



**AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASININ PREZİDENTİ YANINDA
ELMİN İNKİŞAFI FONDU**

**Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında
Elmin İnkişafı Fondunun
Gənc alim və mütəxəssislərin 3-cü qrant müsabiqəsinin
(EİF/GAM-3-2014-6(21)) qalibi olmuş layihənin yerinə
yetirilməsi üzrə**

YEKUN ELMİ-TEXNİKİ HESABAT

Layihənin adı: **Bəzi birləpəli və ikiləpəli bitkilərin plastid təyinatlı nüvə genlərinin promotor rayonlarının müqayisəli kompüter analizi**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Quliyeva Hökümə Fikrət qızı**

Qrantın məbləği: **10 000 manat**

Layihənin nömrəsi: **EİF/GAM-3-2014-6(21)-24/16/3-M-04**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **27 noyabr 2015-ci il**

Qrant layihəsinin yerinə yetirilmə müddəti: **12 ay**

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 yanvar 2016-cı il – 01 yanvar 2017-ci il**

Diqqət! Bütün məlumatlar 12 ölçülü Arial şrifti ilə, 1 intervalla doldurulmalıdır

Diqqət! Uyğun məlumat olmadığı təqdirdə müvafiq bölmə boş buraxılır

Hesabatda aşağıdakı məsələlər işıqlandırılmalıdır:

- | | |
|---|---|
| 1 | Layihənin həyata keçirilməsi üzrə yerinə yetirilmiş işlər, istifadə olunmuş üsul və yanaşmalar
Layihənin icrası zamanı mərhələlər üzrə ardıcıl olaraq aşağıdakı işlər yerinə yetirilmişdir:
1. NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/) və digər WEB-resurslardan ikiləpəli kəşəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, soya, şərab üzümü (<i>Arabidopsis thaliana</i> , <i>Medicago truncatula</i> , <i>Populus trichocarpa</i> , <i>Glycine max</i> , <i>Vitis vinifera</i>) və birləpəli düyü, qarğıdalı (<i>Oryza sativa</i> , <i>Zea mays</i>) bitkilərinin nüvə genomlarının annotasiyalarını və xromosomlar üzrə müvafiq DNT ardıcılıqlarını götürülmüşdür.
2. Daha sonra zülal ardıcılıqlarının növdaxili cüt-cüt BLAST (Altschul at al., Nucleic Acids Res., 1997, 25:3389-3402; http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) və BLAN müqayisəsini aparılmışdır.
3. Götürülmüş bitkilərin genom annotasiyaları təhlil olunmuşdur. Bunun üçün getseqPP (İ.Şahmuradov tərəfindən yaradılmışdır; çap olunmamışdır) kompüter proqramından istifadə olunmuşdur. |
|---|---|

4. Kəsəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, soya, şerab üzümü (*Arabidopsis thaliana*, *Medicago truncatula*, *Populus trichocarpa*, *Glycine max*, *Vitis vinifera*) və birləpəli düyü, qarğıdalı (*Oryza sativa*, *Zea mays*) bitkilərinin təkrarlanmayan zülal ardıcılıqları ProtComp kompüter proqramı (<http://www.softberry.com/berry.phtml?topic=protcomppl&group=programs&subgroup=proloc>) vasitəsi ilə analiz edilmişdir və hər növ üçün potensial plastid təyinatlı zülal ardıcılıqları dəstləri müəyyənləşdirilmişdir.

5. TSSPlant kompüter proqramı (Şahmuradov, Umarov və Solovyov, Nucl. Acids. Res., 2017, accepted) vasitəsi ilə hər bir gen üçün transkripsiya start saytları (TSS) xəritəsi yaradılmışdır.

6. Nsite kompüter proqramı (Shahmuradov and Solovyev, Bioinformatics, 2015, PMID 26142184; <http://www.softberry.com/berry.phtml?topic=index&group=programs&subgroup=promoter>) vasitəsi ilə transkripsiya faktorları ilə birləşmə saytları (tənzimləyici element, TE) xəritəsini yaradılmışdır.

