

UOT 577.21

**MÜXTƏLİF MƏNŞƏLİ BƏRK BUĞDA GENOTİPLƏRİ ARASINDA
FİLOGENETİK ƏLAQƏLƏRİN MOLEKULAR MARKERLƏR
ƏSASINDA TƏDQIQI*****G.A.ŞIXSEYİDOVA, *R.Ə.QULİYEV, **C.M.OCAQI,*****,**S.C.SALAYEVA, *E.M.AXUNDOVA*****Bakı Dövlət Universiteti******AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu****gülnar-sh@rambler.ru**

Tədqiqatda Mərakeş, Efiopiya, Türkiyə, Livan, Qazaxıstan, Çin və Monqolustan mənşəli 41 bərk buğda nümunəsi arasındakı filogenetik əlaqələr 15 ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats - daxili sadə təkrarlanan ardıcılıqlar) praymeri vasitəsilə amplifikasiya olunmuş nüvə genomu fraqmentləri əsasında analiz edilmişdir. Amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentlərinin "klaster" və "principle component" analizləri nəticəsində tədqiq olunan buğda materialının genetik müxtəlifliyinin nümunələrin coğrafi paylanmasına uyğun olduğu aşkar edilmişdir. Genotiplərin ISSR patternləri əsasında hər bir populyasiya üçün hesablanmış genetik müxtəliflik indekslərinin müqayisəli tədqiqi Türkiyə, Livan, Mərakeş və Efiopiya populyasiyalarında genetik müxtəlifliyin daha yüksək olduğunu göstərmişdir. Bərk buğda kolleksiyalarında mövcud olan polimorfizmin belə yüksək səviyyəsi Münbit Ayyara və Afrikanın bəzi hissələrinin bu nümunələrin mümkün ilkin müxtəliflik mərkəzi olması iddiasını təsdiqləməyə imkan verir.

Açar sözlər: *Triticum durum*, ISSR markerləri, "klaster" və "principle component" analizləri, genetik müxtəliflik, coğrafi və genetik diferensiasiya

Dünyada ən çox yayılmış və geniş tətbiq sahəsi olan mədəni buğdalar heksaploid yumşaq buğdalar və ya çörək buğdaları (*Triticum aestivum* L.) və tetraploid bərk buğdalardır (*T. durum* L.) [10]. Bərk buğdalar, ənənəvi olaraq, Aralıq dənizi sahili ölkələrində becərilmiş və hazırda da onların yarısından çoxu İtaliya, İspaniya, Fransa, Yunanıstan, Qərbi Asiya və Şimali Afrika ölkələri tərəfindən yetişdirilməkdədir [7, 11].

Populyasiyalar daxilində və arasında mövcud olan genetik müxtəliflik haqqında informasiyaların əldə olunması genetik resursların saxlanması üçün münasib idarəetmə strategiyasının formalaşdırılmasında əhəmiyyətli rol oynayır [8]. Qeyd etmək lazımdır ki, son dövrlərdə bitki növləri daxilində və arasında mövcud olan genetik müxtəlifliyin kasadlaşma təhlükəsi yaranmışdır. Populyasiya ölçülərinin ciddi reduksiyası nəticəsində yabani növlərin genetik

müxtəlifliyinin itmə təhlükəsi yarandığı halda, mədəniləşdirilmiş populyasiyalarda genetik müxtəlifliyin yox olma təhlükəsinin mövcudluğunu məhdud genetik materiala əsaslanan müxtəlif seleksiya proqramlarının aparılması ilə izah etmək olar [3]. Genetik müxtəlifliyi müxtəlif üsullar vasitəsi ilə qiymətləndirmək mümkündür. Hazırda buğda bitkisinin genetik xüsusiyyətlərinin öyrənilməsi və genom xəritəsinin tərtibində daha çox molekulyar markerlərdən istifadə olunur [1, 5, 6]. Molekulyar markerlər morfoloji markerlərlə müqayisədə yüksək polimorfizmi aşkar etmək qabiliyyətinə malik olduqlarından, həmçinin ətraf mühit amillərindən və bitkilərin fizioloji vəziyyətindən asılı olmadıqlarından, genetik analizlərdə, seleksiya istiqamətində aparılan tədqiqatlarda, o cümlədən abiotik və biotik stresslərə davamlılıq faktorlarının skriningində, genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsində, mədəni nümunələrlə onların yabani əcdadları arasında qohumluq əlaqələrinin tədqiqində, həmçinin genom xəritələrinin tərtibində üstün texnologiyalar kimi intensiv şəkildə və uğurla tətbiq olunurlar [2].

