

GENETİKA, SELEKSİYA VƏ TOXUMÇULUQ

UOT 631.52:[633+635] (06)

MÜXTƏLİF MƏNŞƏLİ BUĞDA GENOTİPLƏRİNDƏ GENETİK MÜXTƏLİFLİYİN SEKVENSLİK ƏSASLI GENOTİPLƏŞDİRMƏ (GBS) İLƏ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

C.M.ELDAROVA^{1,2*}, M.E.ELDAROV², C.M.OCAQI², Z.I.ƏKPƏROV¹, S.D.HALEY³

¹AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Azərbaycan, Bakı, Azadlıq 155, AZ1106;

²Xəzər Universiteti, "Həyat elmləri" departamenti, Azərbaycan, Bakı, Məhsəti küç. 41, AZ1096;

³Kolorado Dövlət Universiteti, ABŞ, Fort Collins

jeldarova@khazar.org, m.jamala85@gmail.com

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY IN WHEAT GENOTYPES OF DIFFERENT ORIGINS USING GENOTYPING BY SEQUENCING (GBS)

J.M.ELDAROVA^{1,2*}, M.E.ELDAROV², J.M.OJAGHI², Z.I.AKPAROV¹, S.D.HALEY³

¹Institute of Genetic Resources of the Ministry of Education and Science;

²Khazar University, "Life Sciences" department, ³Colorado State University

The article deal with information on assessment of genetic diversity in wheat genotypes of different origins using genotyping by sequencing (GBS). Genotyping by sequencing (GBS), an efficient molecular tool for analyzing the genetic diversity of wheat, has widespread use because of the advancement of Next Generation Sequencer technology. In the present study, 924 bread wheat genotypes with various origin were characterized using GBS. It includes samples from 4 main centers of winter wheat and 17 countries (AZB, TUR, USA, KAZ, KRZ, RUS, etc.). Principal component analysis (PCA) was used to visualize the inter-genotype relationship. To evaluate genetic diversity and population structure, a total of 55,520 high-quality single nucleotide polymorphism (SNP) markers were used. The GBS analysis outcomes were examined using RefSeqv1.0 and RefSeqv2.0 references. Most SNP markers (27,030-48%) have been discovered in the B genome, followed by the A genome (20,755-38%), while the D genome (8,175-14%) had the fewest. The results of the cluster and principal component analyses were similar, and there was congruence between the genotypes' centers of origin. The process of using and sharing germplasm samples worldwide is a strategic way to expand the genetic basis of wheat breeding. In the current study, SNP genotyping was also used to study the utility of SNP markers in the genomic study of selected wheat genotypes. Thus, samples with high genetic diversity, high productivity potential, resistant to biotic and abiotic stress, well adapted to various environmental conditions, high quality, etc. can be used in future breeding programs to create wheat varieties with desirable characteristics.

Açar sözlər: tək nukleotid polimorfizmi, yumşaq buğda, sekvens əsaslı genotipləşdirmə, referens genom, populyasiya strukturu

Ключевые слова: однонуклеотидный полиморфизм, мягкая пшеница, генотипирование методом секвенирования, референтный геном, популяционная структура
Keywords: single nucleotide polymorphism, bread wheat, genotyping by sequencing, reference genome, population structure

GİRİŞ

Buğda dünya miqyasında ən geniş becərilən ərzaq bitkilərindən biridir və gələcək tələbatı ödəmək üçün istehsalının artırılması vacib məsələlərdəndir [Edae et al., 2015; Alipour et al., 2019]. Buğdanın məhsuldarlığı həm məhsuldarlığın idarə olunması metodlarının təkmilləşdirilməsi, həm də sortların genetik yaxşılaşdırılması yolu ilə artırılabilir [Sener et al., 2009]. Belə ki, genetik müxtəliflik genetik inkişafın əsasını təşkil edir [Nielsen et al., 2014; Govindaraj et al., 2015]. Fermerlər tərəfindən toplanan və becərilən, yerli şəraitə adaptasiya olmuş, sasiyyəvi xüsusiyyətlərə malik xalq seçkisiyə sortları biotik və abiotik stres amillərə daha tolerantlıq olmaqla, az gəlirli kənd təsərrüfat sahələrində stabil məhsuldarlığı təmin edə bilərlər [Zeven, 1998; Skovmand et al., 2002]. Qeyd etmək lazımdır ki, mədəniləşdirmə (domestikasiya) və seleksiya prosesləri zamanı aparılan süni seçmə məhsuldarlığı idarə edən alverşii allellərin tezliyin artırsa da, biotik və abiotik stressə davamlılıq kimi bəzi arzu olunan allelləri populyasiyalardan çıxada etmişdir. Bu səbəbdən də, hazırda seleksiya proqramlarında yumşaq buğdanın genetik müxtəlifliyi azalmaqdadır [Sofalian et al., 2008].

