

2012-Cİ İLİN ƏSAS QRANT MÜSABİQƏSİ (EIF-2012-2(6)) ÇƏRÇİVƏSİNDƏ YERİNƏ YETİRİLMİŞ LAYİHƏ ÜZRƏ NƏŞRLƏR VƏ ƏSAS ELMİ NƏTİCƏLƏR

AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu (GEİ) Elmin İnkişafı Fondunun əksər grant müsabiqələrində aktiv iştirak etməklə yanaşı, layihələrin elmi ekspertizasının keçirilməsində və müvafiq rəylərin hazırlanmasında fəal iştirak edir. 2010-2016-cı illərdə müxtəlif təşkilatların alimləri ilə birləşərək GEİ 11 qrant layihəsində iştirak etmiş, ən yeni avadanlıqlarla təchiz edilmiş müasir laboratoriyalar qurulmuş və çoxsaylı yüksək ixtisaslı gənc kadrlar hazırlanmışdır. İnstitutun direktoru, AMEA-nın müxbir üzvü Zeynal Əkpərov institut əməkdaşlarının grant müsabiqələrində iştirakını təmin etməklə yanaşı, 1 pilot layihəsinin rəhbəri, 1 kompleks elmi-tədqiqat proqramları üzrə əsas grant layihəsinin isə həm-rəhbəri olmuşdur.

Z.Əkpərovun rəhbərliyi ilə həyata keçirilən “Azərbaycanın torpaq və bitki genetik müxtəlifliyinin səmərəli istifadəsi istiqamətində fundamental tədqiqatların maddi-texniki bazasının gücləndirilməsi” (2012-ci il üçün ƏSAS QRANT müsabiqəsi EIF-2012-2(6)) adlı pilot layihəsi çərçivəsində regionda, ilk dəfə olaraq Azərbaycanda Yeni Nəsil Sekvenserləri (YNS) ilə təchiz edilmiş “Genomika” laboratoriyası və Mobil Aqrar Tədqiqatlar laboratoriyası yaradılmışdır. Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda quraşdırılan YNS-lər Amerika Birləşmiş Ştatlarının Life Technology şirkətinin istehsalı olan İon Torrent (İon PGM və İon proton) sekvenserləridir. İon PGM kiçik genomların, hədəf gen panellərinin, amplikon və mikroorqanizmlərin genomunun oxunması üçün olduqca mükəmməl texnologiya hesab olunub, nisbətən sadə iş protokolları əsasında daha sürətli sekvensləməni həyata keçirməyə imkan verir. İon Proton sekvensatoru isə transkriptom, ekzom və nisbətən böyük genomların oxunması üçün daha münasib olub (PI chip), cəmi 4 saat ərzində 10 GB həcmində informasiya vermək imkanına malikdir. Hazırda bu sekvenserlər ABŞ (Harvard Universiteti, Stanford Universiteti, Vaşinqton Dövlət Universiteti, Kanzas Dövlət Universiteti, Şimali Dakota Dövlət Universiteti, Arizona Universiteti, İova Dövlət Universiteti, Miçigan Dövlət Universiteti, Vayne Dövlət Universiteti, Pensilvaniya Universiteti, Barry Universiteti və s.), Yaponiya (Tokio Tibb Universiteti, Kyota Universiteti, Yamanashi Mərkəzi Klinikası və s.), Böyük Britaniya (Oksford Universiteti, Bristol Universiteti, York Universiteti, Vestminster Universiteti, John İns Mərkəzi, Genom Mərkəzi və s.) Belçika (Gent Universiteti), İtaliya (Sapienze Universiteti, Bologna Universiteti, Breskia Universiteti və s.), Fransa (İNRA) və Türkiyənin müxtəlif tədqiqat mərkəzlərində həm insan, həm də bitki və heyvan növləri üzərində genom tədqiqatlarının aparılması məqsədilə istifadə olunmaqdadır.