7. Plastid təyinatlı nüvə genlərinin cüt-cüt növlərarası BLAST (Altschul et al., 1997; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) kompüter proqramı vasitəsilə analizi.

8. Nəticələrin BLAN (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə analizi.

9. Nəticələrin GetOrtholog (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə analizi.

10. Genlərin nukleotid ardıcılıqlarının TSSPlant kompüter proqramı (Şahmuradov, Umarov və Solovyov; çap olunmamışdır) vasitəsi analizi

11. Genlərin nukleotid ardıcılıqlarının NsiteM kompüter proqramı (Shahmuradov and Solovyev, Bioinformatics, 2015, PMID 26142184; [softberry.com/berry.phtml?topic=nsitem&group=programs&subgroup=promoter](http://www.softberry.com/berry.phtml?topic=nsitem&group=programs&subgroup=promoter)) vasitəsi analizi

Aparılan tədqiqat zamanı aşağıdakı kompüter proqramlarından istifadə olunmuşdur.

1. getseqPP (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır): Extract Promoter regions from genome sequences (by analysis of genome annotations)

2. BLAST (Altschul et al., Nucleic Acids Res., 1997, 25:3389-3402; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>): pairwise comparison of protein and promoter sequences

3. BLAN (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır): Analysis of initial results of BLAST comparisons

4. ProtComp kompüter proqramı

(<http://www.softberry.com/berry.phtml?topic=protcomppl&group=programs&subgroup=proloc>)

5. TSSPlant kompüter proqramı (Şahmuradov, Umarov və Solovyov, Nuc. Acids Res., 2017, accepted)

6. Nsite və NsiteM kompüter proqramları (Shahmuradov and Solovyev, Bioinformatics, 2015, PMID 26142184; <http://www.softberry.com/berry.phtml?topic=index&group=programs&subgroup=promoter>)

7. GetOrtholog (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı

2 Layihənin həyata keçirilməsi üzrə planda nəzərdə tutulmuş işlərin yerinə yetirilmə dərəcəsi (faizlə qiymətləndirməli)

100%

3 Hesabat dövründə alınmış elmi nəticələr (onların yenilik dərəcəsi, elmi və təcrübə əhəmiyyəti, nəticələrin

istifadəsi və tətbiqi mümkün olan sahələr aydın şəkildə göstərilmişdir)

BLAST, BLAN və getseqPP proqramlarının köməyi ilə düyü, qarğıdalı, kəşəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, şərab üzümü və qarğıdalı bitkilərinin müvafiq surətdə 22333, 23467, 17901, 18227, 17651, 11080 və 38718 zülal kodlaşdırıcı nüvə genlərinin (cəmi 149377 gen) [-1000:+101] 5'-rayonunun DNT ardıcılıqları dəstləri yaradılmışdır.

TSSPlant proqramının köməyi ilə tədqiq olunan genin hər birinin [-1000:+101] nahiyəsindəki potensial promotorlar (TSS-ları) müəyyən edilmişdir. Anotasiya olunmuş hər bir gen başlanğıcına yaxın olan yalnız bir TSS götürülməklə, proqnozlaşdırılan TSS (TSSpr) və gen başlanğıcı arasındakı məsafə hesablanmışdır: ~51.2% gen üçün TSSpr anotasiya olunmuş gen başlanğıcından ≤ 50 nc məsafədə, ~70% gen üçün isə TSSpr gen başlanğıcından ≤ 100 nc məsafədə yerləşmişdir. Bundan başqa, tədqiq olunan orqanizmlərdə TATA və ya qeyri-TATA tipli promotorların nisbi sayı müəyyən olunmuşdur.