Cari tədqiqat işində məqsəd mikrosatellit lokuslarında və mikrosatellit lokusları arasında polimorfizmi aşkar edən, dominant xarakterli ISSR praymerlərindən istifadə etməklə, müxtəlif mənşəli bərk buğda populyasiyaları daxilində genetik müxtəlifliyi qiymətləndirmək, populyasiyalararası genetik diferensiasiyayı müəyyən etmək olmuşdur.

Material və metodlar

Tədqiqat obyektini kimi ICARDA-da (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas - Quraq Ərazilərdə Kənd Təsərrüfatı Tədqiqatları üzrə Beynəlxalq Mərkəz) alınmış Mərakeş, Efiopiya, Türkiyə, Livan, Qazaxıstan, Çin və Monqolustan mənşəli 41 bərk buğda nümunəsindən (cədvəl 1) istifadə olunmuşdur.

Total hüceyrə DNT-si MS (culture medium-orta kultura) mühitində 20°C və 13 saat müddətində işıqlandırılmaqla yetişdirilmiş cavan bitkilərin [9] 0.4 q yarpaq materialından Dellaporta və əməkdaşları tərəfindən təklif olunmuş [4] metod əsasında ekstraksiya edilmişdir. Ekstraksiya olunmuş DNT-lər 100 µl ddH₂O-da həll edilmiş və -20°C-də saxlanılmışdır.

DNT-lərin miqdarı spektrofotometrle təyin edilmiş, keyfiyyəti 2%-li aqaroza gəllərində elektroforez edilməklə yoxlanılmış və qatılıqları 50 nq/µl olmaqla ddH₂O ilə durulaşdırılmışdır. Həcmi 20 µl təşkil edən 1 PZR (polimeraza zəncirvari reaksiyası) 2 µl 10x reaksiya buferi, 1.5 µl 50 mM MgCl₂, 2 µM 10 mM dNTP, 2 µl 10 mM praymer və 0.1 µl *Taq DNT polimeraza* fermentindən ibarət olmuşdur. Amplifikasiya, 1 dəq. 94°C, 1 dəq. 55-60°C, 1 dəq. 72°C, 5 dəq. 72°C temperatur şəraitində aparılmaqla, 45 tsikldən ibarət olmuşdur [13]. Amplifikasiya məhsulları 2%-li aqaroza gəllərində fraksiyalara ayrılmışdır. Gəllər 0.5 µq/ml qatılıqlı etidium bromid məhlulu ilə rənglənmiş, gəllərdə fraksiyalara ayrılmış amplifikasiya məhsulları UB transillüminatoru vasitəsilə aşkar edilmişdir. İstifadə olunmuş 20 ISSR praymerindən 15-i (cədvəl 2) ilə amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentləri aydın təzahür etməklə analizlərə

daxil edilmişdir.

Cədvəl 1

Tədqiqatda istifadə olunmuş bərk buğda nümunələri və onların məxsus olduqları bölgələr

Genotiplər	Toplandığı bölgə	Uzunluq dairəsi	En dairəsi
Turkey1	Van	37°49' N	42°52' E
Turkey2	Batman	37°43' N	41°14' E
Turkey3	Van	37°45' N	43°02' E
Turkey4	Shirnak	37°45' N	42°53' E
Turkey5	Diyarbakır	37°46' N	40°55' E
Turkey6	Siirt	37°46' N	41°44' E
Ethiopia1	East Shewa	9°04' N	39°43' E
Ethiopia2	Jimma	8°04' N	37°16' E
Ethiopia3	East Gojjam	10°18' N	38°22' E
Ethiopia4	Bale	7°15' N	39°32' E
Ethiopia5	Shinile	9°31' N	41°16' E
Ethiopia6	Bale	6°53' N	38°59' E
Lebanon1	Touline	33°14' N	35°26' E
Lebanon2	Ynough	33°15' N	35°18' E
Lebanon3	Nabatieh	33°28' N	35°26' E
Lebanon4	Roumine	33°28' N	35°26' E
Lebanon5	Kfar Melki	33°29' N	35°29' E
Lebanon6	Rihane	33°26' N	35°33' E
Morocco1	Taza	33°59' N	4°07' W
Morocco2	Jerada	33°48' N	2°10' W
Morocco3	Taourirt	33°58' N	2°58' W
Morocco4	Khenifra	32°49' N	4°54' W
Morocco5	Sefrou	33°38' N	4°30' W
Morocco6	Boulemane	33°07' N	4°29' W
Mongolia1	Buren	46°34' N	105°13' E
Mongolia2	Khuld	45°15' N	105°30' E
Mongolia3	Manlai	44°22' N	107°17' E
Mongolia4	Zagiin us	44°35' N	106°38' E
Mongolia5	Dornogovi	46°16' N	108°51' E
Mongolia6	Burd	47°08' N	104°04' E
Kazakhstan1	Shet District	46°31' N	71°59' E
Kazakhstan2	Balkhash District	45°42' N	74°20' E
Kazakhstan3	Moiynkum District	45°02' N	73°55' E
Kazakhstan4	Moiynkum District	44°35' N	72°00' E
Kazakhstan5	Shet District	46°50' N	73°23' E
China1	Tibet	29°46' N	84°01' E
China2	Tibet	29°58' N	84°30' E
China3	Tibet	31°04' N	85°12' E
China4	Tibet	30°44' N	86°30' E
China5	Tibet	28°42' N	85°18' E
China6	Tibet	29°21' N	87°32' E

