ԱԳՐՈԳԻՏՈՒԹՅՈՒՆ ԵՎ ՏԵԽՆՈԼՈԳԻԱ
Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարան
AGRISCIENCE AND TECHNOLOGY АГРОНАУКА И ТЕХНОЛОГИЯ
Միջազգային գիտական պարբերական
ISSN 2579-2822
Կայքէջ՝ anau.am/scientific-journal
doi: 10.52276/25792822-2023.3-238

ՀՏԴ 633.41/.44:631.523(479.25)

ՀԱՅԱՍՏԱՆՈՒՄ ՏԱՐԱԾՎԱԾ ՃԱԿՆԴԵՂԻ ԳԵՆԵՏԻԿԱԿԱՆ ԲԱԶՄԱԶԱՆՈՒԹՅԱՆ ՈՒՍՈՒՄՆԱՍԻՐՈՒԹՅՈՒՆԸ ISSR ՄԱՐԿԵՐՆԵՐԻ ԿԻՐԱՌՄԱՄԲ

Տ.Բ. Ալոյան, Մ.Վ. Բադալյան *գ.գ.թ.*, **Ա.Շ. Մելիքյան** *գ.գ.դ.*
ՀԱԱՀ Ագրոկենսատեխնոլոգիայի գիտական կենտրոն
tatevaloyan22@gmail.com, badalyan.manvel@mail.ru, a_melikyan@yahoo.com

ՏԵՂԵԿՈՒԹՅՈՒՆ

Բանալի բառեր՝
գենետիկական բազմազանություն,
ճակնդեղ,
պոլիմորֆիզմ,
պոպուլյացիա,
ISSR մարկեր

ԱՄՓՈՓԱԳԻՐ

Մշակաբույսերի տարբեր սորտերի և վայրի տեսակների գենետիկական բնութագրման նպատակով ներկայումս լայնորեն կիրառվում է ISSR մարկերավորումը կամ միջմիկրոսատելիտային հատվածների անալիզը:

Հետազոտության նպատակն է սելեկցիոն ելանյութ առաջարկելու համար ԴՆԹ մարկերների կիրառմամբ անձնագրավորել Հայաստանում տարածված ճակնդեղի վայրի տեսակները և պոպուլյացիոն սորտերը:

Գենետիկական բազմազանության ցուցանիշների համաձայն՝ ճակնդեղի ուսումնասիրված վայրի տեսակները և պոպուլյացիոն սորտերի մեծ մասը հազվագյուտ ալելների նվազագույն քանակով ու հաճախականությամբ բազային կամ տիպիկ գենոֆոնդեր են:

Նախաբան

Հայաստանում լանդշաֆտների և էկոհամակարգերի բազմազանությունը, ռելիեֆի առանձնահատկություններով, ուղղահայաց գոտիականությամբ և լանդշաֆտային-կլիմայական 10 գոտիների առկայությամբ պայմանավորված, նպաստում է հարուստ ու եզակի բուսականության ձևավորմանը: Բույսերի տեսակային և ներտեսակային բազմաքանակ կազմը նաև պայմանավորված է նրանով, որ մեր երկիրը գտնվում է տարածաշրջանի կենդանական ու բուսական աշխարհների ձևավորման կարևորագույն արեալների փոխհատման վայրում:

Այսպես՝ Հայաստանի փոքր տարածքում (29,74 հազ. կմ^2) գոյություն ունի անոթավոր բույսերի մոտ 3800 տեսակ, որոնց էնդեմիզմի մակարդակը զգալիորեն բարձր է (կազմում են ամբողջ ֆլորայի 3,8 %-ը): Հայաստանը բարձրակարգ անոթավոր բույսերի խտությամբ (1 քառ. կմ-ի վրա մոտ 107 տեսակի բույս) աշխարհի մասշտաբով գրավում է ամենաբարձր տեղերից մեկը (Ա. Ավագյան, 2015, www.cbd.int):