Azərbaycanda aparılan genom tədqiqatlarını dəstəkləmək, həmçinin, YNS-lərin iş prinsipini öyrənmək və genetik ehtiyatların səciyyələndirilməsi sahəsində istifadə olunan sekvens üsullarını Azərbaycana gətirmək məqsədilə, Zeynal Əkpərovun rəhbərliyi ilə bir sıra ardıcıl və sisteməlik tədbirlər həyata keçirilmişdir. İki nəfər gənc tədqiqatçı (b.ü.f.d. M.Abbasov, b.ü.f.d. S.Şərifova, 01-21 dekabr, 2014) ABŞ-ın Kanzas Dövlət Universitetinə ezam olunmuş, yüksək keyfiyyətli DNT-nin ekstraksiyası, müxtəlif ölçülü kitabxanaların hazırlanması və oxunması, eləcə də nəticələrin bioinformatik (UNEAK) analizi üzrə metodları tam mənimsəmiş və Azərbaycan dilində təlimat hazırlanmışdır. İlk dəfə olaraq, GBS vasitəsilə, Azərbaycan mənşəli 96 bərk və 96 yumşaq buğda nümunəsinin genetik müxtəlifliyi tədqiq edilmiş və müvafiq olaraq, 1059 və 858 tək nukleotid polimorfizmi identifikasiya edilmişdir. Layihə çərçivəsində digər bir gənc alim isə (b.ü.f.d. S.Salayeva) 1 ay müddətində (04 fevral-04 Mart, 2016) Fransanın Aqrar Tədqiqatlar Mərkəzində Bioinformatik analiz üsullarını öyrənmişdir.

Son illərdə Elmin İnkişafı Fondunun dəstəyi ilə alınmış cihazlardan istifadə etməklə GEİ-də genetik ehtiyatların genom və transkriptom səviyyəsində öyrənilməsi sahəsində fəaliyyətlər daha da təkmilləşdirilmiş və molekulyar marker texnologiyasından istifadə etməklə, 900-dən artıq bitki nümunəsinin genetik müxtəlifliyi öyrənilmişdir. Yeni Nəsil Sekvenserləri (İon PGM) vasitəsilə bitkilərin

genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsində istifadə olunan sekvens əsasında genotipləşdirmə metodu üzrə hazırlanmış təlimat təkmilləşdirilmiş və çoxpraymerli paralel sekvensləmə (amplikon sekvensləmə) metodu öyrənilərək, protokol hazırlanmışdır. İlk dəfə olaraq, buğda genomunu əhatə edən 830 (60 gen spesifik) SNP praymeri dizayn edilmiş, 170 diploid, 178 bərk buğda və 172 yumşaq buğda nümunəsinin genetik müxtəlifliyi amplikon sekvensləmə metodu ilə tədqiq edilmişdir. A genomu üzrə 160, B genomu üzrə isə 180 polimorf marker seçilmişdir. Milli genbankda saxlanılan 178 yumşaq buğda nümunəsi 11 gen spesifik KASP markerinə görə skrining edilmiş, 16 nümunədə Lr34 geni, 31 nümunədə GluD1 geni, 1 nümunədə 3 B xromosomunda yerləşən FHB geni, 48 nümunədə 5 A xromosomunda yerləşən FHB geni aşkar edilmişdir. İlk dəfə olaraq, Azərbaycan mənşəli 86 yabanı (*Hordeum spontaneum* L.) və 85 mədəni arpa (*Hordeum vulgare* L.) nümunəsinin genetik müxtəlifliyi bütün genomu əhatə edən 364 SNP praymerlik panel vasitəsilə analiz edilmiş və 780 SNP müəyyən edilmişdir. Bundan əlavə, mədəni arpa nümunələri üzərində asosiativ xəritələmə aparılmış və məhsuldarlıq elementləri ilə əlaqəli yüksək statistik əhəmiyyətli 6 SNP markeri identifikasiya edilmişdir. İlk dəfə olaraq, Azərbaycan mənşəli yabanı arpa nümunələrində gövdə pası xəstəliyinə davamlılıqda mühüm əhəmiyyət kəsb edən Rpg5 and HvRga1 genləri aşkar edilmişdir.