ISSR markerləri 41 tetraploid buğda nümunəsinin hər biri üçün amplifikasiya fraqmentlərinin varlığı (1) və ya yoxluğu (0) əsasında müəyyən edilmişdir. Nümunələr arasında genetik məsafəni təyin edən Cakkard oxşarlıq əmsalını hesablamaq üçün ISSR binar məlumat matrisindən istifadə olunmuşdur. Klaster analizi tam ilişkililik metodu əsasında NTSYS-pc [12], “principle component” analizi isə SPSS kompüter programından [14] istifadə olunmaqla aparılmışdır.

Cədvəl 2

Tədqiqatda istifadə olunmuş ISSR praymerlərinin nukleotid ardıcılıqları və birləşmə temperaturları

Praymerlər	Ardıcılığı (5'-3')	Birləşmə temperaturu (°C)
UBC818	(CA) ₈ G	54
UBC807	(AG) ₈ T	54
UBC808	(CA) ₇ G	54
UBC840	(GA) ₈ Y*T	54
UBC825	(AC) ₈ T	55
UBC848	(CA) ₈ R*G	54
UBC857	(AC) ₈ YG	57
UBC864	(ATG) ₆	53
UBC855	(AC) ₈ YT	56
UBC816	(CA) ₈ T	53
UBC 827	(AC) ₈ G	58
UBC 812	(GA) ₈ A	53
UBC 834	(AG) ₈ YT	55
UBC 844	(CT) ₈ RC	56
UBC 820	(GT) ₈ C	55

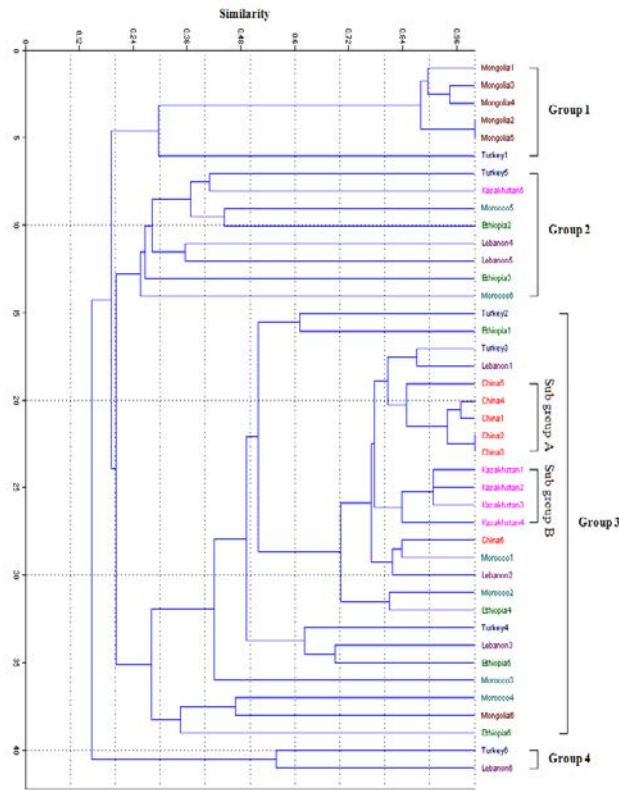
Qeyd: *Y - C və ya T, R - A və ya T nukleotidlərini ifadə edir.