Son onilliklərdə bitki genetik tədqiqatlarında və molekulyar seleksiya yeni növ markerlər hazırlanaraq, onlardan populyasiya strukturunun və rüşeymləşmə kolleksiyalarının tədqiqində geniş istifadə edilir [Huang et al., 2002; Dreisigacker et al., 2005; Hao et al., 2006, 2008; Cavanagh et al., 2013]. Yeni Nəsil Sekvenser (NGS) texnologiyası vasitəsilə bütün genomun sekvenslənməsi və ya re-sekvenslənməsi tədqiqatları (təkrar sekvensləmə) həyata keçirilir, bu da çoxlu sayda təkrar nukleotid polimorfizmlərinin (TNP) müəyyən edilməsi üçün bir neçə növün genomunun sekvenslənməsinə, həmçinin növdaxili müxtəlifliyin aşkar edilməsinə, haplotip xəritələrinin qurulmasına və geniş genom əsaslı tədqiqatların yerinə yetirilməsinə imkan verir.

Təkrar nukleotid polimorfizmləri bitki genomunda ən çox rast gəlinən ardıcılıq növü olub, onlar genetik variasiya, populyasiya strukturu, marker-əsaslı assosiasiya, QTL xəritələmə və bütün genomu əhatə etmək üçün çoxlu sayda marker tələb edən bitki seleksiya tədqiqatlarına uyğundur [Kumar et al., 2012]. Bitki seleksiya və genomikası YNS-nin imkanlarından istifadə edərək yeni metodlar işlənib hazırlanmışdır. Ümidverici metodlardan biri sekvens əsaslı genotipləşdirmədir (GBS). Belə ki, bu metod genom mürəkkəbliyinin restriksiya enzimləri arasında azaldılması ilə DNT bərküdə adaptorlardan istifadə edir və nümunələrin YNS-də oxunması üçün multipleks kitabxanasını yaradır. Beləliklə, GBS buğda kimi böyük və mürəkkəb genomla malik bitki növlərini tədqiq etməyə imkan verir və hər bir nümunə üçün maliyyənin aşağı olması onu seleksiyaçıları üçün əlçatan edir. Genom mürəkkəbliyinin restriksiya enzimləri (RE) ilə öyrənilməsi asan, tez, son dərəcə spesifik və çox məhsuldar metod olub, həmçinin genomun spesifik hissələrinə əhəmiyyətli bölgələr isə iki-üç qat daha yüksək səmərəliliklə ilə hədəflənə bilər ki, bu da yüksək genetik müxtəlifliyə malik növlərdə çətin sıralanma (alignmet) problemlərini asanlaşdırır.

Cari tədqiqatın başlıca məqsədi, sekvens əsaslı genotipləşdirmə vasitəsilə əldə olunan TNP-lərdən istifadə edərək, genotiplər arasında populyasiya strukturunun xarakterizə edilməsi, genetik əlaqənin müəyyən edilməsi, həmçinin regional və ölkələrarası populyasiya strukturunun müqayisə edilməsidir.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat materialı olaraq 924 müxtəlif məhsul payızlıq buğda genotipindən istifadə edilmişdir. Buraya payızlıq buğdanın 4 əsas mərkəzindən və 17 ölkədən olan nümunələr (AZB, TUR, USA, KAZ, KRZ, RUS və b.) daxildir.

