında yayılmış ərik sort və formalarının əksəriyyətinin meyvələri kiçik olmuş, onlardan yalnız Hampa və Limon ərik 2 sortlarında meyvənin kütləsi 50 qramdan çox olmuşdur. Ümumiyyətlə, meyvələr sarı rəngli qabığının əsas rəngi və lət rəngi və yüksək şəkərlilik (TSS) ilə xarakterizə olunmuşdur. Beş nümunə narıncı, ikisi ağ, üçü isə yaşıl-sarımtıl rəngli meyvə qabığının əsas rənginə (MQƏR) sahib olmuşdur.

Tərtər, Goranboy və Ağdaşda becərilən sort və formaların meyvələrinin kütləsi 11.1-100.2 qr arasında dəyişmişdir. MQƏR Ağ ərik Elçin, Badami 2, Ordubad əriyi, Mayovka 2 olmaqla 4 sort üçün narıncı rəngdə olmuşdur. Ağ ərik Gecyetišənin qabığının əsas rəngi ağ, meyvə lətinin rəngi isə krem rəngində olmuşdur. Nəhayət, Qırmızıyanağın qabığının əsas rəngi yaşıl-sarımtıl bir rəngə malik olmuşdur.

3.3. Ərik nümunələrinin biomorfoloji, fenoloji və pomoloji əlamətləri arasındakı korrelyativ əlaqələrin təyini və biomüxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi

Nümunələrin biomorfoloji, pomoloji və fenoloji əlamətləri arasında mövcud olan xətti asılılıqları aşkar etmək məqsədilə, korrelyasiya analizi aparılmışdır. Naxçıvan nümunələri arasında bir neçə morfoloji, pomoloji və fenoloji əlamət arasında yüksək korrelyasiya müəyyən edilmişdir (Cədvəl 3.3). Gözlənilməli kimi, Pirson korrelyasiya indeksi ilə ən yüksək korrelyasiya tumurcuqlanma müddəti və çiçəklənmə müddəti, meyvə kütləsi və meyvə uzunluğu, çiçəklənmə müddəti və məhsul yığımı müddəti arasında qeydə alınmışdır. Beləliklə, maksimum MU və ME-nə malik daha böyük ölçülü meyvələr daha yüksək kütləyə sahib olmuşlar. Meyvə kütləsinin meyvə uzunluğu və eni ilə Pirson korrelyasiya indeksləri, müvafiq olaraq, $r=0.894$ və $r=0.868$ kimi təyin edilmişdir. ƏK analizinin nəticələrindən müşahidə olunduğu kimi, ilk üç komponent ümumi variasiyanın 76.69%-ini təşkil etmişdir. Tərtər, Goranboy və Ağdaş rayonlarında yetişdirilən ərik nümunələrində tumurcuqlanma müddəti ilə çiçəklənmə müddəti, tumurcuqlanma müddəti ilə məhsul yığımı müddəti, tumurcuqlanma müddəti ilə yarpaqların tökülmə müddəti, çiçəklənmə müddəti ilə məhsul yığımı müddəti, çiçəklənmə müddəti ilə yarpaqların tökülmə müddəti, məhsul yığımı müddəti ilə yarpaqların tökülmə müddəti arasında ən yüksək Pirson korrelyasiya indeksi qeydə alınmışdır ($r = 1.00$; $p < 0.05$). ƏK analizinin nəticələrindən müşahidə olunduğu kimi, ilk üç komponent ümumi variasiyanın 87.02%-ini təşkil etmişdir.

Klaster analizi nəticəsində Ward metodundan istifadə etməklə, evklid məsafəsində ərik genotipləri 10 biomorfoloji, fenoloji, pomoloji parametrlərinə əsasən 3 əsas qrupda qruplaşdırılmışlar. Klaster analizinin nəticəsini əks etdirən dendrogram Şəkil 2-də təsvir olunmuşdur.



Şəkil 2. Ərik genotiplərinin morfoloji və pomoloji kəmiyyət göstəricilərinə görə qruplaşması

Birinci qrupda yerləşən 42 genotip (Ağca Nabad 2, Göycə Nabad, Mehmani, Əsgərabat, Şalax 3, Ordubad Nabatı, Abu Talibi, İran sortu, Badami 1, Ağcanabad 1, Yeni forma 2, Haqverdi 1, Forma 2, Mayçıçəyi, Limon ərik 1, Talibi, Balyarım, Haqverdi 2, Gecyetişən, Helena, Şəmsi, Ağ Nabatı, Yay Şərəfi, Forma 1, Kürdəşi, Ağ badamı, Təbərzə 1, Ordubad Şərəfi, İrandan gəlmə, Yeni Forma 3, Təbərzə 2, Badam ərik 2, Limon ərik 2, May Natiq, Ağ ərik Gecyetişən, Hampa, Şalax 1, Türkiyə sortu, Şalax 2, Heydari, Mayovka 1, Qırmızıyanaq) bütün genotiplərin 68.9%-ini təşkil etmişdir. Bu qrup 2 subklasterə ayrılmışdır. Birinci subklasterdə 31 genotip, ikinci subklasterdə 11 genotip yer almışdır. Bu qrupa daxil olan genotiplərin, digər qruplarla müqayisədə, şəəkərliliyi yüksək olmuşdur.

İkinci qrupda 10 genotip lokallaşmışdır. Bu klasterə daxil olan genotiplər bütün genotiplərin 16.4%-ini təşkil etmişdir. Bu klasterdə qruplaşan Zeynəbi, Ağ ərək Elçin, Cır Zəfəranı, Qaysı, Ordubad cırı, Alça ərək, Yeni forma 1, Cır ərək, Cır Naxçıvan, Toxum Şəmsi kimi ərək sortları meyvə uzunluğunun yüksək qiymətləri ilə digər nümunələrdən seçilmişlər.