Nəticələr və onların müzakirəsi

İlkin olaraq, 20 ISSR praymeri 41 buğda genotipində polimorf patternləri amplifikasiya etmək xüsusiyyətləri əsasında skrining olunmuşdur. Daha sonra onlar arasından bütün genotiplərdə aydın təzahür edən və yüksək səviyyədə təkrarlanan DNT fraqmentlərini amplifikasiya etmiş 15 praymer seçilmiş və analizlərə bu praymerlərlə amplifikasiya olunmuş ISSR markerləri daxil edilmişdir.

Tədqiqat obyektini kimi seçilmiş müxtəlif mənşəli bərk buğda genotipləri və populyasiyaları arasında filogenetik əlaqələri araşdırmaq məqsədilə tam ilişkililik metodunun (complete linkage method) tətbiqinə və ISSR binar göstəricilərinə əsaslanan Cakkard oxşarlıq matrisi tərtib etməklə “klaster” analizi aparılmışdır. UPGMA (unweighted pair group with arithmetic average - riyazi orta qiymətli ölçüsüz qrup cütü) metodu ilə müqayisədə tam ilişkililik metodu vasitəsilə əldə olunmuş dendroqram yüksək kofenetik korrelyasiyaya malik olmuş və qrupların zəncirvari şəkildə bir-birlərini qapaması (chaining – zəncirvarilik problemi) müşahidə olunmamışdır (şəkil 1). Tədqiqat olunmuş nümunələr oxşarlıq indeksinin I=0.24 qiymətində dörd fərqli qrupda klasterləşmişlər. Birinci qrup Monqolustan mənşəli beş, Türkiyə mənşəli bir genotipi cəmləmişdir. Qazaxıstan, Livan və Efiopiya mənşəli genotiplərlə yanaşı, Tür-

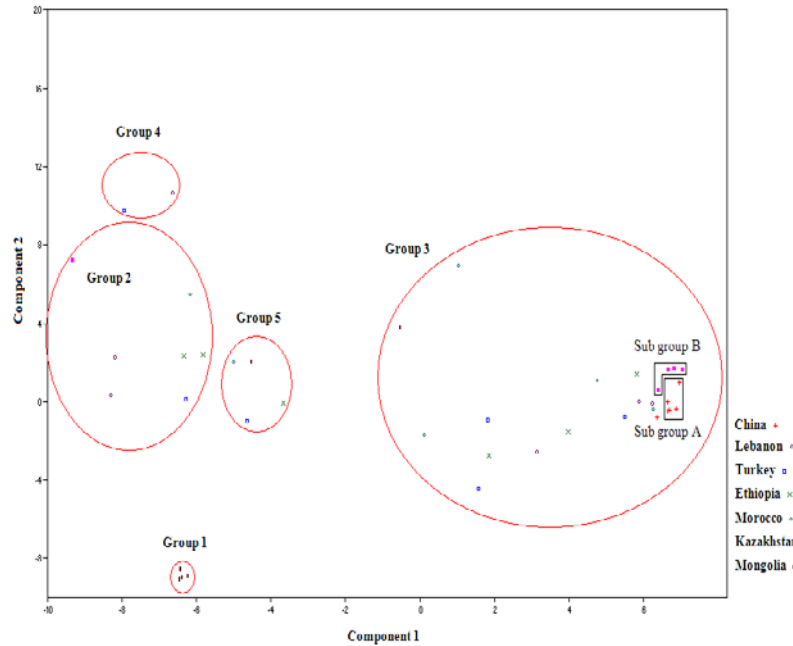
kiyə mənşəli bir, Mərakeş mənşəli iki nümunə isə ikinci klasterdə lokallaşmışdır. Çin mənşəli bərk buğda genotiplərinin 83%-dən çoxu üçüncü qrupda (A subqrupu) birləşdirilmişdir. Bu nəticə populyasiyalar daxilində nümunələrin olduqca yüksək oxşarlığından xəbər verir. Eyni nəticə Qazaxıstan mənşəli bərk buğda populyasiyası üçün də müşahidə olunmuşdur; belə ki, bu populyasiyanın beş genotipindən dördü üçüncü klasterin B subqrupunda qruplaşmışdır. Tədqiq olunan bütün genotiplərin 61%-ni cəmləyən üçüncü qrup A və B subqruplarından əlavə, Türkiyə mənşəli 2, 3, 4 nömrəli, Efiopiya mənşəli 1, 4, 5, 6 nömrəli, Livan mənşəli 1, 2, 3 nömrəli, Mərakeş mənşəli 1, 2, 3 və 4 nömrəli genotipləri, həmçinin Çin və Monqolustan mənşəli nümunələri əhatə edir. Dördüncü qrupa Türkiyə və Livan mənşəli 6 nömrəli genotiplər daxildir. Bu nümunələrin ayrıca qrupda yerləşməsi onlarla digər genotiplər arasındakı genetik məsafənin əhəmiyyətli dərəcədə böyük olduğunu göstərir.



