



ԱԳՐՈՎԻՏՈՒԹՅՈՒՆ ԵՎ ՏԵԽՆՈԼՈԳԻԱ
Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարան
AGRICULTURE AND TECHNOLOGY АГРОНАВКА И ТЕХНОЛОГИЯ

Միջազգային գիտական
պարբերական

ISSN 2579-2822



ՀՏԴ 635,21:631.52

doi: 10.52276/25792822-2024.3-232

ԿԱՐՏՈՖԻԼԻ ՈՐՈՇ ՍՈՐՏԵՐԻ ԳԵՆԵՏԻԿԱԿԱՆ ԲԱԶՄԱԶԱՆՈՒԹՅՈՒՆՆ ԸՍՏ ԿԵՆՍԱԶԵԻՄԻԱԿԱՆ 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

Տ Ե Ղ Ե Կ Ո Ւ Թ Յ Ո Ւ Ն

Բանալի բառեր՝
ՂՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատված, էլեկտրաֆորեզային սպեկտր, կարտոֆիլ, ռեստրիկտագ, սպիտակուցային բանաձև

Ա Մ Փ Ո Փ Ա Գ Ի Ր

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 աբիոտիկ 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, Колодובה 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 (Нагуттов и др., 2007): Նմուշներում ԴՆԹ-ի կոնցենտրացիան որոշվել է NanoDrop One սպեկտրալուսաչափով: Գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիան կատարվել է ռեստրիկցիոն խառնուրդի (2 մլլ 10x համապատասխան ռեստրիկցիոն բուֆեր, 5 մլլ նուկլեինաթթուներ չպարունակող դեիոնազերծված ջուր, 2 մլլ ԴՆԹ-ի նմուշ, 1 մլլ (5 միավոր/մլլ) ռեստրիկտազ) պատրաստմամբ: Վերջինս 5 ժամ տևողությամբ ինկուբացվել է 37 °C-ի պայմաններում: Անհրաժեշտության դեպքում ռեստրիկցիան դադարեցվել է ռեստրիկցիոն խառնուրդին 1 մլլ 0,5 M տոլուոլ Բ ($pH=7,5$) ավելացնելով:

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

Սպիտակուց	Հել, %	Հելի 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 խաչաձև 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 (Айаза, 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	Բանդիպման 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 ամպլայությանը, որոնցից 48 %-ը գնահատվել է որպես ցածր ինտենսիվության, 23 %-ը՝ ինտենսիվ, 29 %-ը՝ բարձր ինտենսիվության:

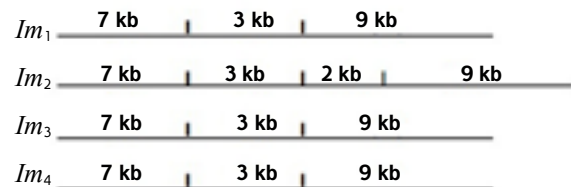
Կարտոֆիլի Արիզոնա (*Az*) սորտի 11S-գլոբուլին պահեստային սպիտակուցն ընտրյալ խմբում ձևավորել է 3 տիպի էլեկտրաֆորեզային սպեկտր (*Az*₁, *Az*₂, *Az*₃), որոնց հանդիպման հաճախականությունը տատանվում է 0,16-0,44 սահմանում, պոլիպեպտիդների ընդհանուր քանակը կազմում է 18 (յուրաքանչյուր տիպի դեպքում՝ 6), որոնցից 22 %-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*₁ 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 Մադեյինե (*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 Մադեյինե 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 Մադեյինե 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:

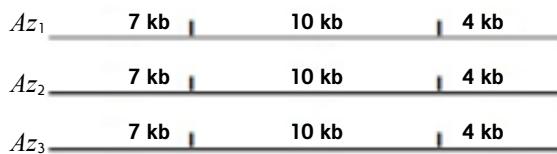
Կարտոֆիլի Իմպալա սորտի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բույսերի (*Im*₁, *Im*₂, *Im*₃, *Im*₄) գումարային ԴՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը ներկայացված է նկար 1-ում:



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

ՂՆԹ-ի ռեստրիկցիոն քարտեզի վերլուծության համաձայն՝ սպեկտրի Im_1 , Im_2 և Im_4 տարբերակներ ունեցող բույսերի գումարային ՂՆԹ-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 ՂՆԹ-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:

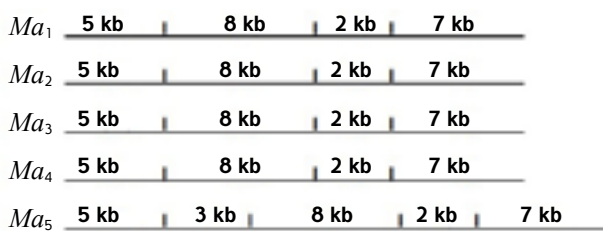
Կարտոֆիլի Արիզոնա սորտի 11S-գլոբուլինի էլեկտրաֆորեզային տարբեր սպեկտր ունեցող բույսերի (Az_1 , Az_2 , Az_3) գումարային ՂՆԹ-ի ռեստրիկցիոն հատվածների քարտեզը ներկայացված է նկար 2-ում:



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

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

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



Նկ. 3. Կարտոֆիլի Մադեյիլե սորտի գումարային ՂՆԹ-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 ՂՆԹ-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 ՂՆԹ-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: ՂՆԹ-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.