Բույսերի գենետիկական ռեսուրսների բազմազանությունում արժեքավոր նշանակությամբ առանձնակի տեղ է զբաղեցնում հավակատարազգիների *(Amaranthaceae,* նախկինում՝ թելուկազգիներ, *Chenopodiaceae*) ընտանիքին պատկանող ճակնդեղ *(Beta)* ցեղը: Այն 2013 թ. ներառվել է աշխարհում առաջնահերթ պահպանության ենթակա բույսերի վայրի ազգակիցների 92 ցեղերի ցանկում (Vincent, et al., 2013):

Beta ցեղը բաժանվում է *Beta* և *Corollinae* սեկցիաների, առաջինը ներառում է *B. macrocarpa Guss., B. patula Aiton* and *B. vulgaris L.*, երկրորդը՝ *B. lomatogona Fisch. & C.A. Meyer*, *B. macrorhiza Stev., B. corolliflora Zosimovic ex*

Buttler, B. trigyna Waldst. & Kit., B. nana Boiss. & Heldr. տեսակները (Kadereit, et al., 2006, Panella and Lewellen, 2007, Biancardi, et al., 2012, Maxted, et al., 2012):

Գենետիկական բազմազանության ուսումնասիրության համար նախատեսված գենետիկական մարկերները լինում են չորս տեսակի՝ մորֆոլոգիական կամ ֆենոտիպային, կենսաքիմիական կամ սպիտակուցային, ցիտոգենետիկական և մոլեկուլային կամ ԴՆԹ (К.Р. Канукова и др., 2019):

ԴՆԹ մարկերները պոլիմորֆ են, գեների կամ քրոմոսոմի ցանկացած այլ հատվածի որոշման համար կարող են բացահայտվել մոլեկուլային կենսաբանության մեթոդներով: Այսինքն՝ ԴՆԹ մարկերները ԴՆԹ-ի կարճ հատվածներ են, որոնք գտնվում են գենին կամ գեներին հնարավորինս մոտ, կրում են բույսի համար արժեքավոր սելեկցիոն հատկանիշ (օրինակ՝ բերքատվությունը, շաքարայնությունը), որը կարող է օգտագործվել նոր սորտեր ստեղծելիս: Դրանք լայնորեն կիրառվում են գենոտիպերի անձնագրավորման, պոպուլյացիայի պոլիմորֆիզմի աստիճանի գնահատման, գենետիկական քարտեզագրման, ֆիլոգենետիկական ուսումնասիրությունների, հիվանդությունների ախտորոշման և այլ նպատակներով: Կիրառման այդ լայն շրջանակին նպաստում են նաև մարկերային (Marker-Assisted Selection, MAS) և գենոմային (Genomic Selection, GS) սելեկցիաները, որոնց հիմքը կազմում են ԴՆԹ մարկերները: Վերջիններիս են պատկանում RFLP, SSR, STS, SSCP, CAPS, SCAR, SNT, RAPD, ISSR, RFLP, SSAP, IRAP, DArT մարկերները և այլն (К.Р. Канукова и др., 2019):

Մշակաբույսերի տարբեր սորտերի և վայրի տեսակների գենետիկական բնութագրման նպատակով ներկայումս առավելապես կիրառվում է ISSR մարկերավորումը կամ միջմիկրոսատելիտային հատվածների անալիզը: Այն օգտագործվում է ինչպես միջտեսակային և ներտեսակային գենետիկական փոփոխականության, պոպուլյացիաների գենետիկական բազմազանության, տեսակների նույնականացման, այնպես էլ գենոմի քարտեզավորման և օգտակար տնտեսական հատկանիշների մարկերավորման աշխատանքներում (Bylka, et al., 2014, Alizadeh, et al., 2017):

Հետազոտության նպատակն է սելեկցիոն ելանյութ առաջարկելու համար ԴՆԹ մարկերների կիրառմամբ անձնագրավորել Հայաստանում տարածված, պատմական զարգացման ընթացքում ձևավորված ճակնդեղի վայրի տեսակներն ու պոպուլյացիոն սորտերը:

Նյութը և մեթոդները

Ուսումնասիրությունները կատարվել են ՀԱԱՀ Ագրոկենսատեխնոլոգիայի գիտական կենտրոնի Կենսաբանական հետազոտությունների լաբորատորիայում: Վայրի տեսակները հավաքվել են ՀՀ Արագածոտնի *(B. lomatogona)*, Կոտայքի *(B. corolliflora)*, Գեղարքունիքի *(B. macrorhiza)* մարզերից (նկ.):

Մշակովի ճակնդեղի բոլոր սորտերն էլ զարգանում են երկամյա ցիկլով: Վեգետացիայի առաջին տարում առաջանում են տերևների վարդակը և մսալի արմատապտուղը, իսկ երկրորդ տարում ձևավորվում են ծաղկակիր ցողունը և սերմերը:

ISSR մեթոդով մոլեկուլային գենետիկական հետազոտությունները (Л.Д. Вдовиченко, В.И. Глазко, 2007) իրականացվել են հետևյալ փուլերով.

Գենոմային ԴՆԹ-ի անջատում

Սերմերից գումարային ԴՆԹ-ն անջատվել է SDS մեթոդով (В.Е. Падутов и др., 2007): Օգտագործվել է 50 մգ նմուշի հյուսվածք: Անջատված ԴՆԹ-ի կոնցենտրացիան որոշվել է Nanodrop One սպեկտրոֆոտոմետրի միջոցով:

Պոլիմերային շղթայական ռեակցիայի (ՊՇՌ) իրականացում (պրայմերների ընտրություն)

ՊՇՌ-ի համար նախատեսված 10 մկլ ռեակցիոն խառնուրդ ստանալու համար կիրառվել է հետևյալ բաղադրությունը՝

Նկ. Բնական աճելավայրերում տարածված ճակնդեղի *B. lomatogona*, *B. corolliflora* և *B. macrorhiza* տեսակների բույսեր:

3,9 մկլ ջուր, 2 մկլ բուֆեր, 1 մկլ dNTP, 0,4 մկլ պրայմեր, 0,1 մկլ Taq-պոլիմերազ, 2 մկլ (40 նգ/մկլ) ԴՆԹ, 0,6 մկլ $MgCl_2$: ՊՇՌ-ն իրականացվել է գերմանական Biometra ֆիրմայի T-personal ամպլիֆիկատորում, հետևյալ ռեժիմով՝ 94 ^{0}C-ում ԴՆԹ-ի դենատուրացիա 4 րոպե տևողությամբ, այնուհետև ամպլիֆիկացիայի 35 ցիկլերի դեպքում՝ 94 ^{0}C-ում 40 վրկ դենատուրացիա, 52-64 ^{0}C-ում 50 վրկ պրայմերների շիկամշակում, 72 ^{0}C-ում 40 վրկ էլոնգացիա և 7 րոպե շղթաների վերջնական էլոնգացիա: ԴՆԹ-ի հատվածների երկարությունը որոշելու նպատակով օգտագործվել է մարկերային ԴՆԹ:

Էլեկտրաֆորեզ

Ամպլիֆիկացիայի արդյունքները գերմանական Biometria ֆիրմայի Compact S ֆորեզի ապարատի միջոցով էլեկտրաֆորեզի են ենթարկվել 1,7 %-անոց ագարոզային գելի վրա: Վերջինս սկանավորվել է Gel-Doc (Bio-Rad, ԱՄՆ) համակարգի միջոցով: ԴՆԹ-ի հատվածների երկարության որոշման նպատակով Gel-Doc XR համակարգում կիրառվել է Quantity One ծրագիրը:

Ամպլիֆիկացիայի արդյունքները դիտարկվում են որպես ժառանգման դոմինանտության տիպով գենոմային ԴՆԹ-ի համապատասխան լոկուսների մարկերներ: Լոկուսների առկայությունը դիտարկվում է որպես դոմինանտ ալելի հոմո- կամ հետերոզիգոտ վիճակ, իսկ բացակայությունը՝ ռեցեսիվ ալելի հոմոզիգոտ վիճակ:

Ճակնդեղի վայրի տեսակների և պոպուլյացիոն սորտերի պոպուլյացիոն-գենետիկական վերլուծությունն իրականացվել է POPGENE 1.31 (Yeh, et al., 1999) և Microsoft Excel-ի համար մասնագիտացված GENALEX6 համակարգչային ծրագրերի միջոցով (Peakall and Smouse, 2006). որոշվել են պոլիմորֆ լոկուսների քանակը *(P_{95})* (Williams, 1990), սպասվող հետերոզիգոտությունը (*He*), լոկուսում ալելների բացարձակ *(Na)* և արդյունավետ *(Ne)* քանակը, հազվագյուտ ալելների քանակը *(R)* (Nei, 1987):

Տվյալների վիճակագրական մշակումը կատարվել է SPSS և MS Excel ծրագրերի միջոցով՝ պոպուլյացիոն-գենետիկական հետազոտությունների ստանդարտ մեթոդների հիման վրա:

Արդյունքները և վերլուծությունը

Հայաստանի տարբեր ֆլորիստիկական շրջաններում տարածված ճակնդեղի վայրի տեսակների և պոպուլյացիոն սորտերի մոլեկուլային-գենետիկական հետազոտության նպատակով ISSR-պրայմերների ընտրությունը կատարվել է ըստ դրանց դրսևորած արդյունավետության (И.В. Бобошина, С.В. Боронникова, 2012, El-Mouhamady, et al., 2021, Keykhosravi, et al., 2017):

Առանձնացվել է 4 ISSR-պրայմեր՝ 2-ը երկնուկլեոտիդային՝ X_1 $(CA)_6G$, ISSR-4 $(TG)_8GC$, մյուս 2-ը՝ եռնուկլեոտիդային՝ X_9 $(ACC)_6G$, ISSR-9 $(ACG)_7G$ (աղ. 1): Նշված ISSR-պրայմերների կիրառմամբ ԴՆԹ-ի ամպլիֆիկացված հատվածները միջինը կազմել են 9, առավելագույնը՝ 13 (X_1), նվազագույնը՝ 5 (X_1) ֆրագմենտ: Ֆրագմենտների առավելագույն քանակ գրանցվել է սեղանի ճակնդեղի Վարդենիսի, իսկ նվազագույն քանակ՝ շաքարի ճակնդեղի Հրազդանի պոպուլյացիաների բույսերում:

ԴՆԹ-ի պոլիմորֆ լոկուսների քանակը կազմել է միջինը 6, առավելագույնը՝ 10 (ISSR-9), նվազագույնը՝ 2 (ISSR-4) հատ: Ընդհանուր առմամբ հայտնաբերված բոլոր 420 ISSR ֆրագմենտներից 290-ը կամ 69 %-ը եղել են պոլիմորֆ:

X_1 պրայմերի դեպքում ամպլիֆիկացված ֆրագմենտների երկարությունը տատանվել է 180-1750 զ.ն. սահմանում, ընդ որում՝ ամենակարճը եղել է վայրի *B. corolliflora* տեսակի, ամենաերկարը՝ սեղանի ճակնդեղի Մարտունու պոպուլյացիայի մոտ: X_9 պրայմերի դեպքում ամպլիֆիկացված ֆրագմենտների երկարությունը տատանվել է 250-1800 զ.ն. սահմանում: Նուկլեոտիդների առավել քիչ քանակով այն դրսևորվել է շաքարի ճակնդեղի Արթիկի պոպուլյացիայի մոտ: Ամենաերկարը եղել է վայրի *B. macrorhiza* տեսակի մոտ: Հատկանշական է, որ այս պրայմերը չի արտահայտվել սեղանի ճակնդեղի գրեթե բոլոր պոպուլյացիաների մոտ՝ բացառությամբ Ապարանի պոպուլյացիայի: ISSR-4 պրայմերի դեպքում ամպլիֆիկացված ֆրագմենտների երկարությունը տատանվել է 160-1800 զ.ն. սահմանում: Նուկլեոտիդների առավել քիչ քանակ է գրանցվել սեղանի ճակնդեղի Էջմիածնի պոպուլյացիայի, իսկ առավել շատ քանակ՝ Վարդենիսի պոպուլյացիայի մոտ: ISSR-9 պրայմերի դեպքում ամպլիֆիկացված ֆրագմենտների երկարությունը տատանվել է 190-1300 զ.ն. սահմանում. ամենակարճը եղել է սեղանի ճակնդեղի Արամուսի պոպուլյացիայի մոտ, ամենաերկարը՝ Արթիկի պոպուլյացիայի մոտ: Այս պրայմերը շաքարի ճակնդեղի պոպուլյացիաների մոտ չի արտահայտվել:

Գենետիկական բազմազանությունը բնութագրելիս կարևորվում են պոլիմորֆ լոկուսների բաժինը *(P_{95})*, սպասվող հետերոզիգոտությունը *(He)*, լոկուսում ալելների բացարձակ *(Na)* և արդյունավետ *(Ne)* քանակը, հազվագյուտ ալելների քանակը *(R)*: Պոլիմորֆ լոկուսների առավել շատ քանակ է գրանցվել սեղանի ճակնդեղի Արամուսի պոպուլյացիայի մոտ (0,820), իսկ պոլիմորֆիզմի ամենացածր աստիճանով կրկին առանձնացել է սեղանի ճակնդեղի Էջմիածնի պոպուլյացիան (0,500): Մնացած դեպքերում պոլիմորֆ լոկուսների քանակը տատանվել է 0,636-0,768 սահմանում (աղ. 2):

Սպասվող հետերոզիգոտության ցուցանիշով առանձնացել են սեղանի ճակնդեղի՝ Արամուսի և Արթիկի, շաքարի ճակնդեղի՝ Հրազդանի և Արթիկի պոպուլյացիաները (0,312-0,351), իսկ ալելների բացարձակ և արդյունավետ քանակով՝ համապատասխանաբար սեղանի ճակնդեղի Մարտունու (1,855) և կերի ճակնդեղի Սևանի (1,453) պոպուլյացիաները:

Աղյուսակ 1. Ճակնդեղի ուսումնասիրվող վայրի տեսակների և պոպուլյացիոն սորտերի պոլիմորֆիզմը ISSR-պրայմերների կիրառմամբ*

Վայրի տեսակներ կամ պոպուլյացիոն սորտեր	Պրայմերները	Նուկլեոտիդային հաջորդականությունը (5′- 3′)	Ամպլիֆիկացված ֆրագմենտների երկարությունը, զ.ն.	ԴՆԹ-ի լոկուսների քանակը, հատ		ԴՆԹ-ի պոլիմորֆիզմը, %
				ընդամենը	պոլիմորֆ	
Վայրի տեսակներ						
B. corolliflora	X_1	$(CA)_6G$	210-740	9	7	77,8
	X_9	$(ACC)_6G$	380-1600	11	8	72,7
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	280-1200	8	4	50,0
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	270-980	11	6	54,5
B. macrorhiza	X_1	$(CA)_6G$	200-1000	7	5	71,4
	X_9	$(ACC)_6G$	420-1800	10	7	70,0
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	180-1360	10	6	60,0
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	220-750	12	8	66,7
B. lomatogona	X_1	$(CA)_6G$	350-850	11	7	63,6
	X_9	$(ACC)_6G$	450-1600	6	4	66,7
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	250-1250	9	7	77,8
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	230-700	9	5	55,6
Սեղանի ճակնդեղ						
Ապարանի	X_1	$(CA)_6G$	180-1100	7	4	57,1
	X_9	$(ACC)_6G$	350-1200	7	5	71,4
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	250-1350	12	8	66,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	220-900	8	6	75,0
Արամուսի	X_1	$(CA)_6G$	200-840	9	8	88,9
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	220-1200	7	6	85,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	190-1200	7	5	71,4
Մարտունու	X_1	$(CA)_6G$	180-1750	11	7	63,6
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	280-770	10	7	70,0
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	220-1100	7	4	57,1
Էջմիածնի	X_1	$(CA)_6G$	200-1300	9	6	66,7
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	160-950	6	2	33,3
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	350-850	6	3	50,0
Արթիկի	X_1	$(CA)_6G$	230-1000	8	6	75,0
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	200-800	8	5	62,5
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	280-1300	12	10	83,3
Աբովյանի	X_1	$(CA)_6G$	220-1200	11	7	63,6
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	350-1050	8	7	87,5
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	290-800	8	5	62,5
Վարդենիսի	X_1	$(CA)_6G$	330-1400	13	9	69,2
	X_9	$(ACC)_6G$	-	-	-	-
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	290-1800	10	7	70,0
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	190-950	10	8	80,0
Շաքարի ճակնդեղ						
Հրազդանի	X_1	$(CA)_6G$	350-1280	5	4	80,0
	X_9	$(ACC)_6G$	400-1600	9	7	77,8
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	300-1350	11	8	72,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	-	-	-	-
Արթիկի	X_1	$(CA)_6G$	300-1600	7	6	85,7
	X_9	$(ACC)_6G$	250-1400	7	4	57,1
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	200-1100	9	6	66,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	-	-	-	-
Կերի ճակնդեղ						
Սևանի	X_1	$(CA)_6G$	220-900	8	5	62,5
	X_9	$(ACC)_6G$	340-1600	7	5	71,4
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	220-1350	7	6	85,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	300-900	9	8	88,9
Շիրակի	X_1	$(CA)_6G$	250-850	11	7	63,6
	X_9	$(ACC)_6G$	300-900	6	5	83,3
	ISSR-4	$(TG)_8GC$	260-1500	7	6	85,7
	ISSR-9	$(ACG)_7G$	450-1100	10	4	40,0