Şəkil 1. ISSR markerləri əsasında müxtəlif mənşəli 41 bərk buğda genotipi arasında filogenetik əlaqəni əks etdirən dendrogram

Tədqiq olunan nümunələr “principle component” analiz metodunun tətbiqi ilə “scatter plot” (ikili müstəvi) tərtib edilməklə klassifikasiya olunmuşlar (şəkil 2). Klaster analizi ilə müqayisədə “principle component” analizi nəticəsində genotiplər dörd deyil, 5 qrup daxilində toplanmışsalar da, yalnız 4 genotip istisna olmaqla, “principle component” və klaster analiz qruplarının nü-

munə tərkibi eyni olmuşdur. Klaster analizi nəticəsində birinci qrupda lo-kallaşmış Türkiyə mənşəli 1 nömrəli, Monqolustan mənşəli 6 nömrəli və üçüncü qrupda yerləşmiş, Efiopiya mənşəli 6 nömrəli genotip “principle component” analizi nəticəsində beşinci qrupda birləşdirilmişdir. Beşinci qrupun digər nümayəndəsi olan 5 nömrəli genotip klaster analizi nəticəsində ikinci qrupda yerləşdirilmişdir.



Şəx. 2. Bərk buğda genotiplərinin ISSR markerləri əsasında tərtib olunmuş “scatter plot”

Seleksiyanın heç bir üsulu hibridləşmə qədər genetik müxtəlifliyin artırılmasında, yeni rekombinant variantların əldə olunmasında, kəmiyyət və keyfiyyət əlamətlərinin yaxşılaşdırılmasında effektiv deyildir. Həmçinin nəzərə almaq lazımdır ki, genetik uzaq iki individuumun çarpazlaşdırılması heterozis effektinin əmələ gəlməsinə səbəb olacaq genotiplərin yaranması ilə nəticələna bilər. “Klaster” analizinin əsas üstünlüklərindən biri genotiplər arasındakı genetik məsafələrin aşkarlanmasıdır. Nümunələr arasındakı genetik məsafələrə əsaslanmaqla, uğurlu çarpazlaşmalar üçün münasib valideyn formalarını identifikasiya etmək və üstün hibridlərin yaradılmasına nail olmaq mümkündür.

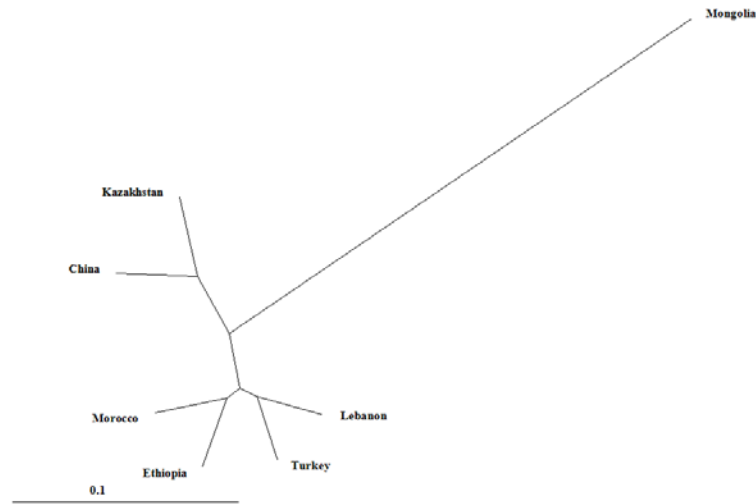
Nei genetik məsafə indeksinin qiymətləndirilməsi ilə populyasiyalar arasındakı genetik məsafələrin öyrənilməsi nəticəsində genetik məsafə indeksinin 0.06, 0.065 və 0.069-a bərabər qiymətləri əsasında, uyğun olaraq, Türkiyə və Livan, Efiopiya və Mərakeş, Efiopiya və Türkiyə mənşəli bərk buğda populyasiyalarının genetik cəhətdən olduqca yaxın, genetik məsafə indeksinin 0.445 və 0.441 qiymətləri əsasında isə uyğun olaraq, Monqolustan və Çin, Monqolustan və Qazaxıstan mənşəli buğda populyasiyalarının uzaq olması aşkar edildi (cədvəl 3). Ümumiyyətlə, populyasiyalar arasında yüksək genetik müx-