Üçüncü qrupda isə Badam ərək 1, Ağ ərək Tezyetişən, Ağ ərək Gülnar, May Goranboy, Badami 2, İrəvan əriyi (Şalax), Ağ ərək, Mayovka 2, Ordubad əriyi genotipləri cəmlənmişlər. Bu genotiplərdə meyvənin kütləsi, meyvənin uzunluğu və meyvənin eni parametrlərinin qiymətləri yüksək olmuşdur. Klaster analizi yuxarıda sadalanan genotipləri üçüncü qrupda birləşdirməklə, onları digər genotiplərdən ayırmağa imkan vermişdir.

IV FƏSİL. 17 SSR VƏ 1 SSLP MARKERLƏRİ VASİTƏSİLƏ MÜXTƏLİF MƏNŞƏLİ ƏRİK NÜMUNƏLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

4.1. Ərik kolleksiyasında genetik müxtəlifliyin 17 SSR və 1 SSLP lokusları əsasında qiymətləndirilməsi

Ərik kolleksiyasının 6 müxtəlif ilişikli qrupda yerləşən 17 SSR və 1 SSLP lokusu üzrə qiymətləndirilməsi aparılmış, ümumilikdə 140 bənd sintez olunmuş, hər bir praymerlə sintez olunmuş allellərin sayı 2 - 14 arasında dəyişərək orta hesabla 7.8 allel təşkil etmişdir. Analizlər nəticəsində ümumi genotip sayına nisbətdə hər bir lokus üçün təyin olunmuş allel sayının yüksək olması müəyyən edilmişdir. Ən informativ mikrosatellit lokus isə qeyd olunduğu kimi (GA)²⁴ lokusunda olmuşdur və bu say üzrə 61 genotip üçün 14 allel amplifikasiya olunmuşdur (Cədvəl 1).

61 ərik genotipində tədqiq olunmuş 17 mikrosatellit və 1 SSLP lokuslarına görə sintez olunmuş allellər

Praymerin adı	Sintez olunmuş allel sayı	Praymerin adı	Sintez olunmuş allel sayı
Gol061	4	ssrPaCITA17	14
PGS1.03	7	aprigms18	9
PGS1.20	10	ssrPaCITA16	6
PGS1.21	10	ssrPaCITA19	8
PGS1.23	10	ssrPaCITA4	7
PGS1.24	5	UDAp-404	12
PGS1.252	6	ssrPaCITA21	6
96P10 SP6	9	pchgms2	11
ssrPaCITA5	4	ZP002	2
<i>Orta qiymət</i>	7.8		

4.2. Ərik nümunələrinin genetik məsafə indekslərinin təyini, onların genetik qohumluq dərəcələrinə görə qruplaşdırılması və SSR profilləri əsasında pasportlaşdırılması

Tədqiq olunan kolleksiyada 140 allelin paylanma tezliyi verilmişdir. Nümunələr arasında allel tezlikləri 0.008-0.92 arasında dəyişmişdir. Allellərin rastgəlmə tezliyi 140 allel variantından 29-unda (20.7%) 1%-dən aşağı, 36-sında (25.7%) 20%-dən yuxarı olduğundan, müvafiq olaraq nadir (I) və yüksək tezlikli (III) allellər, 75-ində (53.6%) 1-20% arasında dəyişdiyindən, ümumi allellər (II) qrupuna daxil edilmişlər. Yüksək tezlikli və ümumi allellər demək olar ki, bütün lokuslarda aşkar edilmiş və bu allellərin sayı III qrupda 1 (ssrPaCITA16, ssrPaCITA4, ZP002) ilə 3 (Gol061, PGS1.03, ssrPaCITA19), II qrupda isə 1 (Gol061, ssrPaCITA19, ZP002) ilə 8 (PGS1.23) arasında variasiyalaşmışdır. I qrupda 10 lokus (PGS1.03, PGS1.20, PGS1.21, 96P10_SP6, ssrPaCITA17, aprigms18, ssrPaCITA19, ssrPaCITA4, UDAp-404, pchgms2) üzrə müvafiq olaraq, 1, 2, 1, 2, 6, 1, 4, 1, 5 və 6 nadir allel qeydə alınmış və allel

sayı 1 ilə 6 arasında dəyişmişdir. Qeyd edək ki, UDAp-404 praymeri ilə Ağdaş mənşəli Zeynəbi genotipində (GA)₂₁ lokusu üçün unikal allel müşahidə edilmişdir. Nadir allellər bir meyar kimi genotiplərin tanınması və pasportlaşdırılmasında, həmçinin, seleksiya işlərində seleksiyaçıların müəlliflik hüquqlarının qorunub saxlanılmasında istifadə oluna bilər.

Tədqiq etdiyimiz genotiplər arasındakı genetik müxtəliflik iki istiqamətdə –hər bir mikrosatellit lokus və coğrafi mənşə üzrə tədqiq və təhlil olunmuşdur.

Markerlərdən istifadə etməklə genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi üçün ilkin meyar tədqiq olunan lokusların sayını və onların bütün genomunu yetərinə əks etdirmək qabiliyyətidir. Bizim tədqiqatda istifadə olunan markerlər 6 müxtəlif ilişikli qrupa daxil olmaqla, ərik genomunun fərqli lokuslarını bu və ya digər dərəcədə əhatə etmişlər.