Hər bir nümunə 10 dən olmaqla istixana şəraitində əkilmiş, 1 həftə sonra (tək yarpaq mərhələsində) 96 yuvalı və içərisində maqnit küresiciklər olan PZR qablarına toplanaraq -80°C-də saxlanılmışdır. Qeyd etmək lazımdır ki, kitabxana hazırlanarkən və sekvensləmə zamanı nümunələrin qarışmaması üçün hər bir qrupda təsadüfi boşluqlar buraxılmışdır. DNT ekstraksiyasından əvvəl hər bir nümunə 3-5 gün müddətində "Lyophilizer" cihazında tam qurudulmuş və "Bead Beater" vasitəsilə toz halına salınmışdır. Yüksək keyfiyyətli DNT-nin alınması üçün ekstraksiya protokolu üzrə "MagMAX™" kitindən istifadə edərək, "Kingfisher magnetic bead robot" adlı cihazda yerinə yetirilmişdir. Alınmış DNT-nin keyfiyyətinin yoxlanılması (Lambda (λ) DNT), tələb olunan qatlıq üzrə normallaşdırılması (20ng/ul) prosesi PicoGreen metodikası əsasında, "Biotek synergy ht plate reader" və "The Precision XS" cihazları vasitəsilə həyata keçirilmişdir. GBS kitabxanası Poland və b. (2011) müəyyən etdiyi və Victoria Anderson tərəfindən modifikasiya olunmuş PstI-MspI protokolu əsasında hazırlanmışdır. Genom DNT-si PstI və MspI restriktazaları ilə kəsilmiş, T4 liqaza (NEB buffer4) vasitəsilə hər bir DNT nümunəsinə bərküdələşmiş adapterlər birləşdirilmişdir. Liqasiya olunmuş nümunələr təkrar buğda multipleksləşdirilmişdir (384-pleks, bir kitabxana). GBS kitabxanası hazırlandıqdan, təmizləndikdən və keyfiyyəti müəyyən edildikdən sonra, sekvensləmə Kansas Universitetində Illumina şirkətinin HiSeq2500 sekvens platformasında həyata keçirilmişdir.

Sekvenserdən əldə olunan GBS nəticələri əsasında TNP çağırışı Tassel 5.0 standalone proqram versiyasında yerinə yetirilmiş, FASTQ faylı, Key faylı ilə nizamlanaraq, RefSeqV1 və RefSeqV2 referens genomları əsasında Hapmap faylı hazırlanmışdır. Daha sonra R 3.6.3. proqramı vasitəsilə nəticələrin statistik təhlili aparılmışdır.

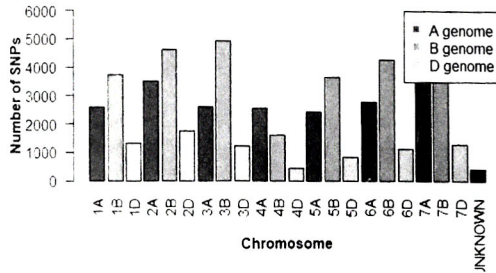
GBS markerlərinin filtrlənməsi və Əsas Komponent Analizi: Ümumilikdə 924 yumşaq buğda nümunəsi üçün GBS vasitəsilə 56474 TNP markeri əldə edilmişdir. Əlavə xromosomların və səhv TNP-lərin filtrlənməsi (69 fərqli TNP çağırışı analizdən kənarlaşdırılmışdır) nəticəsində 55520 marker saxlanılmışdır. Əldə edilmiş TNP-lərdən istifadə edərək 924 müxtəlif məhsul buğda genotipi arasında populyasiyaların, mənşə və üstün genotiplərin dispersiyasını göstərmək üçün əsas komponent analizi yerinə yetirilmişdir. Əsas Komponent Analizi üçün Eigenvektor dəyəri R 3.6.3.-də "eigen" əsas funksiyasından istifadə edərək hesablanmış və R proqramında "ggplot" paketi [Wickham, 2009] vasitəsilə qrafik qurulmuşdur. İstənilmiş marker məlumatları (missing data) isə R-da rBLUP paketindəki A.mat funksiyasından istifadə edilərək [Endelman, 2011] MVN-EM metodu [Dempster et al., 1977] ilə hesablanmışdır. Beləliklə, Əsas Komponent Analizi üçün istifadə olunan markerlər GBS markerlərin filtrlənməsindən əldə edilmiş sonrakı alt qrupdur.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Buğdanın mürəkkəb və böyük ölçüli genomla malik olması uzun müddət, yüksək və keyfiyyətli bir referens genom yaratmaq sayələrini alt-üst etmişdir. Lakin texnoloji inkişaf qısa müddət ərzində bir çox referenslərin yaranmasına səbəb olmuşdur. Bu referenslərin aksiyativ "Chinese Spring" sortu üzərində qurulsun da, hazırda digər növlərin də sekvenslənməsi həyata keçirilmiş və onlarla referens genomlar müəyyən edilmişdir (genom toplusları - www.wheat-training.com).