təliflik Monqolustan nümunələri ilə tədqiq olunan digər bərk buğda populyasiyaları arasında müəyyən edilmişdir (şəkil 3).

Cədvəl 3

ISSR markerləri əsasında tədqiq olunan populyasiyalar arasında təyin olunmuş Nei genetik məsafə indeksinin qiymətləri

Populyasiyalar	Çin	Efiopiya	Qazaxıstan	Livan	Monqolustan	Mərakeş	Türkiyə
Çin	0.000						
Efiopiya	0.149	0.000					
Qazaxıstan	0.071	0.106	0.000				
Livan	0.135	0.071	0.121	0.000			
Monqolustan	0.455	0.225	0.441	0.258	0.000		
Mərakeş	0.115	0.065	0.093	0.081	0.282	0.000	
Türkiyə	0.175	0.069	0.122	0.060	0.207	0.096	0.000



Şəkil 3. ISSR markerlərinin polimorfizmi əsasında bərk buğda populyasiyaları arasında genetik məsafəni göstərən dendrogram

ISSR markerlərinin polimorfizmi əsasında populyasiyalar daxilində genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi nəticəsində ən yüksək genetik müxtəlifliyin, genetik müxtəliflik indeksinin 0.810-a bərabər qiyməti və patternlərin 5.67-ə bərabər orta qiyməti əsasında Afrika mənşəli bərk buğda genotiplərinə (Mərakeş və Efiopiya) məxsusluğu müəyyən edildi. Həmçinin Türkiyə və Livan nümunələri genetik müxtəliflik indeksinin, uyğun olaraq, 0.806 və 803-ə bərabər qiymətləri, həmçinin patternlərin 5.67 və 5.47-ə bərabər orta qiymətləri əsasında genetik müxtəlifliyi yüksək olan populyasiyalardır. Beləliklə, Afrika və qərbi Asiyadan şərqə Asiyaya doğru hərəkət etdikcə populyasiyaların genetik müxtəlifliyinin əhəmiyyətli dərəcədə daraldığı müşahidə olunur (cədvəl 4). Belə ki, Qazaxıstan və Monqolustan mənşəli bərk buğda nümunələri müxtəliflik indeksinin, uyğun olaraq, 0.549 və 0.414-ə bərabər, patternlərin isə uyğun olaraq, 3.13 və 2.53-ə bərabər orta qiymətləri əsasında Afrika və qərbi

Asiya mənşəli buğda populyasiyaları ilə müqayisədə nisbətən zəif müxtəlifliklə səciyyələnilir. Həmçinin Çin kimi uzaq şərqə Asiyaya məxsus olan nümunələr müxtəliflik indeksinin 0.348-ə, patternlərin 2.27-ə bərabər orta qiymətləri əsasında ən zəif müxtəlifliklə seçilmişlər.

Cədvəl 4

7 coğrafi bölgəyə məxsus bərk buğda populyasiyaları daxilində genetik müxtəlifliyi təyin edən ISSR patternlərinin sayı