Cədvəl 2-də nümunələr arasındakı genetik müxtəlifliyi kəmiyyətə qiymətləndirməyə imkan verən allellərin sayı (N_a), müşahidə edilən heterozioqotluq (H_o), gözlənilən heterozioqotluq (H_e) və həmçinin, polimorf informasiyanın tutumu (PIC) parametrlərinin müxtəlif lokuslar üzrə aldıkları qiymətlər verilmişdir. 18 lokus arasında ZP002 praymeri ilə, 2 allel olmaqla, ən zəif, ssrPaCITA17 praymeri ilə isə, 14 allel olmaqla, ən yüksək variabillik müşahidə edilmişdir. Hər bir lokusa düşən allel sayının variabilliyi (2-14) müxtəlif tezlikli lokus-spesifik mutasiyaların olması ilə əlaqədar ola bilər ki, bu da öz növbəsində, SSR lokusların allel və ya genetik müxtəlifliyinə təsir edir. Bütün lokuslar üzrə allellərin orta qiyməti 7.8-ə bərabər olmuşdur (Cədvəl 2). Tədqiqatımızda lokus-spesifik genetik müxtəliflik əmsalları 0.15-0.82 arasında dəyişmişdir.

PGS1.20, PGS1.21, PGS1.23, pchgms2, UDAp-404, ssrPaCITA17 lokusları yüksək allel müxtəlifliyi nümayiş etdirmiş və sadalanan markerlərin tədqiq olunan sort nümunələri üçün daha informativ ($GM > 0.6$) olmaları müəyyən edilmişdir. Ən yüksək göstərici (TC)₁₁N₃₂(CT)₁₁A(TC)₆, (GA)₂₄, (GA)₁₇ lokuslarında, müvafiq olaraq, 96P10_SP6, ssrPaCITA17, ssrPaCITA4 praymerləri üçün ($GM=0.82$), ən aşağı göstərici isə ZP002 üçün ($GM=0.15$) qeydə alınmışdır.

Cədvəl 2.

61 tədqiq olunan ərik sortunda 17 SSR və 1 SSLP markerlərinin variabellik parametrləri

Marker	Sortların sayı	Na	He	Ho	PIC
Gol061	61	4	0.69	0.74	0.63
PGS1.03	52	7	0.77	0.98	0.73
PGS1.20	59	10	0.80	0.85	0.77
PGS1.21	61	10	0.77	0.95	0.74
PGS1.23	61	10	0.76	0.95	0.73
PGS1.24	49	5	0.68	0.61	0.64
PGS1.252	60	6	0.59	0.90	0.50
96P10_SP6	53	9	0.82	0.96	0.79
ssrPaCITA5	59	4	0.52	0.54	0.42
ssrPaCITA17	61	14	0.82	0.87	0.79
aprigms18	61	9	0.78	0.98	0.75
ssrPaCITA16	52	6	0.69	0.87	0.66
ssrPaCITA19	60	8	0.75	0.98	0.71
ssrPaCITA4	52	7	0.82	0.94	0.80
UDAp-404	52	12	0.76	0.60	0.73
ssrPaCITA21	55	6	0.61	0.35	0.54
pchgms2	58	11	0.66	1.00	0.61
ZP002	56	2	0.15	0.16	0.14
Mean	56.8	7.8	0.69	0.79	0.65

Allellərin sayı (Na), gözlənilən heterozigotluq (He), müşahidə olunan heterozigotluq (Ho), polimorf informasiya tutumu (PIC).

Lokuslar arasında gözlənilən heterozigotluq (He) ZP002-də 0.15 ilə 96P10_SP6, ssrPaCITA17 və ssrPaCITA4-də 0.82 arasında variasiyalaşaraq, orta hesabla 0.69 vahid təşkil etmişdir. Müqayisə üçün qeyd edək ki, bəzi müəlliflər ərik sortları üçün orta gözlənilən heterozigotluğun 0.645, 0.741, 0.626 və 0.752-yə bərabər olması

haqda məlumat vermişlər (^{10, 11, 12, 13}). Müşahidə olunan heterozioqluq (Ho) isə bizim təcrübə zamanı ZP002-də 0.16-dan tutmuş pghms2-də 1.00-ədək dəyişərək, orta hesabla 0.79 vahid təşkil etmişdir. Zhebentyayeva və əməkdaşlarının verdikləri məlumata görə, müxtəlif ekocoğrafi qruplara mənsub 74 ərik sortunda müşahidə olunan heterozioqluq 0.18 və 0.84 arasında variasiyaləşərək, orta hesabla 0.52 vahidə bərabər olmuşdur¹⁰. PIC-in orta dəyəri, ZP002 lokusunda minimum 0.14 və ssrPaCITA4 lokusunda maksimum 0.80 olmaqla, 0.65-ə bərabər olmuşdur. Bu qiymət Bourguiba və əməkdaşlarının ərikdə müəyyən etdikləri PIC dəyərində (0.586) yaxın olmuşdur¹⁴.

Məsələn, ssrPaCITA17 markeri 61 genotip üzrə yüksək allel sayı (14 allel) və buna müvafiq olaraq, yüksək GM əmsalı ilə (0.82) xarakterizə olunduğu halda, ZP002 markeri ilə cəmi 2 allel sintez olunmuş və GM əmsalı da buna müvafiq olaraq çox aşağı olub, 0.15 vahid təşkil etmişdir.

Maksimum genetik müxtəliflik Naxçıvan (GM=0.70), Ağdaş (GM=0.69) və Goranboy mənşəli genotiplərdə (GM=0.54), minimum müxtəliflik isə Tərtər mənşəli genotiplərdə (GM=0.53) qeydə alınmışdır (Cədvəl 3).

¹⁰ Zhebentyayeva, T. Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm /T. Zhebentyayeva, G. Reighard, V. Gorina [et al] //Theoretical and Applied Genetics, – 2003. 106(3), – p.435–444.

¹¹ Maghuly, F. Microsatellite variability in apricots (*Prunus armeniaca* L.) reflects their geographic origin and breeding history /F. Maghuly, E. B. Fernandez, S. Ruthner [et al] //Tree Genetics & Genomes, – 2005. 1(4), – p.151–165.

¹² Bourguiba, H. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin Bourguiba et al. /H. Bourguiba, J. M. Audergon, L. Krichen, [et al] //BMC Plant Biology, – 2012a. 12(49), – p.1-16.