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Աղյուսակ 2. Ճակնդեղի ուսումնասիրվող վայրի տեսակների և պոպուլյացիոն սորտերի գենետիկական բազմազանության ցուցանիշները*

Վայրի տեսակներ կամ պոպուլյացիոն սորտեր	Գենետիկական բազմազանության ցուցանիշները				
	P_{95}	*HE*	*Na*	*Ne*	*R*
Վայրի տեսակներ					
B. corolliflora	0,637	0,127	1,405	1,118	0
B. macrorhiza	0,670	0,189	1,396	1,107	0
B. lomatogona	0,659	0,203	1,427	1,121	0
Սեղանի ճակնդեղ					
Ապարանի	0,676	0,285	1,740	1,321	2
Արամուսի	0,820	0,312	1,758	1,330	0
Մարտունու	0,636	0,226	1,855	1,418	1
Էջմիածնի	0,500	0,271	1,821	1,396	0
Արթիկի	0,757	0,320	1,828	1,434	1
Աբովյանի	0,712	0,261	1,687	1,320	1
Վարդենիսի	0,664	0,285	1,738	1,378	0
Շաքարի ճակնդեղ					
Հրազդանի	0,768	0,351	1,673	1,320	1
Արթիկի	0,698	0,337	1,688	1,314	1
Կերի ճակնդեղ					
Սևանի	0,771	0,256	1,853	1,453	0
Շիրակի	0,682	0,278	1,810	1,407	1

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Պոպուլյացիաների գենետիկական բազմազանությունն առավելապես պայմանավորված է ոչ թե այս կամ այն ալելի հաճախականությամբ, այլև նմուշներում հազվագյուտ ալելներով գենոտիպերի քանակով, այսինքն՝ տվյալ պոպուլյացիայի յուրահատկության աստիճանով: Ըստ ուսումնասիրված տեսակների և սորտերի՝ հազվագյուտ ալելների առկայության զրոյական արժեք *(R=0)* է գրանցվել վայրի բոլոր տեսակների, սեղանի ճակնդեղի Արամուսի, Էջմիածնի, Վարդենիսի, կերի ճակնդեղի Սևանի պոպուլյացիաների մոտ, ինչը փաստում է տվյալ տեսակների բազային կամ տիպիկ լինելու մասին: Սեղանի ճակնդեղի Մարտունու, Արթիկի, Աբովյանի, շաքարի ճակնդեղի Հրազդանի, Արթիկի, կերի ճակնդեղի Շիրակի պոպուլյացիաների մոտ գրանցվել է հազվագյուտ ալելների քանակի ցածր արժեք *(R=1)*, իսկ սեղանի ճակնդեղի Ապարանի պոպուլյացիայի մոտ այդ ցուցանիշը եղել է ամենաբարձրը՝ 2, ինչը փաստում է պոպուլյացիայի յուրահատկության բարձր աստիճանի մասին:

Եզրակացություն

Ճակնդեղի ուսումնասիրված վայրի տեսակները և պոպուլյացիոն սորտերն առանձնանում են պոլիմորֆիզմի բարձր աստիճանով՝ 33,3-88,9 %:

Գենետիկական բազմազանության ցուցանիշների համաձայն՝ ճակնդեղի ուսումնասիրված վայրի տեսակները և պոպուլյացիոն սորտերի մեծ մասը բազային կամ տիպիկ գենոֆոնդեր են՝ հազվագյուտ ալելների նվազագույն քանակով և հաճախականությամբ: Բացառություն է կազմում սեղանի ճակնդեղի Ապարանի պոպուլյացիան, որն առանձնանում է յուրահատկության բարձր աստիճանով:

Այսպիսով՝ ուսումնասիրված ISSR ԴՆԹ-մարկերներով կարելի է ճակնդեղի սելեկցիոն աշխատանքներում կատարել ճիշտ ծնողական ձևերի ընտրություն:

Գրականություն

1. Ավագյան Ա. Բույսերի գենետիկական ռեսուրսների վիճակը պարենի և գյուղատնտեսության համար: Գնահատման զեկույց. - Եր., 2015. - 69 էջ:
2. Бобошина И.В., Боронникова С.В. Изучение генетического полиморфизма некоторых сортов *Triticum aestivum L.* с использованием ISSR-маркеров // Аграрный вестник Урала. - N 5 (97), 2012. - С. 19-20.
3. Вдовиченко Л.Д., Глазко В.И. Генетическая паспортизация сортов пшеницы с использованием ISSR-PCR маркеров // Сельскохозяйственная биология. - N 3, 2007. - С. 33-37.
4. Канукова К.Р. и др. ДНК-Маркеры в растениеводстве / Канукова К.Р., Газаев И.Х., Сабанчиева Л.К., Боготова З.И., Аппаев С.П. // Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. - N 6 (92), 2019. - С. 220-232. https://doi.org/10.35330/1991-6639-2019-6-92-220-232.
5. Падутов В.Е., Баранов О.Ю., Воропаев Е.В. Методы молекулярно-генетического анализа. - Минск: Юнипол, 2007. - 176 с.
6. Alizadeh, M., Krishna, H., Eftekhari, M., Modareskia, M., Modareskia, M. (2017) 'Assessment of clonal fidelity in micropropagated horticultural plants', J. Chem. Pharm. Res., 7(15), - pp. 977-990.
7. Biancardi, E., Panella, L.W. and Lewellen, R.T. (2012). Beta maritima. The Origin of Beets. New York, NY: Springer New York. https://doi.org/10.1007/s12355-013-0237-6.
8. Bylka, W. et al. (2014). Centella asiatica in Dermatology: An Overview, Phytotherapy Research, 28(8), - pp. 1117-1124. https://doi.org/10.1002/ptr.5110.

9. El-Mouhamady, A.B.A., Al-Kordy, M.A. & Elewa, T.A.F. (2021). Elucidation of genetic diversity among some accessions of sugar beet (Beta vulgaris L.) using inter-simple sequence repeats (ISSR) markers. Bull Natl Res Cent 45, - p. 166. https://doi.org/10.1186/s42269-021-00625-8.

10. Fifth National Report of the Republic of Armenia to the Convention on Biological Diversity. (2014). Yerevan, Armenia. 107 p. Available at: https://www.cbd.int/doc/world/am/am-nr-05-en.pdf.

11. Kadereit, G., Hohmann, S., Kadereit, J.W. (2006). A Synopsis of Chenopodiaceae Subfam. Betoideae and Notes on the Taxonomy of Beta. Willdenowia Bd. 36, H. 1, Special Issue: Festschrift Werner Greuter, 36(1), - pp. 9-19. Available at: https://www.jstor.org/stable/3997679%0A.

