



ՀՏԴ 635,21:631.52

doi: 10.52276/25792822-2024.3-232

ԿԱՐՏՈՖԻԼԻ ՈՐՈՇ ՍՈՐՏԵՐԻ ԳԵՆԵՏԻԿԱԿԱՆ ԲԱԶՄԱԶԱՆՈՒԹՅՈՒՆՆ ԸՍՏ ԿԵՆՍԱԶԵՄԻԱԿԱՆ ԵՎ ՄՈԼԵԿՈՒԼԱՅԻՆ ՄԱՐԿԵՐՆԵՐԻ

Մանվել Բադալյան^{ID} գ.գ.թ., Տաթևիկ Ալոյան^{ID} Կ.գ.թ., Անդրեաս Մելիքյան^{ID} գ.գ.դ.

ՀԱԱՀ Ագրոկենսաստեխնոլոգիայի գիտական կենտրոն

badalyan.manvel@mail.ru, tatevaloyan22@gmail.com, a_melikyan@yahoo.com

ՏԵՂԵԿՈՒԹՅՈՒՆ

Բանալի բառեր՝

ՂՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատված,
էլեկտրաֆորեզային սպեկտր,
կարտոֆիլ,
ռեստրիկտազ,
սպիտակուցային բանաձև

ԱՄՓՈՓԱԳԻՐ

Գյուղատնտեսության զարգացման ներկայիս փուլում, երբ առաջնային խնդիրներ են մշակաբույսերի նոր սորտերի ստացումը և գոյություն ունեցողների կատարելագործումը, դասական սելեկցիայի հետ մեկտեղ կիրառվում են նորագույն տեխնոլոգիաներ, այդ թվում՝ մոլեկուլային մարկերներ ու գենետիկական տրանսֆորմացիաներ: Սույն հետազոտության շրջանակում ուսումնասիրվել է Հայաստանում մշակվող կարտոֆիլի երեք արժեքավոր սորտերի ներսորտային և միջսորտային բազմազանությունը: Գիտափորձերի արդյունքները որպես գենետիկական մարկերներ կարող են կիրառվել նշված սորտերի նույնականացման, անձնագրավորման, ինչպես նաև ճյուղում իրականացվող մարկերային սելեկցիայի ժամանակ:

Նախաբան

Կարտոֆիլը (*Solanum tuberosum* L.) ($2n=4x=48$) մորմազգիների (*Solanaceae*) ընտանիքի ավտոտետրապլոիդ տեսակ է: Գենոմի միջին մեծությունը 3,1 Գբ է (Kui, et al., 2022): Որպես համաշխարհային նշանակության պարենային մշակաբույս՝ այն արտադրական ծավալներով զբաղեցնում է չորրորդ տեղը ցորենից, բրնձից և եգիպտացորենից հետո (Zhang, et al., 2017): Ներկայումս ամբողջ աշխարհում մշակվում են 18-20-րդ դարերում ստացված ավելի քան 7000 սելեկցիոն սորտեր (Bradshaw, 2016, van Berloo, et al., 2008):

Երկրագնդի կլիմայական փոփոխությունները, շարունակական անապատացումը, վարելահողերի կրճատումը, բնակչության թվի շարունակական աճն ու սննդամթերքի որակին ներկայացվող պահանջներն առաջացնում են մշակաբույսերի սորտերին ներկայացվող նոր պահանջներ,

որոնց լուծումը դասական սելեկցիայի միջոցով գործնականում անհնար է, քանի որ, առաջնորդվելով ֆենոտիպային մի քանի հատկանիշներով, հնարավոր չէ կարճ ժամանակահատվածում ստեղծել արհեստիկ սթրեսների նկատմամբ կայուն, բարձր բերքատվությամբ, օտարածին գեներ չպարունակող կարտոֆիլի նոր սորտեր կամ կատարելագործել գոյություն ունեցողները (Beketova, et al., 2021, Gupta, 2019, Бажко, 2022): Խնդիրն այն է, որ սորտը, որպես ոչ միատարր գենետիկական համակարգ, դժվարացնում է խիստ որոշակի ուղղությամբ տարվող սելեկցիոն գործընթացը (Napier, et al., 2023): Հաճախ միևնույն գենոտիպ ունեցող օրգանիզմներին, ըստ միջավայրային գործոնների, բնորոշ են տարբեր դրսևորումներ: Նույն սորտի բույսերը միևնույն միջավայրի պայմաններում տարբերվում են իրարից, ինչը բացատրվում է նրանով, որ սորտը, որպես ոչ միատարր գենետիկական կառուցվածք ունեցող համակարգ, մի շարք կենսատնտեսական ցուցանիշներով

