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: 10.52276/25792822-2023.1-24

ՀՏԴ 633.1:631.523

ՀԱՑԱԶԳԻՆԵՐԻ ԳԵՆԵՏԻԿԱԿԱՆ ԲԱԶՄԱԶԱՆՈՒԹՅԱՆ ՈՒՍՈՒՄՆԱՍԻՐՈՒԹՅՈՒՆԸ ՍՊԻՏԱԿՈՒՑԱՅԻՆ ՄԱՐԿԵՐՆԵՐԻ ԿԻՐԱՌՄԱՄԲ

Մ.Վ. Բադալյան *գ.գ.թ.*, **Ա.Շ. Մելիքյան** *գ.գ.դ.*, **Տ.Բ. Ալոյան, Ա.Ջ. Սահակյան** *գ.գ.թ.*
ՀԱԱՀ Ագրոկենսատեխնոլոգիայի գիտական կենտրոն
badalyan.manvel@mail.ru, a_melikyan@yahoo.com, tatevaloyan22@gmail.com, sahakyan48@mail.ru

ՏԵՂԵԿՈՒԹՅՈՒՆ

Բանալի բառեր՝
հացազգիներ,
մարկեր,
գենոմ,
քրոմոսոմ,
գենետիկական բանաձև

ԱՄՓՈՓԱԳԻՐ

Հացազգիների գույքագրված նմուշների գենետիկական բազմազանության ուսումնասիրության և անձնագրավորման նպատակով գլիադինի (Gld) էլեկտրաֆորեզային սպեկտրից վերծանվել են սպիտակուցային բանաձևերը, որոշվել են ալելոֆոնդերը և գենոտիպերը, հոմոզիգոտության ու հետերոզիգոտության աստիճանը, ինչպես նաև կատարվել է գենոմային վերլուծություն:

Հետազոտությունների արդյունքները, որպես գենետիկական մարկերներ, կարող են կիրառվել ուսումնասիրված սորտերի և վայրի տեսակների նույնականացման ու ընտրասերման աշխատանքներում:

Նախաբան

Հայաստանի բնակլիմայական պայմանների բազմազանությունը նպաստել է մշակաբույսերի տեղական սորտ-պոպուլյացիաների և դրանց վայրի ազգակիցների հարուստ գենոֆոնդի առաջացմանը, որոնք սելեկցիայի համար ելանյութի անսպառ աղբյուր են: Հարկ է նշել, որ Հայաստանում աճող մշակաբույսերի բազմազանությունը դեռևս լիովին ուսումնասիրված չէ, բացահայտված չէ դրանց գենետիկական պոտենցիալը: Նշված խնդիրն առանձնակի կարևորություն է ստացել վերջին մի քանի տասնամյակներում, քանի որ բուսական գենբանկի ռեսուրսների բազմազանությանը սպառնացող վտանգով պայմանավորված՝ բարձրացել են գենետիկական ռեսուրսների դերը և արժեքը որպես սելեկցիոն ծրագրերի հիմք: Այդ տեսանկյունից կարևորվում են հատկապես դրանց գենոտիպային գնահատումը, արժեքավոր գենոտիպերի ընտրությունը և հետագայում սելեկցիոն նպատակով որպես դոնոր օգտագործելու համար պահպանումը (С.З. Гучетль и др., 2015, С.В. Егоров, Н.А. Дуктова, 2015):

Հատկանշական է, որ տեսակի կամ սորտի շրջանակներում յուրաքանչյուր պոպուլյացիա ունի իրեն բնորոշ ալելոֆոնդ և գենոֆոնդ, որոնցով տարբերվում է մյուս պոպուլյացիաներից:

Սելեկցիոն նյութի գնահատման նպատակով ներկայումս լայնորեն կիրառվում են գենետիկական մարկերներ: Սպիտակուցները, որպես գենոմային ԴՆԹ-ի լոկուսների կոդավորման արդյունք, իրենց մարկերային հնարավորություններով ոչ միայն չեն զիջում, այլև մյուս տեսակի մարկերների համեմատությամբ ունեն մի շարք առավելություններ (В.Г. Конарев, 2007): Նման դեպքում լոկուսների նույնականացումն իրականացվում է պոլիմորֆ սպիտակուցների միջոցով, որոնք հայտնի են որպես սպիտակուցային կամ մոլեկուլային-գենետիկական մարկերներ: Պոլիմորֆ սպիտակուցները որպես գենետիկական

մարկերներ օգտագործելու հիմքում ընկած է գեների բազմակի ալելիզմը (Н.В. Кононенко и др., 2019): Վերջինս, համադրելով դասական սելեկցիայի ցանկացած մեթոդի հետ, կարելի է կիրառել ընտրասերման հետևյալ գործընթացներում.

