

UOT 57

**B.Q.Əsədova**  
Azərbaycan Dövlət Pedaqoji Universiteti  
basti.mirzoeva1984@gmail.com

## **AZƏRBAYCANDA BECƏRİLƏN ŞAFTALI BİTKİSİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN TƏDQIQI**

DOI: 10.30546/2520-2049.72.1.2024.010

**Açar sözlər:** *genetik ehtiyatlar, şaftalı bitkisi, məlumat bazası, molekulyar marker*

Azərbaycanda genetik ehtiyatların daha müasir üsullarla hərtərəfli öyrənilməsi, toplanması, itmək təhlükəsində olan növlərin xilasına imkan verəcək sistemin qurulması, xarakteristik və genomiks məlumat bazalarının yaradılması, biotexnologiyanın son imkanlarından istifadə etməklə ekoloji təmiz, keyfiyyətli, məhsuldar və davamlı sortların yaradılması, həmçinin Azərbaycanın zəngin bitki biomüxtəlifliyi, milli brend bitkiləri haqqında dünya elmi ictimaiyyətinə əsaslandırılmış məlumatların verilməsi kimi təxirəsalınmaz vəzifələrin səmərəli icrası istiqamətlərində mümkün olan bütün tədbirlər həyata keçirilir. Mövcud genetik müxtəlifliyin qorunub saxlanması və genofondun effektiv istifadəsi üçün, ilkin olaraq, onların qiymətləndirilməsi və yayılma arealının təyini, identifikasiyası, sortlar və yabani formalar arasında genetik yaxınlığın təyini təmin olunur. Müasir dövrdə geniş istifadə olunan molekulyar marker texnologiyaları, onların biologiya və kənd təsərrüfatında tətbiqi aktual olub, xüsusilə də bitkilərin genotipləri arasında genom səviyyəsində polimorfizmin təyində geniş şəkildə istifadə olunur. Polimorfizmi fərqli yollarla üzə çıxaran bu metodların kompleks şəkildə istifadəsi isə bitki genomunun strukturu haqqında daha geniş informasiya almağa imkan verir. Molekulyar markerlərin aparılan analizlərin nəticələrinin müasir statistik metodlarla öyrənilməsi isə tədqiqatın etibarlılığını artırır.

**Б.Г.Асадова**

## **ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ РАСТЕНИЯ ПЕРСИК, ВЫРАЩИВАЕМОГО В АЗЕРБАЙДЖАНЕ**

**Ключевые слова:** *генетические ресурсы, растение персика, база данных, молекулярный маркер*

Комплексное изучение и сбор генетических ресурсов в Азербайджане с использованием более современных методов, создание системы, которая позволит спасти исчезающие виды, создание характеристических и геномных баз

данных, создание экологически чистых, качественных, продуктивных и устойчивых сортов с использованием новейших технологий. возможностей биотехнологии, а также богатого растительного биоразнообразия Азербайджана, принимаются все возможные меры в направлении эффективной реализации актуальных задач, таких как предоставление обоснованной информации о растениях национальных брендов мировому научному сообществу. Для сохранения существующего генетического разнообразия и эффективного использования генофонда первоначально предусматривается их оценка и определение ареала, идентификация, определение генетического родства между сортами и дикими формами. Молекулярно-маркерные технологии, широко используемые в наше время, их применение в биологии и сельском хозяйстве актуальны, особенно при определении полиморфизма на уровне генома между генотипами растений. Комплексное использование этих методов, разными способами выявляющих полиморфизм, позволяет получить больше информации о структуре генома растений. Изучение результатов анализа молекулярных маркеров современными статистическими методами повышает достоверность исследования.

*B.G.Asadova*

#### **DIVERSITY RESEARCH GENETICS OF THE PEACH PLANT CULTIVATED IN AZERBAIJAN**

***Keywords:*** *genetic resources, peach plant, database, molecular marker*

Comprehensive study and collection of genetic resources in Azerbaijan using more modern methods, establishment of a system that will allow the rescue of endangered species, creation of characteristic and genomic databases, creation of ecologically clean, high-quality, productive and sustainable varieties using the latest opportunities of biotechnology, as well as the rich plant biodiversity of Azerbaijan, all possible measures are taken in the direction of effective implementation of urgent tasks, such as providing justified information about national brand plants to the world scientific community. For the preservation of the existing genetic diversity and the effective use of the gene pool, initially, their assessment and determination of the distribution area, identification, determination of the genetic affinity between varieties and wild forms are provided. Molecular marker technologies, which are widely used in modern times, their application in biology and agriculture are relevant, especially in the determination of polymorphism at the genome level between genotypes of plants. The complex use of these methods, which reveal polymorphism in different ways, allows us to get more information about the structure of the plant genome. Studying the results of molecular markers analysis with modern statistical methods increases the reliability of the research.