Markerlər	Türkiyə		Livən		Mərakeş		Efiopiya		Çin		Monqolustan		Qazaxıstan	
	PS	GM	PS	GM	PS	GM	PS	GM	PS	GM	PS	GM	PS	GM
UBC818	6	0.832	5	0.777	6	0.832	6	0.832	2	0.278	2	0.278	4	0.72
UBC807	4	0.666	6	0.832	6	0.832	4	0.666	3	0.499	2	0.278	2	0.32
UBC808	6	0.832	6	0.832	6	0.832	6	0.832	3	0.499	2	0.278	3	0.56
UBC840	6	0.832	6	0.832	6	0.832	6	0.832	4	0.722	3	0.611	5	0.8
UBC825	6	0.832	5	0.777	5	0.777	6	0.832	3	0.499	2	0.278	2	0.32
UBC848	6	0.832	5	0.777	5	0.777	5	0.777	1	0.000	3	0.499	2	0.32
UBC857	5	0.777	5	0.777	6	0.832	6	0.832	2	0.278	2	0.278	2	0.32
UBC864	6	0.832	5	0.777	6	0.832	6	0.832	2	0.278	3	0.499	4	0.72
UBC855	6	0.832	6	0.832	6	0.832	6	0.832	2	0.278	3	0.499	4	0.72
UBC816	6	0.832	5	0.777	4	0.666	5	0.777	2	0.444	3	0.611	4	0.72
UBC827	6	0.832	6	0.832	5	0.777	6	0.832	1	0.000	2	0.278	3	0.56
UBC812	6	0.832	6	0.832	6	0.832	6	0.832	2	0.278	4	0.666	3	0.56
UBC834	4	0.666	5	0.777	6	0.832	5	0.777	2	0.278	2	0.278	2	0.32
UBC844	6	0.832	5	0.777	6	0.832	6	0.832	2	0.278	2	0.278	3	0.56
UBC820	6	0.832	6	0.832	6	0.832	6	0.832	3	0.611	3	0.611	4	0.72
Orta	5.67	0.806	5.47	0.803	5.67	0.810	5.67	0.810	2.27	0.348	2.53	0.414	3.13	0.549

Qeyd: PS-patternlərin sayını, GM-genetik müxtəliflik indeksini ifadə edir.

Məlumdur ki, böyük genetik müxtəliflik nümunələrin mənşə və mədəniləşdirmə mərkəzlərində mövcud ola bilər. Hələ keçən əsrdə Vavilov apardığı tədqiqatları nəticəsində Orta, Yaxın Şərqə məxsus regionların və Şimali Afrika ərazilərinin bərk buğda nümunələrinin mənşə və müxtəliflik mərkəzləri olduğunu göstərmişdir [15]. Yuxarıda sadalanan dəlillərə əsaslanaraq, Şərqi Asiya ərazilərinin bərk buğda nümunələrinin mühüm müxtəliflik mərkəzlərindən biri olmasını iddia etmək qeyri-mümkündür. Əksinə, cari tədqiqatın nəticələri molekulyar-genetik səviyyədə Qərbi Asiyadakı ərazilərin (Münbit Aypara), həmçinin şimali və şərqə Afrika ərazilərinin, ehtimal olunduğu kimi, buğda bitkisinin əsas müxtəliflik mərkəzlərindən olduqlarını təsdiqləyir.

ƏDƏBİYYAT

1. Al-Fares H., Abu-Qaoud H. Molecular Characterization of Genetic Diversity in some Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.) in Palestine // African Journal of Biotechnology. 2012, v. 11, p. 12958-12963.
2. Bertini C.H.C.M., Schuster I., Sedyama T., Barros E.G., Moreira M.A. Characterization and Genetic Diversity Analysis of Cotton Cultivar using Microsatellite // Genet Mol Biol. 2006, v. 29, p.321-329.
3. Cao W.G., Hucl P.S.G., Chibbar R.N. Genetic Diversity within Spelta and Macha Wheats based on RAPD Analysis // Euphytica, 1998, v. 104, p.181-189.
4. Dellaporta S.L., Wood J., Hicks J.B. A plant DNA Mini-Preparation: Version II // Plant Mol. Biol. Rep. 1983, v.1, p. 19.
5. Ercan S., Ertugrul F., Aydin Y., Akfirat F.S., Hasancebi S., Akan K., Mert Z., Bolat N., Yorgancilar O., Altinkut-Uncuoglu A. An EST-SSR Marker linked with Yellow Rust Resistance in Wheat // Biol. Plantarum. 2010, v. 54, p.691-696.
6. Karakas O., Gurel F., Uncuoglu A.A. Exploiting a wheat EST Database to Assess Genetic