Ելակետային նյութի գնահատում. ֆիլոգենետիկական անալիզ, գենոմի նույնականացում, պոլիպլոիդ տեսակների գենոմի կառուցվածքի գնահատում, բիոտիպերի արժեքավոր գծերի նույնականացում:

Սելեկցիա. արժեքավոր գենոտիպերի ընտրության, հիբրիդային պոպուլյացիաների վերլուծության, նոր սորտերի ստեղծման նպատակով ցանկալի գենետիկական համակարգերի վերահսկում, բազմագծային սորտ-պոպուլյացիաների և սինթետիկ սորտերի ստեղծում:

Սորտափորձարկում. սորտերի ծագման և ինքնատիպության որոշում, գենետիկական միատարրության ու կայունության գնահատում, խաչասերվող և ինքնափոշոտվող տեսակների, սորտ-պոպուլյացիաների կենսատիպային կազմի գնահատում, շրջանառվող սորտերի գրանցում ու փաստաթղթավորում:

Սերմնաբուծություն. ելակետային ձևերի տիպիկության ստուգում, ինքնափոշոտման և գենետիկական աղտոտվածության որոշում, խաչասերվող բույսերի պոպուլյացիաների կազմի վերահսկում, հիբրիդային սերմնաբուծության մակարդակի գնահատում, խաչածաղկավոր և բակլազգի բույսերի մորֆոլոգիական հատկանիշներով միմյանցից չտարբերվող սերմերի տարանջատում:

Գենային ինժեներիա. մշակաբույսերի և դրանց վայրի ազգակիցների գենոմում օգտակար տնտեսական ու կենսաբանական հատկանիշների լոկուսների կամ գենետիկական համակարգերի բացահայտում (В.Г. Конарев, 2007):

Հացազգիների սաղմում պարունակվող գլիադինի (Gld) լոկուսի ուսումնասիրությունը առավել կիստակեցնի ուսումնասիրվող սորտերի և վայրի տեսակների ալելոֆոնդերի ու գենոտիպերի, հոմոզիգոտության և հետերոզիգոտության աստիճանի, գենետիկական նմանության, գենետիկական բանաձևի ու գենոմային վերլուծության գործընթացը:

Նյութը և մեթոդները

Հետազոտությունները կատարվել են 2021-2022 թթ. ՀԱԱՀ Մենդամթերքի որակի հսկման ուսումնական լաբորատորիայում: Ուսումնասիրվող բույսերի նմուշները վերցվել են ՀԱԱՀ «Ագրոկենսատեխնոլոգիայի գիտական կենտրոն» մասնաճյուղի Գյուղատնտեսական մշակաբույսերի և դրանց վայրի ազգակիցների ազգային գենբանկի ex situ սերմնային հավաքածուից: Նմուշների նախապատրաստումը, ըստ ուսումնասիրվող տեսակների և սորտերի, իրականացվել է առանձին-առանձին: 30-40 մգ մանրացված հատիկը նախ թրջվել է 0,1 մլ 70 %-անոց էթանոլով, ապա 20-40 րոպե ինկուբացվել 40 ^{0}C պայմաններում: Կենտրոնախուսումից հետո (10 րոպե, 3000 պտ/ր) վերնստվածքային հեղուկին ավելացվել է 0,1 մլ ալյումին-լակտոզային բուֆեր (W. Bushuk, R.R. Zillman, 1978, E.V. Metakovsky et al., 1984):

Էլեկտրաֆորեզն իրականացվել է գերմանական արտադրության Biometra ֆիրմայի Multigel-long ապարատով՝ 8 %-անոց պոլիակրիլամիդային հելի կիրառմամբ (աղ. 1):

Էլեկտրաֆորեզի ավարտից հետո հելը 60 րոպե տևողությամբ ֆիքսվել է էթանոլ, քացախաթթու և թորած ջուր (40:10:60) պարունակող լուծույթում, որից հետո 30-60 րոպե ներկվել է Կումասսի G250 ներկով, այնուհետև երեք անգամ լվացվել բուֆերով (քացախաթթվի 10 %-անոց լուծույթ): Ֆորեգրամի փաստաթղթավորումից հետո կատարվել են համապատասխան վերլուծություններ:

Արդյունքները և վերլուծությունը

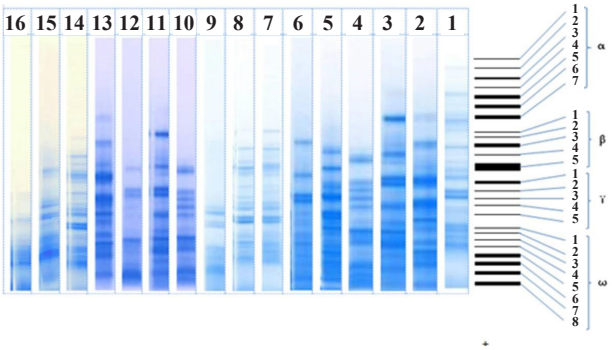
Գլիադինի սպեկտրի էլեկտրաֆորեզային տարանջատումն առաջին անգամ կատարել է Ռ.Վ. Ջոնեսը (R.W. Jones, 1959): Հետագա տարիներին այդ սպիտակուցի բազմակողմանի ուսումնասիրությամբ հիմնավորվել է, որ հաստատուն էլեկտրական դաշտում գլիադինը տարանջատվում է չորս գոտիների և α 1 2 3 4 5 6 7, β 1 2 3 4 5, γ 1 2 3 4 5, ω 1 2 3 4 5 6 7 8 հատվածների, ինչը դիտարկվում է որպես էտալոնային սպեկտր (В.Г. Конарев, 1983):

Աղյուսակ 1. Գլիադինի էլեկտրաֆորեզի անհրաժեշտ պայմանները*

Սպիտակուց	Հել, %	Հելի երկարությունը, սմ	Նմուշի տիտրը	Բուֆեր		Հոսանքի լարումը, V	Էլեկտրաֆորեզի տևողությունը, ժամ
				հելային	էլեկտրոդային		
Gld	8	12	1:1	0,05 M տրիս HCl, pH=8,8	0,016 M ալյումին-լակտոզ, pH=8,7	280	3,0

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Ուսումնասիրված հացաբույսերի գլիադինի սպիտակուցային բանաձևը վերծանելու նպատակով հետազոտությունների արդյունքները համեմատվել են գլիադինի էտալոնային սպեկտրի հետ (նկ. 1):



Նկ. 1. Հացաբույսերի ուսումնասիրվող նմուշների գլիադինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրը. 1-16-ը հացաբույսերի սորտերն են, որոնք ներկայացված են աղյուսակ 2-ում *(կազմվել է հեղինակների կողմից):*

Ուսումնասիրվող նմուշների գլիադինի սպիտակուցային բանաձևը ներկայացված է աղյուսակ 2-ում: Վերջինիս համաձայն՝ ցորենի վայրի *Triticum boeoticum (Boiss.)* տեսակն առանձնանում է ֆորեգրամում գլիադինի սպեկտրի և գոտիների խիստ ընդգծված սակավությամբ՝ α 0, β 5, γ 1 2, ω 1 2 6 8:

Ըստ ցորենի *Triticum araraticum Jakubz.* տեսակի գլիադինի ֆորեգրամային վերլուծության՝ α 0, β 5, γ 4 5, ω 2 4: Ակնհայտ է, որ ֆորեգրամում գլիադինի սպեկտրի և գոտիների սակավությունը երկարատև ինքնափոշոտման արդյունք է, ինչն առավել բնորոշ է վայրի տեսակներին: Նշված բույսերի մոտ առկա է նաև գլիադինի սինթեզը պայմանավորող գենի բազմաձևություն:

Ցորենի *Triticum urartu Tumbex Ghandilyan* տեսակի և ուսումնասիրված մյուս հացազգիների գլիադինի ֆորեգրամն ու բանաձևը խիստ տարբերվում են: Այսպես՝ էլեկտրաֆորեզային սպեկտրում առկա է ընդամենը երկու գոտի՝ α 0, β 0, γ 5, ω 3 6 8: Բացակայում են α և β գոտիները: γ գոտում առկա է մեկ, իսկ ω գոտում՝ 3 հատվածներ, որոնք, ըստ էության, կրում են ժառանգման բնույթ և, որպես բնութագրիչ, հատուկ են տվյալ տեսակին:

Ըստ ցորենի *Ալթի աղաջ* սորտի ֆորեգրամի՝ գլիադինի հատվածներն են՝ α գոտում՝ 2 5 7, β գոտում՝ 1 3 4 5, γ գոտում՝ 1 2 3 4, ω գոտում՝ 1 2 3 4:

Ցորենի *Ոսկեհասկ* սորտի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրի վերլուծության համաձայն՝ պոլիակրիլամիդային հելի վրա գլիադինը ձևավորել է α 1, β 3 5, γ 1 4 5, ω 1 2 3 4 8 հատվածները:

Ցորենի *Գյուլգյանի* սորտի գլիադինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրին բնորոշ է α 1, β 1 2 4, γ 1 2 4, ω 1 2 3 4 7 8 հատվածների ձևավորումը: Ակնհայտ է, որ α, մասնակիորեն նաև β և γ գոտիներն աչքի չեն ընկնում գլիադինի սպեկտրի բազմազանությամբ, իսկ ω գոտուն բնորոշ է սպեկտրի բազմազան տարանջատումը:

Աղյուսակ 2. Ուսումնասիրվող հացաբույսերի գլիադինի սպիտակուցային բանաձևը*

Հ/h	Ցեղը	Սորտը կամ տեսակը	Գլիադինի (Gld) սպիտակուցային բանաձևը			
			α	*β*	*γ*	*ω*
1	Ցորեն	*Triticum boeoticum (Boiss.)*	0	5	1 2	1 2 6 8
2		*Triticum araraticum Jakubz.*	0	5	4 5	2 4
3		*Triticum urartu Tumbex Ghandilyan*	0	0	5	3 6 8
4		*Ալթի աղաջ*	2 5 7	1 3 4 5	1 2 3 4	1 2 3 4
5		*Ոսկեհասկ*	1	3 5	1 4 5	1 2 3 4 8
6		*Գյուլգյանի*	1	1 2 4	1 2 4	1 2 3 4 7 8
7		*Գարասեֆերյան*	0	5	1 2 3 4	2 3 5
8		*Քոռիկ*	0	3 5	1 2 4 5	1 2 3 4 5 6
9		*Գալգալոս*	0	3 5	3 4	1 2 3 4 6 7
10	Գարի	*Hordeum bulbosum L.*	7	1 5	1 3 4 5	1 2 3 7
11		*H. spontaneum K. Koch.*	0	1 3 5	1 2 3 4 5	1 2 4 5 6
12		*Հայկ 1*	0	1 3 5	1 2 4 5	1 2 3 5 6
13		*Հայկ 2*	0	3 4 5	1 2 3 4	1 2 3 4
14		*Մարինա*	0	0	3 4 5	1 3 5
15	Այծակն	*Aegilops tauschii Cosson.*	0	4	2 3 4 5	2 3 6 7 8
16		*A. umbellulata Zhuk.*	7	4 5	1 2 4	1 2 3 4 6 7

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:

Ցորենի *Գարասեֆերյան* սորտի գլիադինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրը ներառում է միայն β 5, γ 1 2 3 4, ω 2 3 5 գոտիները: Ի դեպ, β և ω գոտիներում սպեկտրների տարանջատումը փաստում է հարաբերական կայուն և հնարավորինս քիչ փոփոխված գենոտիպի մասին:

Փափուկ ցորենի *Քոիկ* սորտի գլիադինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրում բացակայում է α գոտին: Սպիտակուցի հատվածների բաշխվածությունը մյուս գոտիներում կազմում է՝ β 3 5, γ 1 3 4 5, ω 1 2 3 4 5 6, ընդ որում՝ β և γ գոտիներում բավական ակնառու է, իսկ ω գոտում՝ զգալիորեն թույլ է արտահայտված:

Փափուկ ցորենի *Գալգալոս* սորտի գլիադինի էլեկտրաֆորեզային բանաձևի համաձայն՝ առկա են β 3 5, γ 3 4, ω 1 2 3 4 6 7 հատվածները: α գոտու բացակայությունը, β և γ գոտիներում հատվածների նվազագույն առկայությունը տեղական սորտերի կարևորագույն առանձնահատկություններից են:

Գարու *Hordeum bulbosum L.* վայրի տեսակի մոտ էլեկտրաֆորեզային սպեկտրն ունի խիստ արտահայտված և ընդգծված պատկեր՝ ներառելով բոլոր գոտիները՝ α 7, β 1 5, γ 1 3 4 5, ω 1 2 3 7: Ըստ ֆորեգրամային բանաձևի՝ α և β գոտիներում առկա են համեմատաբար թեթև մոլեկուլային զանգված ունեցող հատվածներ, որոնց միգրացիայի արագության ինդեքսը, որպես բնութագրիչ, ներկայումս շատ տարածված է սորտերի բնութագրման գործընթացում:

Գարու *H. spontaneum K. Koch.* տեսակի հատիկների սաղմում պարունակվող գլիադինը հաստատուն էլեկտրական դաշտում տարանջատվել է մի քանի հատվածների: Ըստ գլիադինի ֆորեգրամային բանաձևի՝ α գոտին բացակայում է, իսկ β, γ և ω գոտիներում կուտակումները սահմանափակ են՝ α 0, β 1 3 5, γ 1 2 3 4 5, ω 1 2 4 5 6:

Աշնանացան գարու *Հայկ 1* սորտի գլիադինի սպեկտրի բանաձևի համաձայն՝ առկա են β 1 3 4, γ 1 2 4 5, ω 1 2 3 5 6 հատվածները: Այս դեպքում ևս α գոտին բացակայում է, իսկ մյուս գոտիներում առկա են նվազագույն հատվածներ:

Աշնանացան գարու *Հայկ 2* սորտի գլիադինի ֆորեգրամի արդյունքային տվյալները բավականին մոտ են գարու *Հայկ 1* սորտի նույնանուն տվյալներին: Ըստ բանաձևի՝ α 0, β 3 4 5, γ 1 2 3 4 5, ω 1 2 3 4: Ակնհայտ է, որ բոլոր գոտիներում նկատելի է հատվածների թույլ արտահայտվածություն և, որպես օրինաչափություն, բացակայում է երկու գոտի:

Գարու *Մարինա* սորտը, ի տարբերություն նախորդ սորտերի, գլիադինի էլեկտրաֆորեզային սպեկտրում ունի երկու գոտի՝ α 0, β 0, γ 3 4 5, ω 2 3 5: Ակնհայտ է, որ սորտի ձևավորման ընթացքում միջսորտային խաչասերումները չափավոր են կատարվել, գերակշռում են ընտրությունը և զուգընտրությունը:

Այծակնի *Aegilops tauschii Cosson.* տեսակի գլիադինի սպեկտրի բանաձևի համաձայն՝ առկա են α 0, β 4, γ 2 3 4 5, ω 2 3 6 7 8 հատվածները: α գոտում հատվածները բացակայում են, իսկ β գոտում առկա է միայն մեկը: Հատկանշական է, որ բոլոր գոտիներում հատվածներն ունեն ընդգրկուն դրսևորումներ:

Այծակնի *A. umbellulata Zhuk.* տեսակի կենսաքիմիական-գենետիկական վերլուծությամբ ակնհայտ է, որ գլիադինի պոլիակրիլամիդային հելի էլեկտրաֆորեզի արդյունքում ձևավորվել են բոլոր չորս գոտիները՝ α 7, β 4 5, γ 1 2 4, ω 1 2 3 4 6 7: Ֆորեգրամում հատվածների ընդգրկվածությունը խիստ արտահայտիչ է:

Ըստ սպիտակուցային կամ կենսաքիմիական մարկերների՝ հացազգիների գենոտիպավորման գործընթացում կարևոր գործոն է նաև գենոմային վերլուծությունը: Հարկ է նշել, որ գլիադինի α, β, γ, ω գոտիների տարբեր հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեները գտնվում են տարբեր քրոմոսոմներում (6A, 6D(α), 6B(S), 1A(S), 1B(S), 1D(S)), ինչը տեսակային առանձնահատկություն է և կրում է ժառանգման բնույթ (աղ. 3):

Հացազգիների ուսումնասիրված սորտերի և վայրի տեսակների գենոմային վերլուծությունն ըստ սպիտակուցային մարկերների ամփոփված է աղյուսակ 3-ում:

Triticum boeoticum Boiss. տեսակի մոտ α գոտին բացակայում է, β գոտու 5 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեները գտնվում են 6B(S) և D քրոմոսոմներում, γ գոտու 1 2 հատվածներինը՝ 1A(S) և 1D(S), ω գոտու 1 2 6 8 հատվածներինը՝ 1B(S), ω 8 1D(S), ω 6 1A(S) քրոմոսոմներում (նկ. 2):

Triticum araraticum Jakubz. տեսակի մոտ α գոտին բացակայում է, β գոտու 5 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեները տեղակայված են 6B(S) և D քրոմոսոմներում, γ գոտու 4 5 հատվածներինը՝ 1A(S), γ 4 1B(S), ω գոտու 2 4 հատվածներինը՝ 1B(S) քրոմոսոմներում:

Triticum urartu Tumbex Ghandilyan տեսակի մոտ բացակայում են α և β գոտիները, γ գոտու 5 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեներն առկա են 1A(S) քրոմոսոմում, ω գոտու 3 6 8 հատվածներինը՝ ω 6 1A(S), ω 8 1D(S) քրոմոսոմներում:

Ցորենի *Ալթի աղաջ* սորտի մոտ α գոտու 2 5 7 հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեները գտնվում են 6A քրոմոսոմում, 7 հատվածինը միաժամանակ գտնվում է նաև 1B քրոմոսոմում, β գոտու 1 3 4 5 հատվածներինը՝ 6B(S), γ գոտու 1 2 3 4 հատվածներինը՝ 1A(S), γ 2 3 1D(S), ω գոտու 1 2 3 4 հատվածներինը՝ 1D(S), 1A(S) քրոմոսոմներում:

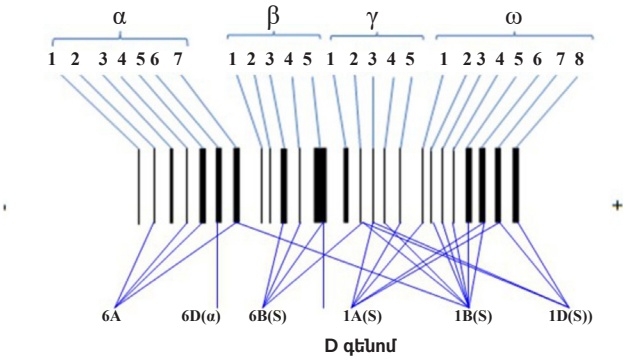
Ցորենի *Ոսկեհասկ* սորտի մոտ α գոտու 1 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեները տեղակայված են 6A քրոմոսոմում, β գոտու 3 5 հատվածներինը՝ 6B(S), B 5 D, γ գոտու 1 4 5 հատվածներինը՝ 1A(S), γ 4 1B(S), ω գոտու 1 2 3 4 8 հատվածներինը՝ 1B(S), ω 8 1D(S) քրոմոսոմներում:

Ցորենի *Գյուլգանի* սորտի մոտ α գոտու 1 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեներն առկա են 6A քրոմոսոմում, β գոտու 1 2 4 հատվածներինը՝ 6B(S), γ գոտու 1 2 4 հատվածներինը՝ 1A(S), ω գոտու 1 2 3 4 7 8 հատվածներինը՝ 1B(S), ω 7 8 1D(S), ω 1 1A(S) քրոմոսոմներում:

Աղյուսակ 3. Ցորենի վայրի տեսակների և մշակովի սորտերի գենոմային վերլուծությունն ըստ սպիտակուցային մարկերների*

Հ/h	Սորտը կամ տեսակը	6A	6D(α)	6B(S)	1A(S)	1B(S)	1D(S)
1	*Triticum boeoticum Boiss.*			β 5 D 5 γ 2	γ 1 2 ω 6	ω 1 2 6 8	ω 8 γ 2
2	*Triticum araraticum Jakubz.*			β 5 D 5	γ 4 5	γ 4 ω 2 4	
3	*Triticum urartu Tum. ex Gandilyan*				γ 5 ω 6	ω 3 6 8	ω 8
4	*Ալթի աղաջ*	α 2 5 7		β 1 3 4 5	γ 1 2 3 4 ω 1	α 7 ω 1 2 3 4	γ 2 3 4
5	*Ոսկեհասկ*	α 1		β 3 5 D 5	γ 1 4 5	ω 1 2 3 4 8 γ 4	ω 8
6	*Գյուլգանի*	α 1		β 1 2 4	γ 1 2 4 ω 1	ω 1 2 3 4 7 8	ω 7 8
7	*Գարասեֆերյան*			β 5 D 5	γ 1 2 3 4 ω 2	γ 2 3 4	ω 2 3 5 γ 3
8	*Քոիկ*			β 3 5 D 5	γ 1 2 3 4 ω 5 6	γ 2 3 4 ω 1 2 3 4 5 6	γ 2 3
9	*Գալգալոս*			β 3 5 D 5	γ 3 4 ω 6 7	ω 1 2 3 4 6 7	γ 3 4 ω 7