բազմազան է, ինչն էլ նվազեցնում է որևէ կոնկրետ հատկանիշի առումով սելեկցիայի վարման արդյունավետությունը (Gavrilenko, et al., 2021, Gebhardt, 2023):

Գյուղատնտեսության զարգացման ներկայիս փուլում, երբ բնակչության և արտադրության պահանջներին համապատասխան մշակաբույսերի նոր սորտերի ստացումը և գոյություն ունեցողների կատարելագործումն առաջնային խնդիրներ են, դասական սելեկցիայի հետ մեկտեղ կիրառվում են նորագույն տեխնոլոգիաներ՝ ներառյալ մոլեկուլային մարկերներն ու գենետիկական տրանսֆորմացիաները, միաժամանակ կարևորվում է գյուղատնտեսական մշակաբույսերի էքսպրեսիայի ենթարկվող գեների բազայի ստեղծումը (Shanina, Likhodeyevsky, 2021, Sharma, et al., 2013, Колосова и др., 2017):

Գենետիկական բազմաձևության գնահատման նպատակով մեր կողմից կիրառվել են սպիտակուցային (11S-գլոբուլինի սպիտակուցային բանաձևն ու էլեկտրաֆորեզային սպեկտրը) և ԴՆԹ (RFLP) մարկերներ:

11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրը և ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների պոլիմորֆիզմը (RFLP) որպես մարկեր կարելի է օգտագործել սորտերի նույնականացման և ճյուղում իրականացվող մոլեկուլային սելեկցիայի գործընթացում:

Սույն հետազոտության շրջանակում ուսումնասիրվել է Հայաստանում մշակվող կարտոֆիլի երեք արժեքավոր սորտերի ներսորտային և միջսորտային բազմազանությունը: Արդյունքները որպես թեստ կարող են կիրառվել նշված սորտերի նույնականացման և մարկերային սելեկցիայի ժամանակ:

Նյութը և մեթոդները

Փորձերը կատարվել են 2024 թվականին (2 փուլով) Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարանի «Ագրոկենսատեխնոլոգիայի գիտական կենտրոն» մասնաճյուղի Կենսաբանական հետազոտությունների լաբորատորիայում: Որպես փորձամուշ օգտագործվել են Հայաստանում կարտոֆիլի մշակությունում տարածված Իմպալա, Արիզոնա և Մադելինե սորտերը:

Առաջին փուլ: Յուրաքանչյուր սորտի համար մարկերավորումը կատարվել է ըստ 11S-գլոբուլին պահեստային սպիտակուցի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրի: 11S-գլոբուլինն անջատվել է յուրաքանչյուր սորտի հաշվով: Էլեկտրաֆորեզն իրականացվել է Դեյվիսի մեթոդով՝ 12,5 %-անոց պոլիակրիլամիդային հեղի վրա (Davis, 1964), գերմանական Biometra ֆիրմայի Multigel-long ֆորեզի ապարատով (աղ. 1):

Ֆորեզի ավարտից հետո հեղը 60 րոպե տևողությամբ ֆիքսվել է էթանոլ, քացախաթթու, թորած ջուր (40:10:60) լուծույթում, որից հետո 30-60 րոպե ներկվել է Կոմմասի G-250 ներկով, այնուհետև 3 անգամ լվացվել բուֆերային (10 %-անոց քացախաթթվի) լուծույթով: Ֆորեզի արդյունքները համեմատվել են 11S-գլոբուլինի էտալոնային սպեկտրի հետ:

Էլեկտրաֆորեզային սպեկտրների հանդիպման հաճախականությունը հաշվարկվել է հետևյալ բանաձևով.

$$P_i = \frac{n}{N},$$

որտեղ P_i -ն սպեկտրների հաճախականությունն է, n -ը՝ տվյալ սպեկտրը ունեցող բույսերի թիվը, N -ը՝ հետազոտվող բույսերի ընդհանուր թիվը:

Երկրորդ փուլ: Իրականացվել են մոլեկուլային-կենսաբանական հետազոտություններ: Ուսումնասիրվող սորտերի էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բույսերից ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածներ ստանալու և որպես RFLP մարկեր օգտագործելու նպատակով կատարվել են գումարային ԴՆԹ-ի անջատում, ԴՆԹ-ի կոնցենտրացիայի ստուգում, ռեստրիկցիա, լիգերիզացիա և էլեկտրաֆորեզ:

Ուսումնասիրվող սորտերի գումարային ԴՆԹ-ն անջատվել է SDS մեթոդով՝ համաձայն ուղեցույցի (Надугтов и др., 2007): Նմուշներում ԴՆԹ-ի կոնցենտրացիան որոշվել է NanoDrop One սպեկտրալուսաչափով: Գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիան կատարվել է ռեստրիկցիոն խառնուրդի (2 մկլ 10x համապատասխան ռեստրիկցիոն բուֆեր, 5 մկլ նուկլեինաթթուներ չպարունակող դեիոնազերծված ջուր, 2 մկլ ԴՆԹ-ի նմուշ, 1 մկլ (5 միավոր/մկլ) ռեստրիկտազ) պատրաստմամբ: Վերջինս 5 ժամ տևողությամբ ինկուբացվել է 37 °C-ի պայմաններում: Անհրաժեշտության դեպքում ռեստրիկցիան դադարեցվել է ռեստրիկցիոն խառնուրդին 1 մկլ 0,5 M տոլուոլ Բ ($pH=7,5$) ավելացնելով:

Աղյուսակ 1. 11S-գլոբուլին սպիտակուցի էլեկտրաֆորեզի համար անհրաժեշտ պայմանները*

Սպիտակուց	Հել, %	Հեղի երկարությունը, սմ	Նմուշի տիտրը	Բուֆեր		Հոսանքի լարումը, V	Ֆորեզի տևողությունը, ժամ
				հեղային	էլեկտրոդային		
11S-գլոբուլին	12,5	12	1:1	0,05 M տրիս-HCl, $pH=8,8$	0,025 M տրիս-գլիցին, $pH=8,3$	230	1,5

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հերթականությունը որոշելու և քարտեզներ կազմելու համար, երբ անհրաժեշտ է եղել գումարային ԴՆԹ-ն տրոհել միանգամից երկու ռեստրիկցիոն ֆերմենտներով, կիրառվել է Տանգո ունիվերսալ բուֆերը: Գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների էլեկտրաֆորեզային տարանջատումը կատարվել է 0,8 %-անոց ազարոզային հելի վրա, գերմանական Biometra ֆիրմայի Compact M էլեկտրաֆորեզի ապարատի միջոցով:

Արդյունքները և վերլուծությունը

Կարտոֆիլը, որպես խաչածառ փոշոտվող մշակաբույս, առանձնանում է բարձր գենետիկական և կենսաքիմիական փոփոխականություններով սորտերի բազմազանությամբ, որոնք դիտվում են որպես բարդ պոպուլյացիաներ: Գենետիկական բազմազանության աստիճանը հնարավոր է գնահատել, եթե հայտնի են սպիտակուցային բանաձևերը և պոպուլյացիաներում դրանց հանդիպման հաճախականությունը (Այառա, 1984): 11S-գլոբուլինի բազմազանությունը, որպես սպիտակուցի կենսաբանական առանձնահատկություն, դրսևորվում է էլեկտրաֆորեզի արդյունքում. պոլիպեպտիդների բանակով և էլեկտրա-

ֆորեզային շարժողականությամբ են պայմանավորում գենոտիպերի առանձնահատկություններն ու ծագումը (Barta, et al., 2003):

Կարտոֆիլի Իմպալա, Արիզոնա և Մադեյինե սորտերի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրը համեմատվել է 11S-գլոբուլինի գումարային կամ էտալոնային սպեկտրի հետ, ինչի արդյունքում վերծանվել են նշված սորտերի սպիտակուցային բանաձևերը և դրանց հանդիպման հաճախականությունը (աղ. 2):

Սպիտակուցային բանաձևում յուրաքանչյուր պոլիպեպտիդի ինտենսիվությունը գնահատվել է բալերով. բարձր ինտենսիվությունը՝ 3 բալ, ցածր ինտենսիվությունը՝ 1 բալ:

Կարտոֆիլի Իմպալա (*Im*) սորտի դեպքում գրանցվել են 11S-գլոբուլինի 4 տարբեր էլեկտրաֆորեզային սպեկտրներ, որոնք պայմանականորեն նշանակվել են *Im*₁, *Im*₂, *Im*₃ և *Im*₄: *Im*₁ սպեկտրի դեպքում պոլիպեպտիդների ընդհանուր բանակը կազմում է 17, սպիտակուցային բանաձևն է՝ 1, 2, 3, 5, 6, 7, 9, 10, 12, 14, 15, 16, 17, 20: Ընդ որում՝ ընտրյալ խմբում այս սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը կազմում է 0,18 կամ 18 %:

Աղյուսակ 2. Կարտոֆիլի Իմպալա, Արիզոնա և Մադեյինե սորտերի բնութագիրն ըստ 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրի*

Սորտեր	Սպեկտրի տիպը	Հանդիպման հաճախականությունը, %	Ֆրակցիաների թիվը	Սպիտակուցային բանաձևերը																								
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
Իմպալա (<i>Im</i>)	<i>Im</i> ₁	0,18	14	1	1	1		1	1	1		1	2		1		3	3	3	3			3					
	<i>Im</i> ₂	0,23	11		2			2			2	2	1	2		3		3		1		2				1		
	<i>Im</i> ₃	0,31	11		1	1		1			1	1		1	1	3	3				3						2	
	<i>Im</i> ₄	0,28	12	1		1		1		2		2		1	2		3	3	1		2			3				
Արիզոնա (<i>Az</i>)	<i>Az</i> ₁	0,40	6				2					2								3				3		2	2	
	<i>Az</i> ₂	0,16	6		2					2							3				2	2	1					
	<i>Az</i> ₃	0,44	6									1			2					1	1					2	2	
Մադեյինե (<i>Ma</i>)	<i>Ma</i> ₁	0,28	6				1			1	1					3	2	2										
	<i>Ma</i> ₂	0,31	10			1						2		3	3		2	2			1		3	3		1		
	<i>Ma</i> ₃	0,11	7			2					2					3		2	2	2						1		
	<i>Ma</i> ₄	0,21	8	1		3		2	3			1				3	2			3								
	<i>Ma</i> ₅	0,09	8		2			2			1				3		3	3	2					1				

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Im_2 սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը 23 % է, պոլիպեպտիդների ընդհանուր քանակը կազմում է 11, ձևավորվել է հետևյալ սպիտակուցային բանաձևը՝ 2, 5, 8, 9, 10, 11, 13, 15, 17, 19, 23: Պոլիպեպտիդները հիմնականում գնահատվել են որպես ինտենսիվ և առավել ինտենսիվ: Im_3 սպեկտրը, ինչպես նախորդը, կազմված է 11 պոլիպեպտիդներից, 11S-գլոբուլինի սպիտակուցային բանաձևն է՝ 2, 3, 5, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 18, 24: Կարտոֆիլի Իմպալա սորտի ուսումնասիրվող խմբում Im_3 սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը ամենաբարձրն է՝ 0,31 կամ 31 %: Im_4 սպեկտրը կազմված է 12 պոլիպեպտիդներից, սպիտակուցային բանաձևն է՝ 1, 3, 5, 7, 9, 11, 12, 14, 15, 16, 18, 21: Հանդիպման հաճախականությունը նույնպես բարձր է՝ 0,28 %:

Կարտոֆիլի Իմպալա սորտի 11S-գլոբուլին պահեստային սպիտակուցն ընտրյալ խմբում ձևավորել է հանդիպման բարձր (0,18-0,31 %) հաճախականությամբ 4 տիպի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրներ: Այս սորտն առանձնանում է նաև ընդհանուր մեծ թվով (48) պոլիպեպտիդների առկայությամբ, որոնցից 48 %-ը գնահատվել է որպես ցածր ինտենսիվության, 23 %-ը՝ ինտենսիվ, 29 %-ը՝ բարձր ինտենսիվության:

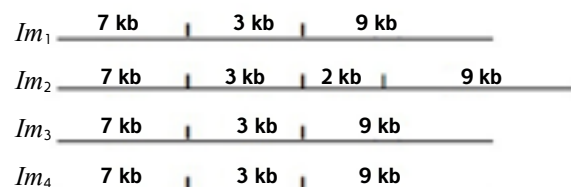
Կարտոֆիլի Արիզոնա (Az) սորտի 11S-գլոբուլին պահեստային սպիտակուցն ընտրյալ խմբում ձևավորել է 3 տիպի էլեկտրաֆորեզային սպեկտր (Az_1 , Az_2 , Az_3), որոնց հանդիպման հաճախականությունը տատանվում է 0,16-0,44 սահմանում, պոլիպեպտիդների ընդհանուր քանակը կազմում է 18 (յուրաքանչյուր տիպի դեպքում՝ 6), որոնցից 22 %-ը գնահատվել է որպես ցածր, 55,5 %-ը՝ բարձր, 22,5 %-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Az_1 սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունն ընտրյալ խմբում 40 % է, կազմված է 6 պոլիպեպտիդներից, սպիտակուցային բանաձևն է՝ 4, 9, 16, 21, 23, 24: Ընդ որում պոլիպեպտիդների 63 %-ը գնահատվել է որպես բարձր, 37 %-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Az_2 սպեկտրը նույնպես կազմված է 6 պոլիպեպտիդներից, որոնցից 63 %-ը բարձր, 18,5 %-ը՝ ցածր, 18,5 %-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության են, սպիտակուցային բանաձևն է՝ 2, 7, 14, 18, 19, 20: Az_3 տիպի սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունն Արիզոնա սորտի ընտրյալ խմբում կազմում է 16 %: Az_3 տիպի սպեկտրը, ինչպես Az_1 -ը և Az_2 -ը, կազմված է 6 պոլիպեպտիդներից, որոնցից 3-ը գնահատվել են որպես ցածր, 3-ը՝ բարձր ինտենսիվության: Az_3 տիպի սպեկտրի 11S-գլոբուլինի սպիտակուցային բանաձևն է՝ 9, 12, 17, 18, 24, 25: Սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը կարտոֆիլի Արիզոնա սորտի ընտրյալ խմբում կազմում է 44 %, ի դեպ, այս ցուցանիշն ամենաբարձրն է ուսումնասիրված բոլոր սորտերի տարբեր էլեկտրաֆորեզային տիպերում:

Կարտոֆիլի Մադելինե (Ma) սորտը 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային տիպով ամենաբազմազանն է. այն կազմված է 5 տարբերակներից՝ Ma_1 , Ma_2 , Ma_3 , Ma_4 , Ma_5 : Ma_1 -ի 6 պոլիպեպտիդներից 3-ը գնահատվել են որպես

ցածր, 2-ը՝ բարձր, 1-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Սպիտակուցային բանաձևն է՝ 4, 7, 8, 13, 14, 15: Սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը կազմում է 0,28: Ma_2 -ի 10 պոլիպեպտիդներից 3-ը գնահատվել են ցածր, 3-ը՝ բարձր, 4-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Սպեկտրի հանդիպման հաճախականությունը կարտոֆիլի Մադելինե սորտի ընտրյալ խմբում կազմում է 31 %, ինչն այս սորտի տարբերակների ամենաբարձր ցուցանիշն է: Ձևավորվել է հետևյալ բանաձևը՝ 3, 9, 11, 12, 14, 15, 18, 20, 21, 24: Ma_3 տարբերակի հանդիպման հաճախականությունը կազմում է 11 %, պոլիպեպտիդների ընդհանուր քանակը՝ 7, որոնցից 1-ը գնահատվել է ցածր, 5-ը՝ բարձր, 1-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Սպիտակուցային բանաձևն է՝ 3, 8, 13, 15, 16, 17, 23: Ma_4 սպեկտրի 8 պոլիպեպտիդների 25 %-ը գնահատվել է ցածր, 25 %-ը՝ բարձր, 50 %-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության: Ձևավորվել է հետևյալ սպիտակուցային բանաձևը՝ 1, 3, 5, 6, 9, 13, 14, 17: Հանդիպման հաճախականությունը կազմում է 21 %: Ma_5 տարբերակի 0,03 հանդիպման հաճախականությունն ուսումնասիրված բոլոր տարբերակների ամենացածր ցուցանիշն է: Ինչպես Ma_4 տարբերակը, այս տարբերակը նույնպես կազմված է 8 պոլիպեպտիդներից, որոնցից 2-ի ինտենսիվությունը գնահատվել է ցածր, 3-ինը՝ բարձր, 3-ինը՝ առավել բարձր: Սպիտակուցային բանաձևն է՝ 2, 5, 8, 12, 14, 15, 16, 21:

Ընդհանուր առմամբ կարտոֆիլի Մադելինե սորտի 11S-գլոբուլին պահեստային սպիտակուցը էլեկտրաֆորեզային դաշտում ձևավորել է 5 տիպի սպեկտր, որոնց հանդիպման հաճախականությունը տատանվում է առավելագույնը՝ 0,31 (Ma_2), նվազագույնը՝ 0,03 (Ma_5) սահմաններում: Պոլիպեպտիդների ընդհանուր թիվը կազմում է 39. առավելագույնը՝ 10 (Ma_2), նվազագույնը՝ 6 (Ma_1), որոնց 28 %-ը գնահատվել է ցածր, 38,5 %-ը՝ բարձր, 33,5 %-ը՝ առավել բարձր ինտենսիվության:

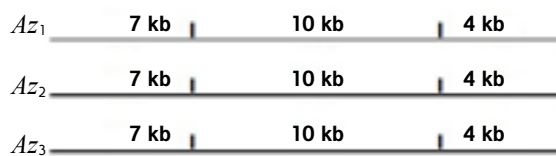
Կարտոֆիլի Իմպալա սորտի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բույսերի (Im_1 , Im_2 , Im_3 , Im_4) գումարային ՂԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը ներկայացված է նկար 1-ում:



Նկ. 1. Կարտոֆիլի Իմպալա սորտի գումարային ՂԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը (կազմվել է հեղինակների կողմից):

ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն քարտեզի վերլուծության համաձայն՝ սպեկտրի Im_1 , Im_2 և Im_4 տարբերակներ ունեցող բույսերի գումարային ԴՆԹ-ն պարունակում է *EcoR* I ռեստրիկտազային ճանաչելի երկու ռեստրիկցիոն սայտեր և առաջացնում է 7, 3 և 9 կբ երկարությամբ հատվածներ: Im_2 էլեկտրաֆորեզային սպեկտր ունեցող բույսերի գումարային ԴՆԹ-ն պարունակում է *EcoR* I ֆերմենտին ճանաչելի երեք ռեստրիկցիոն սայտեր և առաջացնում է 7, 3, 2 և 9 կբ երկարությամբ հատվածներ: Այս տարբերակում գենոմը պարունակում է 2 կբ երկարությամբ մուտացիոն հատված, ինչը բացակայում է մյուս էլեկտրաֆորեզային սպեկտր ունեցող բույսերի ռեստրիկցիոն քարտեզում:

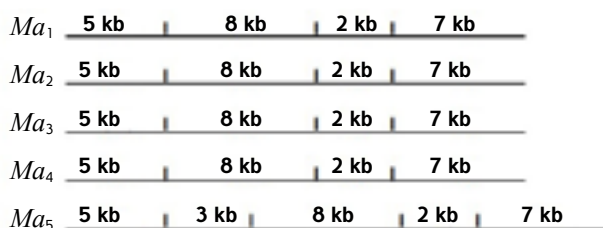
Կարտոֆիլի Արիզոնա սորտի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բույսերի (Az_1 , Az_2 , Az_3) գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը ներկայացված է նկար 2-ում:



Նկ. 2. Կարտոֆիլի Արիզոնա սորտի գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը (կազմվել է հեղինակների կողմից):

Ըստ նկար 2-ի՝ էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բոլոր բույսերի գումարային ԴՆԹ-ն պարունակում է *EcoR* I ռեստրիկտազային ճանաչելի 2 ռեստրիկցիոն սայտ և առաջացնում է 7, 10 և 4 կբ երկարությամբ ռեստրիկցիոն հատվածներ:

Կարտոֆիլի Մադելինե սորտի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրի Ma_1 , Ma_2 , Ma_3 , Ma_4 , Ma_5 տարբերակներ ունեցող բույսերի գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը ներկայացված է նկար 3-ում:



Նկ. 3. Կարտոֆիլի Մադելինե սորտի գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը (կազմվել է հեղինակների կողմից):

Նկար 3-ից ակնհայտ է, որ սպեկտրի Ma_1 , Ma_2 , Ma_3 , Ma_4 տարբերակներ ունեցող բույսերի գենոմային ԴՆԹ-ն պարունակում է *EcoR* I ֆերմենտին ճանաչելի 3 ռեստրիկցիոն սայտեր և առաջացնում է 4 ռեստրիկցիոն հատվածներ՝ 5, 8, 2 և 7 կբ երկարությամբ: Էլեկտրաֆորեզային սպեկտրի Ma_5 տարբերակ ունեցող բույսերի գենոմային ԴՆԹ-ն, ի տարբերություն մյուս տարբերակների, պարունակում է *EcoR* I ֆերմենտին ճանաչելի 4 ռեստրիկցիոն սայտեր և առաջացնում է 5, 3, 8, 2 և 7 կբ երկարությամբ հատվածներ: Ռեստրիկցիոն քարտեզի համաձայն՝ Ma_5 տարբերակի բույսերի գենոմում առկա է 3 կբ երկարությամբ ռեստրիկցիոն հատված, ինչը բացակայում է Ma_1 , Ma_2 , Ma_3 և Ma_4 տարբերակներում:

Եզրակացություն

Հետազոտությունների արդյունքում պարզ է դարձել, որ կարտոֆիլի ուսումնասիրված բոլոր սորտերի 11S-գլոբուլինը պոլիմորֆ է, ձևավորում է տարբեր էլեկտրաֆորեզային սպեկտրներ և սպիտակուցային բանաձևեր: ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածները միևնույն սորտի սահմաններում ցուցաբերել են տարբեր երկարություն, ինչը փաստում է ներսորտային գեների էական բազմաձևության մասին:

Գիտափորձերի արդյունքները որպես գենետիկական մարկերներ կարող են կիրառվել ուսումնասիրված սորտերի նույնականացման, անձնագրավորման, ինչպես նաև ճյուղում իրականացվող մարկերային սելեկցիայի ժամանակ:

Գրականություն

1. Айала Ф. Введение в популяционную и эволюционную генетику. - М.: Мир, 1984. - 230 с.
2. Башко Д.В., Бушуева В.И., Козлов В.А., Русецкий Н.В., Чашинский А.В., Семанюк Т.В. Молекулярные маркеры генов устойчивости к картофельным цистообразующим нематодам и раку картофеля у межвидовых гибридов // Картофелеводство. - 2022. - N 30 (1). - С. 38-45.
3. Колобова О.С., Малюченко О.П., Шалаева Т.В., Шанина Е.П., Шилов И.А., Алексеев Я.И., Велишаева Н.С. Генетическая паспортизация картофеля на основе мультиплексного анализа 10 микросателлитных маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции. - 2017. - N 21 (1). - С. 124–127. <https://doi.org/10.18699/VJ17.230>.
4. Падутов В.Е., Баранов О.Ю., Воробаев Е.В. Методы молекулярно-генетического анализа. - Минск: Юнипол, 2007. - 176 с.

ԱԳՐՈԳԻՏՈՒԹՅՈՒՆ ԵՎ ՏԵԽՆՈԼՈԳԻԱ Հայաստանի ազգային պետության համալսարան N 3(87)/2024

Genetic Diversity of Some Potato Varieties per Biochemical and Molecular Markers

Manvel Badalyan, Tatevik Aloyan, Andreas Melikyan

Scientific Center for Agrobiotechnology, ANAU

Keywords: *DNA restriction fragment, electrophoresis spectrum, potato, protein formula, restriction enzyme*

Abstract. As a globally important food crop, the potato ranks fourth in production, following wheat, rice, and maize. Currently, over 7,000 varieties, developed in the 18th and 20th centuries, are cultivated worldwide. At this stage of agricultural development, where the primary challenge is the creation of new crop varieties and the improvement of existing ones to meet growing population and production demands, both classical breeding methods and modern technologies — such as molecular markers and genetic transformation — are employed. This study investigates the intravarietal and intervarietal diversity of three valuable potato varieties cultivated in Armenia. Genetic polymorphism was assessed using protein markers (11S-globulin protein profiles and electrophoretic spectra) and DNA markers (RFLP). The research utilized a combination of classical agronomic, molecular biological, biotechnological, and genetic-mathematical methods. The results revealed that the 11S-globulin proteins in all studied potato varieties exhibit polymorphism, as evidenced by distinct electrophoretic spectra and protein profiles. Additionally, the DNA restriction fragment patterns showed varying lengths within the same variety, indicating significant intravarietal genetic polymorphism. These findings can serve as genetic markers for the identification and passporting of the studied varieties, as well as for marker-assisted selection in breeding programs.

Շահերի հայտարարագիր

Ֆեդինսկները հայտարարում են, որ այս հոդվածի հետազոտության, հեղինակության և/կամ հրապարակման հետ կապված շահերի բախում առկա չէ:

Ընդունվել է՝ 09.08.2024 թ.
Գրախոսվել է՝ 15.08.2024 թ.