- Diversity // Genet. Mol. Biol. 2010, v. 33, p.719-730.
7. Maccaferri M., Sanguineti M.C., Donini P., Tuberosa R. Microsatellite Analysis Reveals a Progressive Widening of the Genetic Basis in the Elite Durum Wheat Germplasm // *Theor. Appl. Genet.* 2003, v. 107, p. 783–797.
 8. Milligan B.G., Leebens-Mack J., Strand A.E. Conservation Genetics: Beyond the Maintenance of Marker Diversity // *Molecular Ecology.* 1994, v. 3, p. 423-435.
 9. Murashige T., Skoog F. A Revised Medium for Rapid Growth and Bioassays with Tobacco Tissue Cultivars // *Physiol. Plant.* 1962, v.15, p.437-497.
 10. Peng J.H. Sun D. Nevo E. Domestication Evolution, Genetics and Genomics in Wheat // *Mol. Breed.* 2011, v. 28, p. 281–301.
 11. Ren J., Sun D., Chen L., You F.M., Wang J., Peng Y., Nevo E., Sun D., Luo M.C., Peng J. Genetic Diversity Revealed by Single Nucleotide Polymorphism Markers in a Worldwide Germplasm Collection of Durum wheat // *International Journal of Molecular Sciences.* 2013, 14, p. 7061-7088.
 12. Rohlf F.J. 2000. NTSYS-pc ver. 2.02 Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Software, Setauket, nY.
 13. Roder M.S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leroy P., Ganal M.W. A microsatellite Map of wheat // *Genetics.* 1998, v. 149, p.2007–2023.
 14. SPSS Inc., 2008. SPSS 16 for Windows, SPSS User’s guide. SPSS Inc, Chicago, IL. USA.
 15. Vavilov N.I. Phytogeographic basis of Plant Breeding: The Origin, Variation, Immunity and Breeding of Cultivated Plants // *Chronica Bot.* 1951, v. 13, p. 1–366.

**ИЗУЧЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ МЕЖДУ ГЕНОТИПАМИ
ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ РАЗЛИЧНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ
НА ОСНОВЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ**

**Г.А.ШИХСЕИДОВА, Р.А.КУЛИЕВ,
Дж.М.ОДЖАГИ, С.Дж.САЛАЕВА, Э.М.АХУНДОВА**

РЕЗЮМЕ

Для получения объективной картины генетического разнообразия твердой пшеницы и изучения процессов его формирования использовалась молекулярно-маркерная технология, в частности, ISSR маркеры. Объектом изучения явились генотипы тетраплоидной пшеницы различного происхождения (Турция, Марокко, Эфиопия, Ливан, Казахстан, Китай, Монголия). На основе амплифицированных ядерных геномных фрагментов с 15 ISSR праймерами определялось генетическое сходство и генетическое расстояние между генотипами. При помощи «кластерного» и «principle component» анализа амплифицированных ISSR фрагментов было выявлено, что генетическое разнообразие растений соответствует их географическому распространению. Растения пшеницы сгруппировались, соответственно, их географическому распространению, т.е. были выявлены филогенетические связи между генотипами. Сравнительное изучение генетического разнообразия географически разных популяций твердой пшеницы, на основе ISSR паттернов с учетом индекса генетического разнообразия, показало более высокий уровень генетического разнообразия в популяциях Турции, Ливана, Марокко и Эфиопии. Установленный высокий полиморфизм популяций твердой пшеницы в этих регионах позволяет подтвердить ранее выдвинутую гипотезу о первичном центре происхождения твердой пшеницы.

Ключевые слова: *Triticum durum*, ISSR маркеры, “кластер” и “principle component” анализы, генетическое разнообразие, географическая и генетическая дифференциация

**INVESTIGATION OF PHYLOGENY BETWEEN DURUM WHEAT ACCESSIONS
FROM DIFFERENT ORIGINS BY MOLECULAR MARKERS**

**G.A.SHIKHSEYIDOVA, R.A.GULIYEV, J.M.OJAGHI,
S.J.SALAYEVA, E.M.AKHUNDOVA**

SUMMARY

The paper analyzes the phylogeny of 41 durum wheat accessions from Morocco, Ethiopia, Turkey, Lebanon, Kazakhstan, China, and Mongolia through amplified ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) fragments of nucleus genome. The cluster and principle component analysis of ISSR markers indicated that the observed genetic diversity in wheat material under study is geographically structured. The results also indicated that the genetic diversity index based on ISSR markers was higher for Turkey, Lebanon, Morocco, and Ethiopia accessions than for other countries. The high level of polymorphism in these collections of durum wheat would agree with the suggestion that Fertile Crescent and some parts of Africa are first possible diversity centres for this crop.

Key words: *Triticum durum*, ISSR markers, cluster and principle component analysis, genetic diversity, geographical and genetic differentiation

Redaksiyaya daxil oldu: 06.02.2015-ci il
Çapa imzalandı: 21.04.2015-ci il.