*Կազմվել է հեղինակների կողմից:



Նկ. 2. Գլիադինի գենետիկական կարգավորումը (В.Г. Конарев, 1983):

Ցորենի *Գարասեֆերյան* սորտի մոտ α գոտին բացակայում է, β գոտու 5 հատվածի սինթեզը պայմանավորող գեները գտնվում են 6B(S), D5 քրոմոսոմներում, γ գոտու 1 2 3 4 հատվածներինը՝ 1A(S), γ 2 3 4 1B(S), γ 3 1D(S), ω գոտու 2 3 5 հատվածներինը՝ 1D(S), ω 2 1A(S) քրոմոսոմներում:

Ցորենի *Քոիկ* սորտի մոտ α գոտին բացակայում է, β գոտու 3 5 հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեները տեղակայված են 6B(S), B 5 D քրոմոսոմներում, γ գոտու 1 2 4 5 հատվածներինը՝ 1A(S), γ 2 3 4 1B(S), γ 2 3 1D(S), ω գոտու 1 2 3 4 5 6 հատվածներինը՝ 1B(S), ω 5 6 1A(S) քրոմոսոմներում:

Ցորենի *Գալգալոս* սորտի մոտ α գոտին բացակայում է, β գոտու 3 5 հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեներն առկա են 6B(S), B 5 D քրոմոսոմներում, γ գոտու 3 4 հատվածներինը՝ 1A(S), ω գոտու 1 2 3 4 6 7 հատվածներինը՝ 1B(S), ω 7 1D(S), ω 6 7 1A (S) քրոմոսոմներում:

Եզրակացություն

Հացազգիների ուսումնասիրված սորտերի և վայրի ազգակիցների գենոմային վերլուծությունը սպիտակուցային մարկերների կիրառմամբ թույլ է տալիս եզրակացնել՝

- գլիադինը տարանջատվում է չորս գոտիների՝ α, β, γ և ω. α գոտին համեմատաբար ավելի քիչ է հանդիպում, առկա է ցորենի *Ալթի աղաջ, Ոսկեհասկ, Գյուլգանի* սորտերի, գարու *Hordeum bulbosum L.* և այծակնի *A. umbellulata Zhuk.* տեսակների մոտ,

- գլիադինի α, β, γ, ω գոտիների տարբեր հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեները, ըստ քրոմոսոմներում տեղակայվածության, պոլիմորֆ են և գտնվում են 6B(S), 1A(S), 1B(S), 1D(S) քրոմոսոմներում, իսկ *Ալթի աղաջ, Ոսկեհասկ* և *Գյուլգյանի* սորտերի դեպքում՝ նաև 6A քրոմոսոմում: 6D(α) քրոմոսոմում գլիադինի հատվածների սինթեզը պայմանավորող գեներ առկա չեն:

Գրականություն

1. Гучетль С.З., Челюстникова Т.А., Антонова Т.С. Паспортизация новых линий и гибридов подсолнечника селекции ВНИИМК с помощью биохимических и молекулярных маркеров // Масличные культуры. Научно-технический бюллетень Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур. - 2015. - Вып. 3 (163). - С. 31-37.
2. Егоров С.В., Дуктова Н.А. Оценка внутренней структуры генотипов льна масличного на основе белковых маркеров семян // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. - 2015. - N 4. - С. 48-53.
3. Конарев В.Г. Белки растений как генетические маркеры. - М.: Колос, 1983. - 320 с.
4. Конарев В.Г. Молекулярно-биологические исследования генофонда культурных растений в ВИРе (1967–2007 гг.). Издание 2-е дополненное (составители: Сидорова В.В., Конарев А.В.). - СПб.: ВИР, 2007. - 134 с.
5. Кононенко Н.В., Диловарова Т.А., Канавский Р.В., Лебедев С.В., Баранова Е.Н., Федореева Л.И. Оценка морфологических и биохимических параметров устойчивости различных генотипов пшеницы к хлоридному засолению // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. - 2019. - Т. 14. - N 1. - С. 18-39. http://doi:org/10.22363/2312-797X2019-14-1-18-39.
6. Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. - 2013. - Т. 17. - N 4/2. - С. 1044-1054. https://doi.org/10.18699/letters2020-6-13.
7. Чесноков Ю.В. Генетические маркеры: сравнительная классификация молекулярных маркеров // Овощи России. - 2018(3). - С. 11-15. https://doi.org/10.18619/2072-9146-2018-3-11-15.
8. Bushuk, W., Zillman, R.R. (1978). Wheat Cultivas Identification by Gliadin Electrophoregrams. I. Apparatus, Method, and Nomenclature. ZZCanad. J. Plant Sci. U. 58, - pp. 505-515. https://doi.org/10.4141/cjps78-076.
9. Jones, R.W., Taylor, N.W., Senti, F.R. (1959). Electrophoresis and Fractionation of Wheat Gluten. Arch. Biochem. Biophys., - v. 84, - pp. 363-376. https://doi.org/10.1016/0003-9861(59)90599-5.
10. Metakovsky, E.V., Novoselskaya, A.Ju., Kopus, M.M., Sobko, T.A., Sozinov, A.A. (1984). Blocks of Gliadin Components in Winter Wheat Detected by One-Dimensional Polyacrylamide Gel Electrophoresis./ ZTheor.Appl.Genet (TAG). - 1984. - 67, - pp. 559-568. https://doi.org/10.1007/bf00264904.

Изучение генетического разнообразия злаковых с применением белковых маркеров

М.В. Бадалян, А.Ш. Меликян, Т.Б. Алоян, А.Дж. Саакян
“Научный центр агробиотехнологии”, НАУА

Ключевые слова: *злаковые, маркер, геном, хромосома, генетическая формула*

Аннотация. С целью изучения генетического разнообразия и паспортизации взятых образцов злаковых были расшифрованы формулы белков по электрофоретическому спектру глиадина (Gld), определены аллелофонды и генотипы, степень гомозиготности и гетерозиготности, а также проведен анализ геномов.

Результаты исследований могут быть использованы в качестве генетических маркеров в работе по идентификации и селекции изученных сортов и дикорастущих видов.

Study of Genetic Diversity of Cereals Using Protein Markers

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

"Agrobiotechnology Scientific Center", ANAU

Keywords: *cereals, marker, genome, chromosome, genetic formula*

Abstract. The crops variety growing in Armenia has not been fully explored yet, hence, their genetic potential has not been revealed. Therefore, study of gliadin (Gld) locus contained in cereals' embryo will further clarify the process of allelofunds and genotypes, homozygocity and heterozigocity, genetic similarity, genetic formula and genomic analysis of studied cultivars and wild species.

The research was carried out in 2021-2022 in the educational laboratory of Food Quality Control of the Armenian National Agrarian University. The samples of the studied plants were taken from the ex-situ seed collection of the National Genebank of Agricultural Crops and their Wild Relatives of the "Scientific Center of Agro-Biotechnology" branch of the Armenian National Agrarian University.

From the electrophoretic spectrum of gliadin (Gld) for the study and identification of the genetic diversity of the inventory samples of cereals diversity protein formulas were deciphered, allelotypes and genotypes, homozygosity and heterozygosity levels were determined, and genomic analysis was performed.

According to the genomic analysis of the studied cereals varieties and wild relatives using protein markers, gliadin is spread into four zones: α, β, γ and ω. The genes regulating the synthesis of different parts of gliadin of α, β, γ, ω zones, are polymorphic located in chromosomes 6B(S), 1A(S), 1B(S), 1D(S), and in the case of Alti aghaj, Voskehask and Gjulgian also in 6A chromosome. There are no genes regulating the synthesis of gliadin segments in chromosome 6D(α).

Research results, as genetic markers, can be used in identification and selection of studied varieties and wild species.

Հետազոտությունն իրականացվել է ՀՀ Գիտության կոմիտեի ֆինանսական աջակցությամբ՝ 21T-4D074 ծածկագրով գիտական թեմայի շրջանակում:

Ընդունվել է՝ 28.12.2022 թ.
Գրախոսվել է՝ 16.01.2023 թ.