Bu orqanizmlərin təkrarlanmayan zülal ardıcılıqları ProtComp kompüter proqramının vasitəsi ilə analiz edilmişdir və hər növ üçün potensial plastid təyinatlı zülal ardıcılıqları dəstləri müəyyənləşdirilmişdir: kəşəkotunda 3947, qara yoncada 3759, qovaq ağacında 3215, soyada 5253, şərab üzümündə 2093, düyüdə 4525, qarğıdalıda 5159 potensial plastid təyinatlı nüvə genləri müəyyən edilmişdir.

Plastid təyinatlı nüvə genləri yenidən getseqPP kompüter proqramı vasitəsi ilə analiz edilərək hər biri üçün promotor dəstləri yaradılmışdır. Daha sonra plastid təyinatlı zülal kodlaşdırıcı nüvə genlərinin potensial promotorlarının hansı sinfə (TATA yaxud qeyri-TATA) mənsub olması TSSPlant proqramının köməkliliyi ilə müəyyən edilmişdir. Aşkar olunmuşdur ki, qeyri-TATA tipli promotorlar üstünlük təşkil edir.

Tədqiqat obyektini olan orqanizmlərin tam genom, plastid təyinatlı nüvə genlərində promotor tapılan genlərin sayı, həmin genlərin TATA və qeyri-TATA tipli promotorlarının sayı və faiz nisbətləri ümumiləşdirilərək 1-ci cədvəldə öz əksini tapmışdır (Cədvəl 1).

Cədvəl 1. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdırıcı nüvə genlərinin potensial transkripsiya start saytları üzrə ümumi statistik göstəriciləri.

Orqanizm	Zülal genləri dəsti	Dəstdəki genlərin sayı	TATA promotorlar	Qeyri-TATA promotorlar	TATA/qeyri-TATA, %
A.t.	Bütün genlər	17896	5534	12362	30.9/69.1
	Plastid təyinatlı	3994	1266	2728	31.7/68.3
G.m.	Bütün genlər	38702	5833	32896	15.1/84.9
	Plastid təyinatlı	5252	669	4583	12.7/87.3
M.t.	Bütün genlər	18226	3600	14626	19.8/80.2
	Plastid təyinatlı	3759	657	3102	17.5/82.5
P.t.	Bütün genlər	17645	4016	13629	22.8/77.2

	Plastid təyinatlı	3215	623	2592	19.4/80.6
V.v.	Bütün genlər	11035	2999	8036	27.2/72.8
	Plastid təyinatlı	2083	467	1616	22.4/77.6
O.s.	Bütün genlər	22258	7457	14801	33.5/66.5
	Plastid təyinatlı	4508	1310	3198	29.1/70.9
Z.m.	Bütün genlər	23330	8949	14381	38.4/61.6
	Plastid təyinatlı	5137	1825	3312	35.5/64.5

A.t.- *Arabidopsis thaliana*; M.t.-*Medicago truncatula*; P.t.-*Populus trichocarpa*; G.m.-*Glycine max*; V.v.-*Vitis vinifera*; O.s.-*Oryza sativa*; Z.m.-*Zea mays*.