Fransa, Almaniya, Çin, Türkiyə, Özbəkistan və Qazaxıstan alimləri ilə birgə ərik genotipləri üzərində aparılan tədqiqatlarla kolleksiyada çox zəngin genetik müxtəliflik və şarka xəstəliyinə davamlılıq geninə malik donor genotiplər aşkarlanmış, ərik bitkisinin mədəniləşdirilmə prosesinin ən azı iki dəfə, müxtəlif zaman və məkanlarda, lakin ümumi bir əcdaddan baş verməsi müəyyənləşdirilmişdir. Tədqiqat işinin nəticəsi "Molekulyar ekologiya" jurnalında (imakt faktor- 5.949) dərc edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, Azərbaycanda yayılmış nar populyasiyalarının yüksək genetik müxtəlifliyə malik olması sübut edilmiş, Avstraliya, İCARDA, Rusiya və ABŞ alimləri ilə birlikdə "Azərbaycan gülöyşəsi" nar sortundan yüksək keyfiyyətli nüvə DNT-si ekstraksiya edilmiş, 350, 500 və 1500 nukleotid cütü uzunluğunda kitabxanalar hazırlanaraq, sekvens edilmişdir. Sekvens məlumatları əsasında nukleotid ardıcılığının düzlənməsi həyata keçirilmiş və genomun annotasiyasına başlanılmışdır. Transkriptom analizi (RNT sekvensi) isə tam yekunlaşmışdır. RNT-seq məlumatlarının ilkin bioinformatik analizi əsasında, ümumilikdə, 660.695.014 yüksək keyfiyyətli oxunma düzlənmə (assembly) üçün istifadə olunmuşdur. Analizlər nəticəsində, həmçinin, alınmış transkriptlərin kodlaşdırdığı zülallar müəyyən edilmişdir. Hazırda transkriptom üzrə annotasiya işi davam etdirilməklə yanaşı, nar genomu və transkriptomunun digər bitkilərlə müqayisəli analizi də həyata keçirilir.

Layihə çərçivəsində qurulmuş mobil aqrar tədqiqatlar laboratoriyasında isə AMEA Aqrokimya və Torpaqşünaslıq İnstitutunun alimləri ilə birgə tədqiqatlar aparılmaqdadır. Mobil laboratoriya vasitəsilə sahə şəraitində torpağın kompleks analizi aparılır və bitkilərdə xlorofilin miqdarı təyin edilir.

№	Nəşr haqqında məlumat (Məqalələr)	Tam mətn
1	<p>Məqalənin adı: New insights into the history of domesticated and wild apricots and its contribution to Plum pox virus resistance</p> <p>Müəlliflərin S.A.A: Stephane Decroocq, Amandine Cornille, David Tricon, Sevda Babayeva, Aurelie Chague, Jean-Philippe Eyquard, Raul Karychev, Svetlana Dolgikh, Tatiana Kostriysyna, Shuo Liu, Weisheng Liu, Wenjuan Geng, Kang Liao, Bayram M. Asma, Zeynal Akparov, Tatiana Giraud, Veronique Decroocq</p> <p>Nəşrin adı: Molecular Ecology, 2016, vol.25, issue 19</p> <p>E-link: https://onlinelibrary.wiley.com/action/doSearch?AllField=New+insights+into+the+history+of+domesticated+and+wild+apricots+and+its+contribution+to+Plum+pox+virus+resistance&SeriesKey=1365294x</p> <p>DOI: https://doi.org/10.1111/mec.13772</p> <p>İndeksənmə: -</p> <p>İF: -</p>	<p>(-)</p> 
2	<p>Məqalənin adı: Evaluation of wheat genetic resources of Azerbaijan on normal and saline fields</p> <p>Müəlliflərin S.A.A: Nuriyeva S., Akparov Z., Həjiyev E., Abbasov M., Sharma R.</p> <p>Nəşrin adı: Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 2016, pp.186-193</p> <p>E-link: http://journals.tubitak.gov.tr/agriculture/issues/tar-16-40-2/tar-40-2-7-1502-84.pdf</p> <p>DOI: -</p> <p>İndeksənmə: -</p> <p>İF: 1.434</p>	
3	<p>Məqalənin adı: Genetic diversity of Vitis vinifera L. In azerbaijan</p> <p>Müəlliflərin S.A.A: Salayeva S., Ojaghi J., Pashayeva A., İzzatullayeva V., Akhundova E., Akparov Z.</p> <p>Nəşrin adı: Russian Journal of Genetics, 2016, Vol.52, №4, pp.391-397</p> <p>E-link: https://link.springer.com/article/10.1134/S1022795416030133</p> <p>DOI: -</p> <p>İndeksənmə: -</p> <p>İF: 0.505</p>	<p>(-)</p> 
4	<p>Məqalənin adı: Genetic polymorphism of durum wheat (Triticum durum Desf.) accessions of Azerbaijan</p> <p>Müəlliflərin S.A.A: Həjiyev E., Akparov Z., Aliyev R., Saidova S., İzzatullayeva V., Babayeva S., Abbasov M.</p> <p>Nəşrin adı: Russian Journal of Genetics, 2015, Vol. 51, №9, pp. 863–870</p> <p>E-link: https://link.springer.com/article/10.1134/S1022795415090045</p> <p>DOI: -</p> <p>İndeksənmə: -</p> <p>İF: 0.505</p>	<p>(-)</p> 