IWGSC RefSeq v1.0 referensinə əsasən üç homeoloji buğda genomunda müəyyən edilmiş tək nukleotid əvəzləmələrinin xülasəsi

Genom	(IWGSC) RefSeq v1.0				
	A	B	D	Təyin olunmayıb	Ümumi
SNP-lərin sayı	20401	26733	7976	410	55520
A/G	3080	3903	1122	63	8168
C/T	4139	5388	1491	88	11106
G/A	3928	5247	1519	72	10766
T/C	3084	3884	1010	57	8035
Tranzisiya	14231	18422	5142	280	38075
Ts %	69.76	68.91	64.47	68.3	68.6
A/C	699	914	338	8	1959
A/T	519	676	271	14	1480
C/A	744	1195	346	20	2305
C/G	1033	1454	471	18	2976
G/C	1100	1383	482	19	2984
G/T	854	1129	374	18	2375
T/A	498	684	264	17	1463
T/G	723	876	288	16	1903
Transversiya	6170	8311	2834	130	17445
Tv %	30.24	31.09	35.53	31.7	31.4
Ts/Tv nisbəti	2.3	2.2	1.8	2.2	2.2

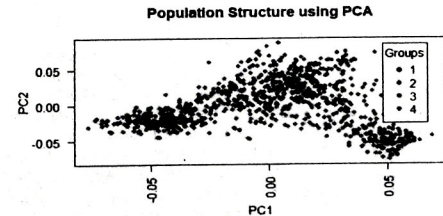


Şəkil 1. Tək nukleotid polimorfizmlərinin A, B və D genomları üzrə paylanması

Ayrı-ayrı xromosomlar üzrə TNP markerlərinin sayı aşağıdakı kimi olmuşdur: Belə ki, B genomu üzrə hər bir xromosomda orta hesabla 3861, A genomu üzrə 2965, D genomu üzrə isə 1167 TNP markerə rast gəlinmiş, 414 marker isə müəyyən edilməmişdir. Ən çox marker sayı 3B xromosomunda, ən az isə 4D xromosomunda təyin edilmişdir. RefSeq v1.0 referensində tədqiq olunan müxtəlif məqsəli yumşaq buğda nümunələrində hər üç genom üzrə aşkar edilmiş TNP-lərin 68.6%-i tranzisiya, 31.4%-i isə transversiya tipli olmuşdur, Ts/Tv nisbəti isə 2.2 vahid təşkil etmişdir (Cədvəl 1).

Tranzisiya tipli TNP-lərin ən yüksək dəyəri A genomunda, ən aşağı isə D genomunda müəyyən edilmişdir. Bununla əlaqədar olaraq, Ts/Tv nisbəti də B və D genomları ilə müqayisədə, A genomunda üstünlük təşkil etmişdir. Təxmin edildiyi kimi, G/A və T/C nukleotid əvəzlənmələrinə nisbətən A/G və C/T əvəzlənmələri daha çox olmuşdur. Digər tərəfdən, C/A, C/G, G/C, G/T tipli transversiyalarının sayının A/C, A/T, T/A, T/G transversiyalarından yüksək olduğu müşahidə edilmişdir.