## Giriş

Son zamanlar 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. Gülçiçəklilər fəsiləsinə aid olan və bütün dünyada geniş yayılmış mühüm meyvə bitkilərindən biri də şaftalıdır. Şaftalı 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 olunur.

Şaftalı (*Persica Mil.*, 2/2=16) yabanı halda yayılmış 6 növü məlumdur. Bunlardan əksər şaftalı sortlarının əmələ gəlməsində iştirak edən *Adi* şaftalıdır. Şaftalı MDB üzrə cənubi Ukrayna, Şimali Qafqaz, Güney Qafqaz və Orta Asiya respublikalarında əmtəə xarakterli bitki kimi becərilir. Dünya miqyasında isə şaftalı bütün qitələrdə becərilir.

*Adi* şaftalı (*Pvulgaris Mill.*), dünyanın müxtəlif ölkələrində yayılmışdır. İlk forma əmələgəlmə mərkəzi Çin, ikinci forma əmələgəlmə mərkəzi isə Orta Asiya, İran, Güney Qafqaz sayılır. Avropaya ilk dəfə İrandan keçdiyi üçün qədim romalıları bunu qabaqca «İran alması»-*Malus persica* adlandırmışlar. Sonralar cinsin adı yer adı ilə -*Persica* saxlanmışdır. XVII və XVIII əsrlərdə şaftalı Fransada geniş inkişaf tapmış və orada tüklü və tüksüz (tərəli, nektarin) sortları, həmçinin hülü və kərdi formaları (çəyirdəkdən ayrılan və ayrılmayan) da ayrılmışdır.

*Adi* şaftalı 3-8 m hündürlükdə ağac, bəzən isə kol tipli ağacdır. Çətəri seyrək, kürə, sallaq və yığcam formalı olur. Tez böyüyən, yüksək zoğ vermə qabiliyyətinə malik, tez məhsula düşən və nisbətən az ömürlü bitkidir. Tumurcuqların oyanması qabiliyyəti yüksək olduğundan tez bir zamanda çətiri formalaşır və sıxlaşdığından, şah budaq rəqabətdən məhv olur, skelet budaqlar tezliklə lütləşir. Zoğ bərpa etmə qabiliyyəti zəif olduğundan yaşlı ağaclarda cavanlaşdırıcı budama səmərə vermir.

## Araşdırma

Şaftalı [*Prunus persica* (L.) Batsch] genom ardıcılığı bu yaxınlarda elmi ictimaiyyətə təqdim edilmişdir. Bu, ilk markerə əsaslanan əlaqə xəritələrinin buraxılması ilə iyirmi il əvvəl başlayan uzun prosesin kulminasiya nöqtəsini təmsil edir. Proses molekulyar müxtəlifliyin tədqiqi, əsas genlərin genom mövqələrinin və kəmiyyət əlamət lokuslarının aşkarlanması, böyük DNT ardıcılığı kolleksiyalarının inkişafı, transkriptom və proteom analizləri,

müqayisəli genomik tədqiqatlar, fiziki xəritənin qurulması və verilənlər bazalarının inkişafı ilə sürətlə irəliləmişdir. Genomik biliklərin artması qismən şaftalı genomunun sadəliyi ilə bağlıdır: qısa (230 Mbp), diploid və səkkiz cüt xromosomda paylanmışdır. Qeyri-adi qısa nəsillərarası dövr (2-4 il) və öz-özünə tozlanma davranışı onun tam genomunun möhkəm ardıcılığının qurulmasına kömək etmişdir. Şaftalı ağac bitkiləri arasında genetik olaraq ən yaxşı tanınan növlərdən biridir və növbəti bir neçə ildə sürətli inkişaf vəd edir.