5. Barta, J., Curn, V., & Divis, J. (2003). Study of biochemical variability of potato cultivars by soluble protein, isoesterase, and isoperoxidase electrophoretic patterns. *Plant Soil. Environ.*, 49(5), - pp. 230-236.
6. Beketova, M.P., Chalaya, N.A., Zoteyeva, N.M., Gurina, A.A., Kuznetsova, M.A., Armstrong, M., Hein, I., Drobyazina, P.E., Khavkin, E.E., & Rogozina, E.V. (2021). Combination Breeding and Marker-Assisted Selection to Develop Late Blight Resistant Potato Cultivars. *Agronomy*, 11(11), - 2192 p. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112192>.
7. Bradshaw, J.E. (2016). *Plant Breeding: Past, Present and Future*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-23285-0>.
8. Davis, B.J. (1964). Disc electrophoresis to human serum protein. *Ann. N.-Y. Acad. Sci.* pp. 404-427.
9. Gavrilenko, T.A., Khiutti, A.V., Klimenko, N.S., Antonova, O.Y., Fomina, N.A., & Afanasenko, O.S. (2021). Phenotypic and DNA Marker-Assisted Characterization of Russian Potato Cultivars for Resistance to Potato Cyst Nematodes. *Agronomy*, 11(12), - 2400 p. <https://doi.org/10.3390/agronomy11122400>.
10. Gebhardt, C. (2023). A physical map of traits of agronomic importance based on potato and tomato genome sequences. *Frontiers in Genetics*, - 14 p. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1197206>.
11. Gupta, G.S. (2019). Land Degradation and Challenges of Food Security. *Review of European Studies*, 11(1), - 63 p. <https://doi.org/10.5539/res.v11n1p63>.
12. Kui, L., Majeed, A., Ahmed, S., Khan, M. S. S., Islam, F., Chen, J., & Dong, Y. (2022). *Solanum tuberosum* (potato). *Trends in Genetics*, 38(11), - pp. 1193-1195. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2022.06.013>.
13. Napier, J.D., Heckman, R.W., & Juenger, T.E. (2023). Gene-by-environment interactions in plants: Molecular mechanisms, environmental drivers, and adaptive plasticity. *The Plant Cell*, 35(1), - pp. 109-124. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac322>.
14. Shanina, E.P., Likhodeyevsky, G.A. (2021). Evaluation of interspecific potato breeding material with a complex of genes of immunity to Potato virus Y using molecular markers. *Agronomy Research*, 19(1), - pp. 224-231. <https://doi.org/10.15159/AR.20.235>.
15. Sharma, S.K., Bolser, D., et al. (2013). Construction of Reference Chromosome-Scale Pseudomolecules for Potato: Integrating the Potato Genome with Genetic and Physical Maps. *G3 Genes|Genomes|Genetics*, 3(11), - pp. 2031-2047. <https://doi.org/10.1534/g3.113.007153>.
16. Van Berloo, R., Zhu, A., Ursem, R., Verbakel, H., Gort, G., & van Eeuwijk, F. A. (2008). Diversity and linkage disequilibrium analysis within a selected set of cultivated tomatoes. *Theoretical and Applied Genetics*, 117(1), - pp. 89-101. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0755-x>.
17. Zhang, H., Xu, F., Wu, Y., Hu, H., & Dai, X. (2017). Progress of potato staple food research and industry development in China. *Journal of Integrative Agriculture*, 16(12), - pp. 2924-2932. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(17\)61736-2](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61736-2).

Գենետիկական բազմազանությունը որոշակի սորտերի քարեխնձորի ըստ քիմիական և մոլեկուլային մարկերների

Մանվել Բադալյան, Կատյա Ալոյան, Անդրեաս Մելիկյան
 Գիտական կենտրոնի ագրոբիոտեխնոլոգիայի ՀԱՊԱ

Կարևոր բառեր: քիմիական բանաձև, քարեխնձոր, ռեստրիկտազ, ռեստրիկցիոնային ֆրագմենտ ԴՆԿ, սպեկտր էլեկտրոֆորեզ

Անոտացիա. Ներկայումս ագրոնոմիայի զարգացման գործընթացում առաջնություն է զբաղեցնում նոր սորտերի ստեղծումը և նոր բնութագրերի ներդրումը, որոնք կարող են բարելավել քարեխնձորի արտադրությունը և արդյունավետությունը, նախ և առաջին հերթին՝ կապակցված են բնական ռեսուրսների պահպանման հարցերի հետ: Ներկայումս ագրոնոմիայի զարգացման գործընթացում առաջնություն է զբաղեցնում նոր սորտերի ստեղծումը և նոր բնութագրերի ներդրումը, որոնք կարող են բարելավել քարեխնձորի արտադրությունը և արդյունավետությունը, նախ և առաջին հերթին՝ կապակցված են բնական ռեսուրսների պահպանման հարցերի հետ:

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

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

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