Bizim yerinə yetirdiyimiz tədqiqat işində müəyyən edilmiş TNP-lərin A, B, D genomları üzrə paylanması əvvəlki tədqiqatlarla oxşarlıq təşkil edir, belə ki, TNP-lərin çoxu B genomunda, daha sonra ardıcıl olaraq A və D genomlarında xaritalanmışdır. Buğdanın təkamül tarixinə nəzər saldıqda, götürürük ki, genomlar içərisində ən cavanı D genomudur. Çox güman ki, digər genomlar çoxsaylı gen duplikasiyalarına məruz qalmış və polimorfizmə səbəb olan daha çox mutasiya toplanmışdır. Belə ki, əhəmiyyətli erkən gen axını heksaploid buğda ilə *Aegilops tauschii* (DD) arasında deyil, *T. aestivum* və tetraploid əcdadı *T. turgidum* (AABB) arasında baş vermişdir. Bu isə D genomu ilə müqayisədə A və B genomlarında daha çox genetik müxtəlifliyə səbəb olmuşdur.



Şəkil 2. Əsas Komponent Analizi vasitəsilə populyasiya strukturunun müəyyən edilməsi

Genotiplərə əlaqəni vizuallaşdırmaq üçün əsas komponent analizindən (PCA) istifadə edilmişdir. Belə ki, PCA populyasiya strukturunun müəyyən edilməsi üçün ən çox bilinə və istifadə olunan üsuldur. Məsafə matrisi əsasında isə klaster qurulmuşdur. 4 coğrafi regionu (MŞA, MQA, TCI, ABŞ) əhatə edən nümunələr 4 əsas klasterdə qruplaşmışlar (Şəkil 2). Azərbaycan mənşəli sortların əksəriyyəti 4-cü klasterdə (10) yerləşmiş, 1-ci klasterdə isə heç bir yerli nümunəyə rast gəlinməmişdir. Evklid genetik məsafə indeksinin minimum, maksimum və orta qiymətləri rast gəlinməmişdir. Evklid genetik məsafə indeksinin minimum, maksimum və orta qiymətləri 0.00 müvafiq olaraq 4.6 (HUN-MV, BG-KC); 83.2 və 102.6 (TCI-US-Co) vahid təşkil etmişdir. Ən çox nümunə sayı 4-cü, ən az isə 1-ci klasterdə qruplaşmışdır. Demək olar ki, hər bir qrupda müxtəlif ölkə və mənşə mərkəzlərindən olan genotiplərə rast gəlinmişdir. Bu isə müxtəlif ölkələr arasında uzun müddət davam edən buğda genotiplərindəki gen axınının nəticəsidir. Bu cür axın ölkədaxili müxtəlif genetik fonun yaranmasına, bu isə öz növbəsində eyni qrupda müxtəlif ölkələrdən olan genotiplərin qruplaşmasına səbəb olur. Əsas komponent analizi nümunələrin geniş coğrafi yayılmasının dərəcəsini aşkar edir. Belə ki, əvvəlki tədqiqatlarda Winfield və əməkdaşları (2018) dünyanın 30-dan çox ölkəsindən olan 804 heksaploid buğda genotipini təyin etmək üçün 32,443 polimorf markerdən istifadə etmiş və Avropa mənşəli nümunələrin əksəriyyətinin Asiya və Yaxın Şərq nümunələrinin əksəriyyətindən ayrılaraq eyni qrupda toplandığını müşahidə etmişlər. Bizim tədqiqatımızda da oxşar nəticələr əldə edilmişdir. ABŞ mənşəli nümunələrin böyük əksəriyyəti Asiya (mərkəzi və qərbi) və Avropa (mərkəzi və şərq) nümunələrindən ayrılaraq, fərqli klasterdə qruplaşmışdır. Hömçinin Cavanagh və əməkdaşları (2013) öz tədqiqatlarında Avropa mənşəli payızlıq buğda populyasiyalarının digər populyasiyalardan daha çox genetik müxtəliliyyə malik olduğunu aşkar etmişlər. Buna görə də, dünya miqyasında rüşeymləşmə nümunələrinin istifadəsi və mübadiləsi prosesi, buğdanın seleksiya prosesini genetik əsasını genişləndirmək üçün strateji bir yoldur. Cari tədqiqat işində də seçilmiş buğda genotiplərinin genomik tədqiqatında TNP markerlərin tətbiqi önəmli bir faktor kimi qeyd olunmuşdur. TNP genotipləşdirmədən istifadə edilmişdir.