Kəsəkotu (*Arabidopsis thaliana*) genomunun 33651 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 6774 -ü potensial plastid təyinatlıdır. Potensial Plastid təyinatlı 3997 gendən 3994-də 9712 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 3994 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1266- ı (32%) TATA, 2728-i (68%) isə qeyri-TATA tiplidir. Həmçinin 9712 TSS-nın 3515-i TATA 6197-i qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığındadır. Bu sahədə 1592 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 40%-ni təşkil edir. Bunlardan 395-i TATA tipli 1197-i isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Soya (*Glycine max*) genomunun 51268 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 9455 -i potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 5256 gendən 5252-də 13733 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 5252 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 669-u TATA və 4583 -i qeyri-TATA (13% /87%) tiplidir. Həmçinin 13733 TSS-nın 2016-ı TATA 11717-i qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığındadır. Bu sahədə 2193 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 42%-ni təşkil edir. Bunlardan 320-i TATA tipli, 1873-ü isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Qara yonca (*Medicago truncatula*) genomunun 49993 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 9243-ü potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 3759 gendə 9875 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 3759 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 657-i TATA və 3102 -i qeyri-TATA (17% /83%) tiplidir. Həmçinin 9875 TSS-nın 1973-ü TATA, 7902-i isə qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1731 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 46%-ni təşkil edir. Bunun da 331 TATA, 1400 isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Düyü (*Oryza sativa*) genomunun 39712 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7775-i potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 4525 gendən 4508 -də 10749 TSS müəyyən edilmişdir. 4508 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1310-u TATA və 3198 -i qeyri-TATA (29% /71%) tipli promotordur. Həmçinin 10749 TSS-nın 3351-i TATA, 7398-i isə qeyri-TATA tipli promotordur. Ən

çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1622 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da xloroplast təyinətli genlərdə tapılan promotorların 36%-ni təşkil edir. Bunun da 213-ü TATA, 1409 isə qeyri -TATA tipli promotordur.

Qovaq ağacı (*Populus trichocarpa*) genomunun 36153 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7269-u potensial plastid təyinətli. Potensial plastid təyinətli 3215 gendə 8301 TSS müəyyən edilmişdir. 3215 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 623-ü TATA və 2592 -i qeyri-TATA (19% /81%) tiplidir. Həmçinin 8301 TSS-nın 1333-ü TATA, 6968-i isə qeyri- TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1115 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da xloroplast təyinətli genlərdə tapılan promotorların 35%-ni təşkil edir. Bunun da 259-u TATA, 856 isə qeyri -TATA tipli promotordur. .

Şərab üzümü (*Vitis vinifera*) genomunun 23429 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 4837-i potensial plastid təyinətli. Potensial plastid təyinətli 2093 genin 2083-də 5248 TSS müəyyən edilmişdir. 2083 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 467-i TATA və 1616 -i qeyri-TATA (22% /78%) tiplidir. Həmçinin 5248 TSS-nın 982-i TATA, 4267-i isə qeyri -TATA tiplidir. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 717 promotor tapılmışdır ki, bu da xloroplast təyinətli genlərdə tapılan promotorların 34%-ni təşkil edir. Bunun da 160-u TATA, 557-i isə qeyri- TATA tipli promotordur.

Qarğıdalı (*Zea mays*) genomunun 36153 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7269-u potensial plastid təyinətli. Potensial plastid təyinətli 5159 genin 5137-də 11742 TSS aşkar edilmişdir. 5137 gendə genin kodlaşdırın hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1825-u TATA və 3312 -i qeyri-TATA (36% /64%) tiplidir. 11742 TSS-nın 4653-ü TATA, 7089-u isə qeyri- TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1998 promotor tapılmışdır ki, bu da xloroplast təyinətli genlərdə tapılan promotorların 39%-ni təşkil edir. Bunun da 503-ü TATA, 1495-l isə qeyri -TATA tipli promotordur.

Alınan nəticələr barədə geniş məlumat aşağıdakı cədvəllərdə ümumiləşdirilmişdir (Cədvəl2 və Cədvəl 3) .

Cədvəl2. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdırın nüvə genlərinin annotasiya olunmuş başlanğıc nöqtəsi ilə həmin başlanğıca ən yaxın potensial TSS arasındakı məsafə üzrə ümumi statistik göstəricilər (bütün genlər üçün)