12. Keykhosravi, H., Dehdari, M., Masoomi Asl, A. (2017). Evaluation of genetic diversity in sugar beet (Beta vulgaris L.) genotypes using ISSR markers. Agricultural Biotechnology Journal, 9(2), - pp. 127-141. https://doi.org/10.22103/jab.2017.1754.

13. Maxted, N. et al. (2012). Agrobiodiversity Conservation: Securing the Diversity of Crop Wild Relatives and Landraces. CAB Internationa. - p. 365. https://doi.org/10.1079/9781845938512.0181.

14. Nei, M. (1987). Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press. https://doi.org/10.7312/nei-92038.

15. Panella, L., Lewellen, R. (2007). Broadening the Genetic Base of Sugar Beet: Introgression from Wild Relatives, Euphytica, 154(3), - pp. 383-400. https://doi.org/10.1007/s10681-006-9209-1.

16. Peakall, R., Smouse, P.E. (2006). Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, Molecular Ecology Notes, 6(1), https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.

17. Sixth National Report to the Convention on Biological Diversity of the Republic of Armenia. (2019). Yerevan, Armenia. 165 p. Available at: https://www.cbd.int/doc/nr/nr-06/am-nr-06-en.pdf.

18. Vincent, H., Wiersema, J., Kell, S., Fielder H., et al. (2013). A Prioritized Crop Wild Relative Inventory to Help Underpin Global Food Security, Biol. Conserv., 167, - pp. 265-275. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2013.08.011.

19. Williams, J.G.K. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers, Nucl. Acids Res., 18, - pp. 6531-6535. https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531.

20. Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T. (1999). POPGENE Version 1.32: Microsoft Window-Based Freeware for Population Genetics Analysis, University of Alberta, Edmonton.

Изучение генетического разнообразия распространенной в Армении свеклы с использованием ISSR-маркеров

Т.Б. Алоян, М.В. Бадалян, А.Ш. Меликян

Научный центр агробиотехнологии, НАУА

Ключевые слова: *генетическое разнообразие, полиморфизм, популяция, свекла, ISSR-маркер*

Аннотация. В настоящее время для генетической характеристики различных сортов сельскохозяйственных культур и дикорастущих видов широко используется ISSR-маркирование, или анализ межмикросателлитных сегментов. Цель исследования – паспортизация распространенных в Армении диких видов и популяционных сортов свеклы с использованием ДНК-маркеров для предоставления селекционного материала.

Согласно показателям генетического разнообразия, изученные дикие виды и большинство популяционных сортов свеклы представляют собой базовые или типичные генофонды с минимальным количеством и частотой редких аллелей.

The Study of the Genetic Diversity of Beet Common in Armenia Using ISSR Markers

T.B. Aloyan, M.V. Badalyan, A.Sh. Melikyan

Scientific Center of Agrobiotechnology, ANAU

Keywords: *beet, genetic diversity, ISSR marker, polymorphism, population*

Abstract. Genetic markers for the study of genetic diversity are divided into 4 groups: morphological or phenotypic, biochemical or protein, cytogenetic, and molecular or DNA. Currently, ISSR-DNA markers or Inter Simple Sequence Repeats is widely used for the genetic characterization of various crop varieties and wild species. In the present day, ISSR-DNA markers (Inter Simple Sequence Repeats) are widely used to characterize various crop varieties and wild species from their genetic makeup. It is used both for inter-species and intra-species genetic variability of populations and for genetic diversity, and species identification, as well as for genome mapping and marking of useful economic traits. The purpose of this research was to certify the wild species and population varieties of beet common in Armenia using DNA markers, to offer them as a selection starting material. The studied wild species and population varieties of beet are distinguished by a high degree of polymorphism: 33.3-88.9 %. According to the indicators of genetic diversity, most of the studied species and varieties are characterized as the main or typical gene pools with a minimum number and frequency of rare alleles. An exception is the Aparan population of table beet, which is distinguished by a high degree of originality. According to the indicators studied with ISSR DNA markers, it is possible to select the right parental forms for beet breeding activities.

Ընդունվել է՝ 18.07.2023 թ.
Գրախոսվել է՝ 27.07.2023 թ.