Beləliklə, yüksək genetik müxtəliliyyə malik olan nümunələr, yüksək məhsuldarlıq potensialı, biotik və abiotik stressə davamlı, müxtəlif ekoloji şəraitlərə yaxşı adaptasiya olunan, keyfiyyətli və s. arzu olunan xüsusiyyətlərə malik buğda sortlarının yaradılması üçün gələcək seleksiya proqramlarında istifadə oluna bilər.

Minnətdarlıq: Müəlliflər cari tədqiqat işinin yerinə yetirilməsində göstərdikləri kömək və dəstəyə görə ABŞ-ın Azərbaycandakı səfirliyinin 2019-2020-ci illər üçün elan etdiyi "Fulbrayt" elmi Tədqiqat Səfir Proqramına, Kolorado Dövlət Universitetinin, Buğdanın genetikəsi və seleksiya qrupunun rəhbəri Prof. Scott Haley və qrupun digər bütün əməkdaşlarına dərin minnətdarlıqlarını bildirirlər.

ƏDƏBİYYAT

1. Fdae F.A., Bowden R.L., Poland J. Application of Population Sequencing (POPSEQ) for Ordering and Imputing Genotyping-by-Sequencing Markers in Hexaploid Wheat. G3. 2015; 5(12):2547-53. <https://doi.org/10.1534/g3.115.020362> PMID: 26530417.
2. Alipour, Hadi, et al. "Imputation accuracy of wheat genotyping-by-sequencing (GBS) data using barley and wheat genome references." *PLoS one* 14.1, 2019.
3. Sener O., Arslan M., Soysal Y., Erayman M. Estimates of relative yield potential and genetic improvement of wheat cultivars in the Mediterranean region. J. Agric. Sci. 2009. 147 323-332.
4. Nielsen N.H., Backes G., Stougaard J., Andersen S.U., Jahoor A. Genetic diversity and population structure analysis of European hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties. 2014.

5. Zeven A.C. Landraces: a review of definitions and classifications. *Euphytica*. 1998. 104 127-139.
6. Skovmand B., Rajaram S., Ribaut J., Hede A. Wheat Genetic Resources. Plant Production and Protection Series. Rome: FAO. 2002.
7. Sofalian O., Chaparazadeh N., Javanmard A., Hejazi M. Study the genetic diversity of wheat landraces from northwest of Iran based on ISSR molecular markers. *Int. J. Agric. Biol.* 2008. 10 466-468.
8. Huang X., Börner A., Röder M., Ganal M. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* 2002. 105 699-707.
9. Kumar S., Banks T. W., Cloutier S. SNP discovery through next-generation sequencing and its applications. *Int. J. Plant Genomics*. 2012;831460 10.1155/2012/831460
10. Wickham, H. "Ggplot: using the grammar of graphics with R." New York 1076 (2009).
11. Dempster, Arthur P., Nan M. Laird, and Donald B. Rubin. "Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm." *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)* 39.1, 1977: 1-22.
12. Poland, Jesse A., and Trevor W. Rife. "Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics." *The plant genome* 5.3. 2012.
13. Winfield, M.O., Allen, A.M., Wilkinson, P.A., Burridge, A.J., Barker, G.L.A., Coghil, J., et al. High-density genotyping of the A.E. Watkins Collection of hexaploid landraces identifies a large molecular diversity compared to elite bread wheat. *Plant Biotechnol. J.* 2018. 16, 165-175. doi: 10.1111/pbi. 12757
14. Cavanagh, C.R., Chao, S., Wang, S., Huang, B. E., Stephen, S., Kiani, S., et al. Genome-wide comparative diversity uncovers multiple targets of selection for improvement in hexaploid wheat landraces and cultivars. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2013. 10, 8057-8062. doi: 10.1073/pnas.1217133110
15. Yang X., Tan B., Liu H., Zhu W., Xu L., Wang Y., Fan X., Sha L., Zhang H., Zeng J., Wu D., Jiang Y., Hu X., Chen G., Zhou Y. and Kang H. Genetic Diversity and Population Structure of Asian and European Common Wheat Accessions Based on Genotyping-By-Sequencing. *Front. Genet.* 2020. 11:580782. doi: 10.3389/fgene.2020.580782
16. Beil, Craig T., et al. "Population structure and genetic diversity analysis of germplasm from the winter wheat Eastern European regional yield trial (WWEERYT)." *Crop Science* 57.2. 2017: 812-820.
17. Alipour H., Bihamta M.R., Mohammadi V., Peyghambari S.A., Bai G. and Zhang G. Genotyping-by-Sequencing (GBS) Revealed Molecular Genetic Diversity of Iranian Wheat Landraces and Cultivars. *Front. Plant Sci.* 2017, 8:1293. doi: 10.3389/fpls.2017.01293