¹³ Pedryc A. Genetic diversity of apricot revealed by a set of SSR markers from linkage group G1 /A. Pedryc S. Ruthner R. Hermán [et al] //Scientia Horticulturae, – 2009. 121(1), – p.19–26.

¹⁴ Bourguiba, H. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin Bourguiba et al. /H. Bourguiba, J. M. Audergon, L. Krichen, [et al] //BMC Plant Biology, –2012a. 12(49), –p.1-16.

Naxçıvan və Ağdaş mənşəli genotiplər GM əmsallarının daha yaxın qiymətləri ilə xarakterizə olunsalar da, GM-in nisbətən yüksək variasiya həddi nəzərə alınarsa, tədqiq olunan Naxçıvan mənşəli nümunələri genetik baxımdan daha müxtəlif və zəngin hesab etmək olar.

Cədvəl 3.

Hər bir coğrafi region üzrə müşahidə olunan genetik müxtəliflik

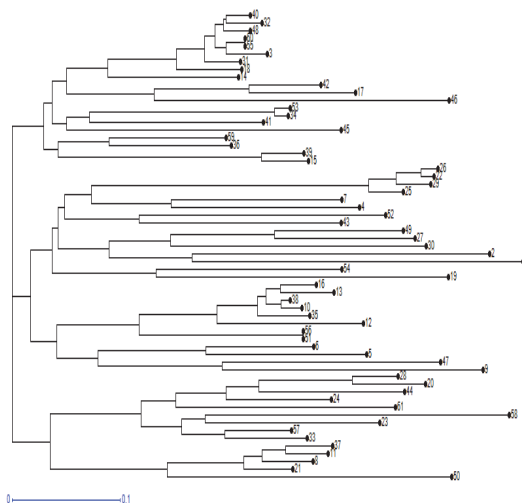
Nümunələrin toplandığı regionlar	Genetik müxtəliflik	
	Variasiya həddi	Orta qiymət
<i>Naxçıvan</i>	0.16-0.82	0.70
<i>Tərtər</i>	0.32-0.72	0.53
<i>Goranboy</i>	0.44-0.72	0.54
<i>Ağdaş</i>	0.22-0.82	0.69

Marker polimorfizmində region-spesifik fərqliliklər də qeydə alınmışdır. Məsələn, PGS1.21 lokusu Naxçıvan mənşəli genotiplərdə daha polimorf olduğu halda ($GM=0.80$), Tərtər genotipləri arasında bu markerlə təyin olunmuş GM əmsalı cəmi 0.50 vahid təşkil edir. Digər bir lokus – $(CT)_{24}$ Ağdaş nümunələri arasında yüksək polimorfluğu ilə ($GM=0.78$) fərqlənmiş, Naxçıvan və Goranboy mənşəli genotiplərdə bu göstərici nisbətən azalmış (müvafiq olaraq, $GM=0.64$ və $GM=0.72$), Tərtər genotiplərində isə ən minimum göstərici ($GM=0.58$) qeydə alınmışdır.

Qeyd olunduğu kimi, Naxçıvan Muxtar Respublikasında ərək bitkisinin çox zəngin müxtəlifliyinin olması bizim tədqiqatlar zamanı Naxçıvan mənşəli ərək genotipləri arasında əhəmiyyətli genetik müxtəlifliyin ($GM=0.70$) aşkar edilməsi ilə əlaqədar bir daha öz təsdiqini tapmışdır. Müşahidə olunan genetik müxtəliflik mutasiya, miqrasiya, seleksiya və gen axınının birgə təsirinin nəticəsidir. Becərilən bitkilərdə insanlar tərəfindən aparılan süni seçmə populyasiya strukturunun dəyişilməsində böyük rol oynayır. Bununla

belə, bir çox təbii şəraitlərdə rast gəlinən ənənəvi sortlardan ibarət populyasiyalarda heterogen ətraf mühitin biotik və abiotik amillərinin təsiri altında baş verən təbii seçmə populyasiya fərqliliyinin əmələ gəlməsinin əsas səbəblərindəndir. Naxçıvan Muxtar Respublikasında tədqiq olunan ərik sortlarının müəyyən edilən genetik müxtəlifliyi və çoxçeşidliliyi, eyni zamanda, bu regionun geniş və zəngin ekocoğrafi müxtəlifliyi ilə də əlaqədar ola bilər.

Genotiplər arasındakı genetik məsafə indeksini əsas götürməklə, Darwin6 klaster analizi ilə tədqiq etdiyimiz ərik nümunələrinin genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram tərtib edilmişdir. Tərtib edilmiş dendroqram 61 ərik genotipini 4 əsas klasterdə quruplaşdırmışdır (Şəkil 3).

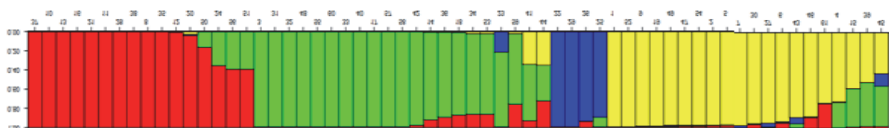


Şəkil 3. Müxtəlif mənşəli 61 ərik nümunəsinin 17 SSR və 1 SLP lokusuna görə genetik yaxınlığını əks etdirən dendroqram

Nümunələrin populyasiya strukturu STRUKTURA 2.3.4 kompüter proqramından istifadə etməklə qiymətləndirilmişdir. Populyasiya strukturu genetik yarımpopulyasiyaların ən çox ehtimal olunan sayını əldə etmək üçün istifadə edilmiş və onların K dəyərləri

hesablanmışdır¹⁵. Hər bir K -ya uyğun olan ΔK dəyəri hesablanmış və müvafiq scatter qrafiki yaradılmışdır (Şəkil 4). STRUKTURE təhlilinin ΔK dəyərinə görə, 61 yerli ərik nümunəsi 4 müxtəlif subpopulyasiyaya bölünmüşdür. Ümumilikdə, STRUKTURE nəticələri NJ dendroqramında göstərilən qruplaşmaları təsdiqləşə də, onlar arasında bəzi fərqlər müşahidə edilmişdir. Davamlı sortların seleksiya tarixinə nəzər salsaq, STRUKTURE təhlilinin, NJ klaster analizi ilə müqayisədə, daha yaxşı nəticələr verdiyini söyləmək olar.