Şaftalı (*Prunus persica*) dünyanın mülayim zonalarında becərilən ən məşhur meyvə ağaclarından biridir. Ərzaq və Kənd Təsərrüfatı Təşkilatının (FAO, <https://www.fao.org/faostat/>, 1 iyun 2022-ci il tarixində əldə edilmiş) hesabatlarına əsasən, 2020-ci ilə qədər dünya üzrə şaftalı biçilmiş sahə və məhsuldarlıq 1,5 milyon hektara və 24,6 hektara çatmışdır. Lakin meyvənin saxlanma müddətinin qısa olması səbəbindən hər il şaftalının 20%-dən çoxu məhsul yığımından sonrakı mərhələdə itirilir [1; 4; 5]. Şaftalı ağacları həmçinin müxtəlif xəstəliklər və həşəratların, məsələn, gummoz və aphidlərin hücumlarından və donma və daşqın stresləri kimi ekoloji stressdən əziyyət çəkirlər [2; 3]. Meyvə keyfiyyəti və stressə davamlılığı yüksək olan şaftalı sortlarının yetişdirilməsi və meyvələrin saxlama müddətinin uzadılması üçün genetik və molekulyar bioloji səviyyədə geniş tədqiqatlar aparılmışdır. Buna baxmayaraq, yüksək effektiv genetik və molekulyar bioloji tədqiqat yüksək keyfiyyətli gen annotasiyası olan genomlardan asılıdır.

Yüksək məhsuldarlıqlı sekvensiya texnologiyasının sürətli inkişafı ilə transkriptomun ardıcılığı gen və transkript kəşfi üçün geniş istifadə edilmişdir [11; 12]. Illumina kimi SGS platformaları erkən ixtira, yüksək ötürmə qabiliyyəti, yüksək dəqiqlik və aşağı qiymətə görə son on ildə geniş istifadə edilmişdir. Bununla belə, SGS adətən qısa oxunuşlar verir, bu da transkript kəşfi üçün üstünlük deyil. Son illərdə TGS tək molekulyar real vaxt ardıcılığı (SMRT) texnologiyası (PacBio platforması) sayəsində mRNT-nin tam ardıcılığı, alternativ birləşmə, birləşmə transkriptləri və APA kimi transkriptomun mürəkkəbliyinin müxtəlif aspektlərini başa düşmək üçün qəbul edilmişdir. TGS heç bir PCR gücləndirmə və uzun oxuma qabiliyyətinin üstünlüklərini təklif edir, lakin onların ardıcılıqla səhv nisbəti yüksəkdir [6,7,10]. Buna görə də, TGS və SGS texnologiyalarının birləşdirilməsi daha dəqiq və bütöv transkriptom məlumatı təmin edə bilər və düyü, pambıq və qarğıdalı kimi bir çox bitki növləri üçün istifadə edilmişdir [8; 9].

Şaftalı deskriptorlarının siyahısı Avropa Birliyinin Komissiyasının (MSK) Bitki Xəstəliklərinə Müqavimətli Yetiştirilmə və Genbanklardan İstifadə Proqramı Komitəsinin tam dəstəyi ilə yaradılmış və hazırlanmışdır. Bitkilərin Genetik Ehtiyatlarının Qorunması və Mübadiləsi üzrə Avropa Kooperativ Proqramının II Fazasından olan *Prunus* İşçi Qrupu IBPGR-nin deskriptorlar üzərində işini bütün Avropa ölkələri ilə inteqrasiya etməsinin zəruriliyini qəbul

etdi. Buna görə də, bu deskriptor siyahısı bütün dünyada bitki ekspertlərinin deskriptorlar və descriptor vəziyyətləri ilə bağlı tövsiyələrinə əsasən IBPGR standart formatına uyğun hazırlanmışdır. IBPGR bu siyahının ilk dörd kateqoriyası üzrə məlumatların toplanmasını tələb edir;

1. Nümunə
2. Kolleksiya
3. Xüsusiyyətlər haqqında məlumat
4. İlkin qiymətləndirmə.

Digər deskriptorlar sonrakı səciyyələndirmə və qiymətləndirmə məlumatlarının sadə kodlaşdırılmasına imkan verəcək və istənilən istifadəçi tərəfindən IBPGR formasında əlavə deskriptorların yaradılmasına nümunə kimi xidmət edə biləcək 5-ci kateqoriyada verilmişdir. Təklif olunan kodlaşdırma qəti sxem hesab edilməməlidir, çünki bu format IBPGR-nin tam dəstəyinə malikdir və bütün dünyada təbliğ olunur. Burada verilən deskriptor siyahısı beynəlxalq format təqdim edir və bununla da bütün bitki genetik ehtiyatları məlumatları üçün hamı tərəfindən başa düşülən “dil” yaradır. Bütün məlumatların kodlaşdırılması üçün bu sxemin qəbulu və ya ən azı digər sxemləri IBPGR formatına çevirmək üçün transformasiya metodunun istehsalı məlumatın saxlanması, axtarışı və əlaqəsi üçün sürətli, etibarlı və səmərəli vasitələr yaradacaqdır. Bu, beynəlxalq bitki genetik ehtiyatları şəbəkəsində germplazmanın istifadəsinə böyük kömək edəcək. Buna görə də tövsiyə olunur ki, məlumat aşağıdakılarla bağlı bu deskriptor siyahısına yaxından əməl etməklə hazırlanmalıdır: deskriptorların sıralanması və nömrələnməsi; müəyyən edilmiş deskriptorlardan istifadə etməklə; və deskriptordan istifadə tövsiyə olunur.