MÜXTƏLİF MƏNŞƏLİ BUĞDA GENOTİPLƏRİNDƏ GENETİK MÜXTƏLİFLİYİN SEKVENS ƏSASLI GENOTİPLƏŞDİRMƏ (GBS) İLƏ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

C.M.ELDAROVA^{1,2}, M.E.ELDAROV², C.M.OCAQLI¹, Z.L.ƏKPƏROV¹, S.D.HALEY³

¹AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutu;

²Xəzər Universiteti, "Həyat elmləri" departamenti;

³Kolorado Dövlət Universiteti

Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyasının inkişafı nəticəsində, son dövrlərdə buğda bitkisinin genetik müxtəliliyinin tədqiqi üçün effektiv molekulyar vasitə olan sekvans əsası genotipləşdirmə (GBS) geniş istifadə olunur. Cari tədqiqat işində də müxtəlif mənşəyə malik 924 yumşaq buğda genotipini seçiyəndirilmək üçün GBS tətbiq edilmişdir. Genetik müxtəliliyin və populyasiya strukturunun tədqiqi üçün ümumiyyətlə 55520 yüksək keyfiyyətli tək nukleotid polimorfizmi (TNP) markerləri seçilmiş və GBS analizinin nəticələrini təhlil etmək üçün RefSeq v1.0 və RefSeq

v2.0 referenslərindən istifadə edilmişdir. Ən çox TNP markerlərinə B genomunda (27.030–48%), daha sonra A genomunda (20.755–38%) və ən az sayda isə D genomunda (8.175–14%) rast gəlinmişdir. Klaster və Əsas Komponent Analizlərinin nəticələri oxşarlıq təşkil edərək genotiplərin mənşə mərkəzləri arasında uyğunluq müşahidə edilmişdir.

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ РАЗНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ МЕТОДОМ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ НА ОСНОВЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ (GBS)

Дж.М. ЭЛЬДАРОВА^{1,2*}, М.Е.ЭЛЬДАРОВ², Дж.М.ОДЖАГИ²,
З.И.АКПАРОВ¹, С.Д.ХЕЙЛИ³

¹Министерство науки и образования Азербайджанской Республики;

²Университет Хазар, факультет «Науки о жизни»;

³Университет штата Колорадо

В результате развития технологии Секвенирования нового поколения (GBS) в последнее время широко применяется генотипирование на основе последовательностей (GBS), которые являются эффективными молекулярными инструментами для изучения генетического разнообразия пшеницы. В данном исследовании GBS был использован для характеристики 924 генотипов мягкой пшеницы различного происхождения. Для изучения генетического разнообразия и структуры популяции было отобрано в общем 55 520 высококачественных маркеров однонуклеотидного полиморфизма (SNP), а для анализа результатов GBS использовались в качестве референса *RefSeq v1.0* и *RefSeq v2.0*. Наибольшее количество маркеров SNP было обнаружено в В геноме (27 030–48%), затем последовал А геном (20 755–38%), и наименьшее количество было зарегистрировано для D генома (8 175–14%). Результаты кластерного анализа и анализа главных компонент оказались схожими, и было отмечено соответствие между центрами происхождения генотипов.

Çapa təqdim etmişdir: Abdullayev Abidin, b.ü.f.d., dosent

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 02.06.2023. Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 30.06.2023.

Çapa qəbul edilmə tarixi: 27.07.2023.