İndiyədək əriklərin populyasiya strukturunun anlamaq məqsədi daşıyan bir çox tədqiqat işlərində STRUKTURE təhlilindən geniş şəkildə istifadə olunmuşdur. Bourguiba və əməkdaşları (2012)¹⁶ Aralıq dənizi ölkələrinin ərik nümunələrinin üç əsas populyasiya (İran-Qafqaz, Şimali Aralıq dənizi və Cənubi Aralıq dənizi) təşkil etdiyini müəyyən etmişlər. Krichena və əməkdaşları (2014)¹⁷ Tunis ərik rüşeymplazmalarının iki fərqli mənşəyə malik olub, iki fərqli genofonda bölündüyünü aşkar etmişlər.



Şəkil 4. Ərik nümunələrinin populyasiya strukturu

Beləliklə, bizim tədqiq etdiyimiz ərik genotiplərinin SSR profilləri əsasında pasportlaşdırılması ərik genbankının idarə edilməsini təkmilləşdirməklə yanaşı, dünya elmi ictimaiyyətinin

¹⁵ Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUKTURE: A simulation study August// Molecular Ecology, – 2005. 14(8), – p.2611-2620.

¹⁶ Bourguiba, H. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin Bourguiba et al. /H. Bourguiba, J. M. Audergon, L. Krichen, [et al] //BMC Plant Biology, – 2012a. 12(49), – p.1-16.

¹⁷ Krichena L, Audergonb J. M, Trifi-Faraha N. Assessing the genetic diversity and population structure of Tunisian apricot germplasm //Scientia Horticulturae, – 2014. 172(5), – p.86–100.

marağını Azərbaycanın ərik genofondu və müxtəlifliyi haqda etibarlı məlumatlarla təmin edə biləcəkdir. SSR profillərindən sortların pasportlaşdırılması, yeni sortların yaradılması və əsas kolleksiyaların zənginləşdirilməsi və eyni zamanda, seleksiya strategiyalarına yardım məqsədilə istifadə olunacaqdır.

V FƏSİL. ƏRİK NÜMUNƏLƏRİNİN ŞARKA XƏSTƏLİYİNƏ DAVAMLILIĞININ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

5.1. Şarka xəstəliyinə davamlılıq genlərinin skrininqi

Bizim tədqiqatda *Plum Pox Virus (PPVres)* davamlılıq lokusuna yaxın LG1-də yerləşən üç SSR (PGS1.21, PGS1.23 və PGS1.24) və bir SSLP (ZP002) markeri tədqiq edilmiş və onların Şarkaya davamlılıqla ilişkili allellərə sahib olub-olmadıqları araşdırılmışdır. PGS1.21-240 alleli 3, PGS1.23-161 və PGS1.24-119 allellərinin hər biri 15 nümunədə müşahidə edilmişdir. *PPVres* lokusuna yaxın yerləşən ZP002-127 alleli 9 nümunədə müşahidə edilmişdir. 28 nümunə bu dörd davamlılıqla ilişkili alleldən ən azı birinə malik olmuşdur. Nəzarət qismində istifadə olunan davamlı "Harlayne" və "SEO" sortları da, gözlənilmədiyi kimi, davamlılıq allellərinə (240, 161 və 119) malik olmuşlar. Ağdaş mənşəli May Natiq sortu bir lokusda homoziqot (PGS1.24) və iki lokusda (PGS1.23 və ZP002) heteroziqot, Naxçıvan mənşəli Qaysı sortu isə üç lokusda (PGS1.21, PGS1.24 və ZP002) heteroziqot olan davamlı allellər nümayiş etdirmişdir. Naxçıvan mənşəli 44 nümunədən 19-u (43.2%), Tərtər mənşəli 6 nümunədən 2-si (33.3%), Goranboy mənşəli 3 nümunənin hamısı (100%) və Ağdaş mənşəli 8 nümunədən 4-ü (50%) davamlılıq allellərindən ən azı birinə malik olmuşdur. Zeynəbi və Yeni forma 1 nümunələri 4 lokus (PGS1.21, PGS1.23, PGS1.24 və ZP002), Ağ Nabati, Türkiyə sortu, Forma 1 (PGS1.24, ZP002) və İrandan gəlmə (PGS1.23, PGS1.24) nümunələri 2 lokus üzrə heteroziqot davamlı allellər nümayiş etdirmişlər. Mayçıçəyi, Mehmani, Haqverdi, Kürdəşi, Talibi, Limon ərik 1, Ağ ərik Gecyetişən, Ağca Nabad 2, İran sortu, Forma 2 və Ağ ərik Elçin nümunələri yalnız bir davamlı PGS1.23 lokusunda 161 allelinə malik olmuşlar. 7 nümunə

(Ağcanabad 1, Ağ ərik Tezyetişən, Badam ərik, Alça ərik, Mayovka 1, Qırmızıyanaq və Mayovka 2) PGS1.24 lokusunda 119, Naxçıvan mənşəli Ağ badami və Əsgərabat sortları ZP002 lokusunda 127 allellinə malik olmuşlar. Azərbaycanın ərik nümunələri haqda bizim fenotipik məlumatlarımız olmadığından, markerlərin etibarlılığını öncədən yoxlaya bilmədik. Aparılan tədqiqat nəticəsində Azərbaycanın tədqiq olunan nümunələri arasında 28-inin *PPVres* allellərindən ən azı birinə malik olduğu aşkar edildi. “Harlayne” və “SEO” nəzarət sortları ilə yanaşı, Ağdaş mənşəli Zeynəbi və Naxçıvan mənşəli Yeni forma 1 genotiplərinin dörd lokus üzrə davamlılıqla ilişikli allellərə malik olmaları onların gələcəkdəki davamlılıqla əlaqədar seleksiya işlərinə cəlb olunmasının məqsəduyğun olduğunu nümayiş etdirdi. Belə ki, sözügedən hər iki genotipin dörd lokus üzrə heteroziot olub, *PPVres* ilə ilişikli allellərə malik olduqları aşkar edildi.