Şaftalı üçün təsvir siyahısı IBPGR sənədləri;

İndi genetik araşdırmalarda aşağıdakı sənədlərdən istifadə edilir.

1) pasport məlumatları (giriş identifikatorları və kollektorlar tərəfindən qeydə alınan məlumatlar);

2) səciyyələndirmə (yüksək irsi olan, gözlə asanlıqla görülmə bilən və bütün mühitlərdə ifadə olunan personajların qeydindən ibarətdir); ilkin qiymətləndirmə (müəyyən məhsulun istifadəçilərinin konsensusu ilə arzu olunan hesab edilən məhdud sayda əlavə əlamətlərin qeydindən ibarətdir). Xarakteristika və ilkin qiymətləndirmə, bir qayda olaraq, kuratorların məsuliyyətindən asılıdır, sonrakı səciyyələndirmə və qiymətləndirmə isə seleksiyaçı tərəfindən aparılmalıdır. Əlavə qiymətləndirmədən əldə edilən məlumatlar məlumat faylında saxlanılır.

Aşağıda göstəriləni kimi deskriptor vəziyyətlərinin qiymətləndirilməsi və ya kodlaşdırılması üçün beynəlxalq səviyyədə qəbul edilmiş aşağıdakı standartlara əməl edilməlidir:

a) ölçmələr metrik vahidlərlə aparılır;

b) davamlı dəyişən bir çox deskriptorlar 1-9 miqyasında qeydə alınır. Bu siyahının müəllifləri bəzən dövlətlərin yalnız bir seçimini təsvir etmişlər, məs. Belə deskriptorlar üçün 3, 5 və 7. Bu baş verdikdə, kodların tam çeşidi verilmiş kodların genişləndirilməsi və ya onlar arasında interpolyasiya yolu ilə istifadə üçün mövcuddur. (Zərərverici və xəstəliklərə qarşı həssaslıq) 1 = son dərəcə aşağı həssaslıq və & amp; yüksəkdən çox yüksək həssaslığa:

c) simvolların olması/yoxluğu + (indiki) və 0 (yox) kimi qiymətləndirilir;

d) abunəlik zamanı ümumiyyətlə vahid olmayan deskriptorlar üçün (məsələn, qarışıq kolleksiya, genetik seqreasiya) deskriptorun davamlı və ya orta olduğu hallarda orta və standart kənarlaşma və deskriptorun fasiləsiz olduğu hallarda &#39;x&#39; tezliklər deskriptorunda qeyd edilə bilər.

e) deskriptor qeyri-mümkün olduqda, deskriptor dəyəri kimi &#39;o&#39; istifadə olunur.

Məsələn, bitki çiçəklər əmələ gətirmirsə, aşağıdakı deskriptor üçün &#39;0&#39; qiymətləndiriləcək. Çiçək rəngi, standart rəng sxemləri, məsələn. Kral Bağçılıq Cəmiyyətinin Rəng Cədvəli, Methuen Rəng Kitabçası, Bitki Toxumaları üçün Munsell Rəng Qrafikləri bütün qiymətləndirilməmiş rəng simvolları üçün şiddətlə tövsiyə olunur.

Meyvə üzərində müşahidələr aparmaq üçün iki ağacdən minimum 20-dən 10 tipik meyvə seçilməlidir. Meyvələr üzərində bütün müşahidələr ağacda yetişmiş meyvələr üzərində aparılmalıdır.