Nəhayət, ən sonda *PPVres* lokusu ilə ilişikli markerlərə malik Azərbaycan mənşəli 61 ərik nümunəsinin PPV-yə davamlılığı tədqiq edilmişdir. Nümunələrin müəyyən hissəsi virusa qarşı həssas olmuşdur ki, bu da ərazidə virusa qarşı mübarizənin və xəstəliyə davamlılığın artırılmasına ehtiyac olduğunu göstərmişdir. Bizim tədqiq etdiyimiz 61 ərik genotipinin təxminən yarısı (46%) PPV-yə qarşı davamlılıq allellərinə, 28-i isə ən azı bir davamlılıq allelinə malik olmuşdur. 1-ci ilişikli qrupda əsas PPV-yə davamlılıq lokusu ilə ilişikli ZP002 lokusunun 9 unikal allel variantı müəyyən edilmişdir. Alınan nəticələr Azərbaycan əriklərinin PPV-yə davamlı əriklərin yetişdirilməsi üçün mühüm mənbə rolunda çıxış edə biləcəyini sürgüləmişdir. Xəstəliyin Azərbaycan ərazisinə keçəbilmə təhlükəsinin istənilən zaman reallaşa biləcəyini nəzərə alsaq, Azərbaycanda becərilən ərik sort və formalarının xəstəliyə davamlılığının öyrənilməsinin və davamlı sort və formaların seçilərək seleksiyada istifadəsinin olduqca aktual olduğunu görürük. Digər tərəfdən, genomunda davamlılıq genləri aşkar edilmiş nümunələr gələcəkdə PPV-yə davamlılıq istiqamətində aparılan seleksiya işlərinə cəlb edilə və o cümlədən digər ölkələrdə də davamlı sortların yaradılmasında onlardan genetik donor kimi istifadə oluna bilər.

5.2. Azərbaycanda becərilən ərik rüşeymplazmalarının S-genotip profillərinin təyini

Bizim tədqiqatın məqsədlərindən biri də polimeraz zəncirvari reaksiyasından (PZR) istifadə etməklə, xüsusi praymer cütləri əsasında Azərbaycanda becərilən müxtəlif ərik rüşeymplazmalarının S-genotip profillərini müəyyən etməkdən ibarət olmuşdur. 61 ərik genotipinin S-genotiplərinin aşkarlanması birinci intron üçün SRc-F və SRcR konsensus praymerlərindən və S-RNaz geninin ikinci intron analizi üçün EM-PC2consFD/EM-PC3consRD praymerlərindən istifadə edilməklə amplifikasiya edilmişdir. AprFBC8-in F və R praymerlərindən SFB_{C8} allelinin aşkarlanması üçün istifadə edilmişdir¹⁸. Yalnız 20 nümunənin ikinci intronu üçün bəndlər almaq mümkün olmamışdır. Bir nümunədə (İrəvan əriyi) ümumiyyətlə, heç bir PZR məhsulu aşkar olunmamışdır. EM-PC2consFD/EM-PC3consRD praymerində 280, 310, 370, 820, 900, 1250, 1300 və 1700 n.c. ölçülü bəndlər müvafiq olaraq 10, 3, 3, 7, 4, 27, 4 və 8 nümunədə sintez olunmuşdur.

Əvvəlki tədqiqatlarla müəyyən edilmişdir ki, EM-PC2consFD/EM-PC3consRD praymerindən istifadə etdikdə, ölçüləri 310, 370, 500, 820, 900, 1250, 1300 və 1700 n.c. olan bəndlər, müvafiq olaraq, *S*₃, *S*₁₂, *S*₉, *S*₇, *S*₂, *S*₁₃, *S*₆ və *S*₁₁ allelərinə xasdır¹⁹. Zeynəbi, Yeni forma 1, Qaysı, Mayçıçəyi, Yeni forma 2, Şalax 1, Abu Talibi, Təbərzə 2, Şalax 3 və Qırmızıyanaq tərəfindən istehsal edilən 280 n.c. ölçüsündə bənd heç bir məlum *S* lokusu üçün təyin edilməmişdir. 4 sortda (Cır Zəfəranı, Qaysı, Mayovka 1, Mayovka 2) 900 n.c. uzunluqda fraqment aşkar edilmişdir ki, bu da *S*₂ allelinin mövcudluğunun göstəricisidir. 3 sortda (Şəmsi, Ağca Nabad 2,

¹⁸ Yılmaz, K. U. S-Genotype Profiles of Turkish Apricot Germplasm /K. U. Yılmaz, B., Basbug, K. Gürçan, [et al] //Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, – 2016. 44(1), – p.67-71.

¹⁹ Gürçan, K. Genotyping by Sequencing (GBS) in Apricots and Genetic Diversity Assessment with GBS-Derived Single-Nucleotide Polymorphisms (SNPs) /K. Gürçan, S. Teber, S. Ercisli [et al] //Biochemical Genetics, – 2016. 54(6), – p.854–885.

Göycə Nabad) 310 n.c. uzunluqda fraqment meydana gəlmiş və bu da onlardakı allelin S_3 olduğunu təsdiqləmişdir. 4 sortda (Hampa, Yay Şərəfi, Gecyetişən, Ordubad Şərəfi) 1300 n.c. uzunluğunda fraqment əldə edilmiş və onlar S_6 alleli ilə etikətlənmişlər. S_7 alleli 7 sortda (Mayçıçəyi, Yeni forma 2, Təbərzə 1, Ağca Nabad 2, Haqverdi 2, Alça ərik, Abu Talibi) 820 n.c. uzunluqda fraqment meydana gəlmişdir. 8 sortda (Ağ ərik Gülnar, Ağ ərik, Badam ərik 1, Heydari, Şalax 2, May Goranboy, Badami 2, Limon ərik 2) 1700 n.c. uzunluqda fraqment meydana gəlmiş və bu da onlarda S_{11} allelinin varlığını sübut etmişdir. 3 sortda (Hampa, Cır Naxçıvan, Yay Şərəfi) S_{12} allelinə xas fraqment ölçüsü müşahidə edilmişdir. 27 sortda (Ağ ərik Gülnar, Yeni forma 1, Balyarım, Şalax 1, Təbərzə 1, Gecyetişən, Badami 1, Helena, Ağ badamı, Forma 1, Ağ ərik Tezyetişən, Ordubad əriyi, Ağ ərik, Şəmsi, Göycə Nabad, Haqverdi 2, Heydari, Şalax 2, May Goranboy, Badami 2, Limon ərik 2) 1250 n.c. uzunluğunda bir fraqment meydana gəlmişdir ki, bu da S_{13} allelinin həmin sortlar üçün ümumi olduğunu göstərmişdir.

61 ərik genotipində cəmi 9 müxtəlif S genotipi (S_2 , S_3 , S_6 , S_7 , S_8 , S_{11} , S_{12} , S_{13} və S_c) müəyyən edilmişdir. Tədqiqat işində istifadə olunan ərik nümunələrindən Mayovka 1 və Forma 2-dən başqa digər nümunələr S_c haplotipinə xas olmayan öz-özünə uyğunsuzluq nümayiş etdirmişlər. Azərbaycan sortları arasında 9 S alleli müəyyən edilmişdir. Məlum olmuşdur ki, S_{13} alleli Azərbaycanın ərik rüşeymplazmaları arasında ən geniş yayılmışdır və ona 27 sortda rast gəlinmişdir. S_{11} allelinə 8, S_7 -yə 7, S_2 -yə 4, S_6 -ya 4, S_{12} -yə 3, S_3 -ə 3, S_8 -ə 3 və S_c -yə 2 genotipdə təsadüf edilmişdir.

NƏTİCƏLƏR

1. Müxtəlif ekoloji şəraitlərdə becərilən 61 ərik genotipi arasında ayrı-ayrı morfoloji kəmiyyət əlamətlərinə görə statistik əhəmiyyətli yüksək genetik müxtəliflik aşkar edilmiş, klaster analizi nəticəsində ərik genotipləri 10 biomorfoloji, fenoloji və pomoloji parametrlərin əsasında 3 əsas qrupa ayrılmışdır. Klaster analizinin nəticələrinə əsasən ən yaxın genotiplər Ağca Nabad 2 (Naxçıvan) və Göycə Nabad (Naxçıvan) (0.100), ən uzaq

genotiplər isə Ağdaş mənşəli Ağ ərik Elçin və Tərtər mənşəli Ordubad əriyi (116.518) olmuşdur.

2. 17 SSR və 1 SSLP markeri ilə 61 yerli ərik nümunəsində, ümumilikdə, 140 allel sintez olunmuş, öyrənilən kolleksiyada mikrosatellit lokuslar üzrə orta polimorfizm informasiya tutumu (PIC) 0.65, gözlənilən heterozioqluq (H_e) 0.69 vahid təşkil etmişdir. Naxçıvandan və Ağdaşdan olan genotiplər ən yüksək (PIC=0.65), Tərtərdən olan nümunələr isə ən aşağı (PIC=0.45) genetik müxtəlifliyə malik olmuşdur.
3. Klaster analizi vasitəsi ilə identifikasiya olunmuş molekulyar verilənlər əsasında genetik məsafə indeksi 0-0.97 arasında dəyişmişdir. Kolleksiya daxil olan 4 ərik nümunəsinin öz aralarında sinonim, 10 nümunənin isə omoniminin olması aşkar edilmişdir. **NJ** dendrogramında 61 genotip 4 klasterdə qruplaşmış, **STRUCTURE** analizi nəticəsində kolleksiyada 4 subpopulyasiya müəyyən edilmişdir.
4. Ərik kolleksiya nümunələrinin Şarka xəstəliyinə davamlılığını təmin edən *PPVres* lokusu ilə ilişkili 3 SSR və 1 SSLP markerləri vasitəsilə skrininqi nəticəsində PPV-yə davamlılığın PGS1.21-240 allelinə 3, PGS1.23-161 və PGS1.24-119 allellərinin hər birinə 15 nümunədə, ZP002-127 allelinə 9 nümunədə rast gəlinmişdir. 28 nümunənin ən azı bir, 4 nümunənin iki, 2 nümunənin üç və digər 2 nümunənin (Zeynəbi, Yeni forma 1) isə dörd davamlılıq allelinə malik olduğu müəyyən edilmişdir.
5. Tədqiq edilən 61 ərik nümunəsinin öz-özünə uyğunsuzluq fenotipinə görə səciyyələndirilməsi nəticəsində, ümumilikdə, 9 müxtəlif *S* genotipi (S_2 , S_3 , S_6 , S_7 , S_8 , S_{11} , S_{12} , S_{13} və S_c) müəyyən edilmişdir: ən çox (27) nümunədə rast gəlinən S_{13} genotipi ən yüksək, ən az (müvafiq surətdə 3, 3, 3 və 2) nümunədə rast gəlinən S_{12} , S_3 , S_8 və S_c genotipləri isə ən aşağı rastgəlmə tezliyi ilə səciyyələnir.