### Nəticə

Azərbaycan Respublikasında kənd təsərrüfatının davamlı və artan dinamika ilə inkişaf etdirilməsi müstəqil demokratik gənc dövlətimizin irəli sürdüyü mühüm dövlət proqramları əsasında aparılır. Əhalinin artmaqda olan ərzaq mallarına tələbatının ödənilməsi, ölkəmizdə məhsul bolluğu yaradılması uğrunda mübarizə hazırda geniş vüsət almışdır. Respublikamızın aqrar iqtisadiyyatın inkişaf etdirmək, eləcə də əhalinin ərzaq təminatın yaxşılaşdırmaq və intensiv bağlar salmaq vacib dövlət əhəmiyyətli məsələlərdən olub, kənd təsərrüfatında keyfiyyətli meyvə sortlarının yaradılmasını və məhsuldarlığın artırılmasını tələb edir.

### ƏDƏBİYYAT

1. Khan, M.; Rahim, T.; Naeem, M.; Shah, M.; Bakhtiar, Y.; Tahir, M. Post harvest economic losses in peach produce in district Swat. Sarhad J. Agric. 2008, 24, 705–711. [Google Scholar]

2. Luo, C.-X.; Schnabel, G.; Hu, M.; De Cal, A. Global distribution and management of peach diseases. *Phytopathol. Res.* 2022, 4, 30. [Google Scholar] [CrossRef]
3. Minas, I.S.; Tanou, G.; Molassiotis, A. Environmental and orchard bases of peach fruit quality. *Sci. Hortic.-Amst.* 2018, 235, 307–322. [Google Scholar] [CrossRef]
4. Arumuganathan, K.; Earle, E. Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Mol. Biol. Rep.* 1991, 9, 208–218. [Google Scholar] [CrossRef]
5. Verde, I.; Abbott, A.G.; Scalabrin, S.; Jung, S.; Shu, S.; Marroni, F.; Zhebentyayeva, T.; Dettori, M.T.; Grimwood, J.; Cattonaro, F.; et al. The high-quality draft genome of peach (*Prunus persica*) identifies unique patterns of genetic diversity, domestication and genome evolution. *Nat. Genet.* 2013, 45, 487–494. [Google Scholar] [CrossRef] [PubMed][Green Version]
6. Verde, I.; Jenkins, J.; Dondini, L.; Micali, S.; Pagliarani, G.; Vendramin, E.; Paris, R.; Aramini, V.; Gazza, L.; Rossini, L.; et al. The Peach v2.0 release: High-resolution linkage mapping and deep resequencing improve chromosome-scale assembly and contiguity. *BMC Genom.* 2017, 18, 225. [Google Scholar] [CrossRef] [PubMed][Green Version]
7. Cheng, C.Y.; Krishnakumar, V.; Chan, A.P.; Thibaud-Nissen, F.; Schobel, S.; Town, C.D. Araport11: A complete reannotation of the *Arabidopsis thaliana* reference genome. *Plant J.* 2017, 89, 789–804. [Google Scholar] [CrossRef][Green Version]
8. Cui, J.; Shen, N.; Lu, Z.; Xu, G.; Wang, Y.; Jin, B. Analysis and comprehensive comparison of PacBio and nanopore-based RNA sequencing of the *Arabidopsis* transcriptome. *Plant Methods* 2020, 16, 85. [Google Scholar] [CrossRef]
9. Parker, M.T.; Knop, K.; Sherwood, A.V.; Schurch, N.J.; Mackinnon, K.; Gould, P.D.; Hall, A.J.; Barton, G.J.; Simpson, G.G. Nanopore direct RNA sequencing maps the complexity of *Arabidopsis* mRNA processing and m(6)A modification. *Elife* 2020, 9, e49658. [Google Scholar] [CrossRef]
10. Yu, Y.; Guan, J.; Xu, Y.; Ren, F.; Zhang, Z.; Yan, J.; Fu, J.; Guo, J.; Shen, Z.; Zhao, J.; et al. Population-scale peach genome analyses unravel selection patterns and biochemical basis underlying fruit flavor. *Nat. Commun.* 2021, 12, 3604. [Google Scholar] [CrossRef]
11. Cao, K.; Yang, X.; Li, Y.; Zhu, G.; Fang, W.; Chen, C.; Wang, X.; Wu, J.; Wang, L. New high-quality peach (*Prunus persica* L. Batsch) genome assembly to analyze the molecular evolutionary mechanism of volatile compounds in peach fruits. *Plant J.* 2021, 108, 281–295. [Google Scholar] [CrossRef] [PubMed]
12. Martin, J.A.; Wang, Z. Next-generation transcriptome assembly. *Nat. Rev. Genet.* 2011, 12, 671–682. [Google Scholar] [CrossRef] [PubMed]

Redaksiyaya daxil olub 11.10.2023