TÖVSIYƏ

Şarka xəstəliyinə davamlılıq genlərinin identifikasiya edildiyi nümunələrin (Zeynəbi, May Natiq, Yeni forma 1, Qaysı, Mayçıçəyi, Mehmani, Haqverdi 1, Ağ Nabati, Kürdəşi, Talibi, Türkiyə sortu, Ağ badami, Ağcanabad 1, Limon ərik 1, Forma 1, Ağ ərik Gecyetišən, Ağ ərik Tezyetišən, Badam ərik 1, Ağca Nabad 2, İran sortu, Forma 2, İrandan gəlmə, Alça ərik, Ağ ərik Elçin, Mayovka 1, Qırmızıyanaq, Mayovka 2, Əsgərabat) təsərrüfatlarda əkilməsi, eləcə də ərik bitkisi üzrə seleksiya proqramlarında başlanğıc material kimi istifadəsi tövsiyə olunur.

DİSSERTASIYANIN MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC OLUNMUŞ ƏSƏRLƏR

1. Rəkidə, Ə. M. Initial characterization of genetic diversity in local apricot cultivars of Azerbaijan // Azərbaycan Respublikası Təhsil Nazirliyi Bakı Dövlət Universiteti Azərbaycan xalqının böyük oğlu, Ulu Öndər Heydər Əliyevin anadan olmasının 94-cü ildönümünə həsr olunmuş Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda VII Beynəlxalq Elmi Konfransının materialı, – Bakı: –2017,– s.107-108.
2. Rakida A.M. Genetic diversity and Plum pox virus resistance of apricot (*Prunus armeniaca* L.) in Azerbaijan // Conference of Young Scientists and Students “Innovations in Biology and Agriculture to Solve Global Challenges” Dedicated to the 90th Anniversary of Academician Jalal A.Aliyev, – Baku: –2018, – p. 150.
3. Rəkidə Ə.M. Ərik bitkisinin şarka xəstəliyinə davamlılığının SSR markerlə analizi // Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası Mikrobiologiya İnstitutu Gənclər Gününə Həsr Olunmuş Müasir

Biologiyanın Aktual Problemləri mövzusunda elmi-praktiki konfransın materialları, – Bakı: – 2019,– s.50-51.

4. Rakida A.M. Genetic diversity of apricot (*Prunus armeniaca* L.) cultivars spread in Azerbaijan using SSR markers // Международная научная конференция студентов, аспирантов и молодых учёных «Ломоносов-2019», –Москва: – 2019.
5. Rakida A.M. Assessment of variability in morphological and pomological characters of apricot germplasm of Nakhchivan, Azerbaijan // Karabakh II International congress of applied sciences Azerbaijan national academy of sciences / – Azerbaijan: – 2020.– p.12.
6. Rakida A.M. Morphological and pomological diversity among apricot (*Prunus armeniaca*) genotypes grown in Azerbaijan // 4th International conference on advanced engineering technologies / – Turkey: – 2022. – p. 869.
7. Rəkidə Ə.M. Azərbaycanın müxtəlif rayonlarından toplanılmış ərik genotiplərinin şarka (*Plum Pox Virus*) xəstəliyinə davamlılığının tədqiqi // – Bakı: Əkinçilik Elmi Tədqiqat İnstitutunun elmi əsərləri məcmuəsi, – 2018. C. XXIX, – s. 163-165.
8. Rakida A.M. Investigation of variability of apricot (*Prunus armeniaca* L.) using morphological, pomological traits and microsatellite markers // Khazar Journal of Science and Technology, – 2021. 5(2), – p. 34-48.
9. Ракида А.М. Оценка генетического разнообразия генотипов абрикоса (*Prunus armeniaca* L.) Азербайджана с помощью SSR маркеров // Успехи современного естествознания. – 2020. 7, – с. 37-42.
10. Rəkidə Ə.M. Azərbaycanda ərik (*Prunus armeniaca* L.) genotiplərində şarka (*Plum Pox*) xəstəliyinə qarşı davamlılıq

allelərinin tədqiqi // – Bakı: Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, – 2022. XI(2), – s.17-24.

11. Rakida A.M. Analysis of morphological and pomological features of apricot in the Nakhchivan Autonomous Republic of Azerbaijan // – Turkey: Turkish journal of agriculture and forestry, – 2023. 47(1), – p. 23-30.
12. Rakida A.M., Akparov Z. S-Genotype Profiles of Azerbaijan Apricot Germplasm // Khazar Journal of Science and Technology, – 2023. 7(1), – p. 20-31.
13. Rakida A, Çetinsığ N, Akparov Z, Bayramov L, Babayeva S, Izzatullayeva V, Abbasov M, Ercisli S, Gürcan K. Assessment of genetic diversity and search for *Plum pox virus* resistance alleles of apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes spread in Azerbaijan using SSR markers // – Turkey: Turkish journal agriculture and forestry, – 2023. 47(4), – p.529-540.

Dissertasiyanın müdafiəsi 12 yanvar 2024-cü il tarixində saat 11⁰⁰ -da Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən FD 1.37 Dissertasiya şurasının iclasında keçiriləcək.

Ünvan: AZ1106, Bakı şəhəri, Azadlıq pr., 155.

Dissertasiya ilə Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Dissertasiya və avtoreferatın elektron versiyaları Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun rəsmi internet saytında (<https://www.genres.az>) yerləşdirilmişdir.

Avtoreferat 7 dekabr 2023-cü il tarixində zəruri ünvanlara göndərilmişdir.

Çapa imzalanıb: 06.12.2023

Kağızın formatı:A5

Həcm: 38415

Tiraj:100