Orqanizm	Promotor sinfi	Potensial TSS və annotasiya olunmuş genin başlanğıc arasındakı məsafə, nc					
		0-50	51-100	101-200	201-400	401-600	> 600
A.t.	cəmi	10355	2447	3474	1583	28	9
	TATA	3489	688	907	421	22	7
	qeyri-TATA	6866	1759	2567	1162	6	2
G.m	cəmi	20202	5470	8902	4075	40	13
	TATA	4084	596	787	347	18	1

	qeyri-TATA	16118	4874	8115	3728	22	12
<i>M.t</i>	cəmi	10477	2361	3610	1760	15	3
	TATA	2578	377	461	175	8	1
	qeyri-TATA	7899	1984	3149	1585	7	2
<i>O.s.</i>	cəmi	11827	2745	4351	2853	309	173
	TATA	3986	759	1436	1070	139	67
	qeyri-TATA	7841	1986	2915	1783	170	106
<i>P.t</i>	cəmi	8222	2447	4526	2392	50	8
	TATA	2632	433	609	321	17	4
	qeyri-TATA	5590	2014	3917	2071	32	4
<i>V.v.</i>	cəmi	4970	1497	2654	1688	148	78
	TATA	1724	359	487	316	76	37
	qeyri-TATA	3246	1138	2167	1372	72	41
<i>Z.m</i>	cəmi	11993	2713	4751	3169	483	221
	TATA	4428	937	1894	1357	229	104
	qeyri-TATA	18995	1776	2857	1812	254	117

A.t.- *Arabidopsis thaliana*; *M.t.*-*Medicago truncatula*; *P.t.*-*Populus trichocarpa*; *G.m.*-*Glycine max*;
V.v.-*Vitis vinifera*; *O.s.*-*Oryza sativa*; *Z.m.*-*Zea mays*.

Cədvəl 3. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdıran nüvə genlərinin annotasiya olunmuş başlanğıc nöqtəsi ilə həmin başlanğıca ən yaxın potensial TSS arasındakı məsafə üzrə ümumi statistik göstəricilər (yalnız plastid təyinatlı genlər üçün)

Orqanizm	Promotor sinfi	Potensial TSS və annotasiya olunmuş genin başlanğıcı arasındakı məsafə, nc					
		0-50	51-100	101-200	201-400	401-600	> 600
<i>A.t.</i>	cəmi	2268	592	765	360	5	4
	TATA	755	187	219	98	3	4
	qeyri-TATA	1513	405	546	262	2	0
<i>G.m</i>	cəmi	2701	734	1267	546	3	1
	TATA	431	79	110	46	3	0
	qeyri-TATA	2270	655	1157	500	0	1
<i>M.t</i>	cəmi	2197	486	727	343	6	0
	TATA	442	85	84	43	3	0

	qeyri-TATA	1755	401	643	300	3	0
O.s.	cəmi	2411	536	899	584	54	24
	TATA	660	123	283	209	27	8
	qeyri-TATA	1751	413	616	375	27	16
P.t	cəmi	1444	483	856	417	12	3
	TATA	401	80	101	36	3	2
	qeyri-TATA	1043	403	755	381	9	1
V.v.	cəmi	928	290	503	325	13	14
	TATA	261	58	74	57	8	9
	qeyri-TATA	667	232	429	268	15	5
Z.m	cəmi	2658	596	1067	701	72	43
	TATA	844	221	415	296	68	19
	qeyri-TATA	1814	375	652	405	42	24

A.t.- *Arabidopsis thaliana*; *M.t.*-*Medicago truncatula*; *P.t.*-*Populus trichocarpa*; *G.m.*-*Glycine max*; *V.v.*-*Vitis vinifera*; *O.s.*-*Oryza sativa*; *Z.m.*-*Zea mays*.

Genlərin genomda təşkili və funksiyası, təkamülü, onların promotor nahiyyələrindəki transkripsiya tənzimləyici elementləri haqqında yeni biliklər əldə olunmasında **ortoloji** (*müxtəlif növlərdə eyni mənşəli və eyni/oxşar funksiyalı*) genlərin müqayisəli analizi ən səmərəli yollardan biridir. Bu mərhələdə tədqiqat obyektinə olan 7 bitki genomunda potensial plastid təyinatlı genlərdə güman olunan ortoloq gen qruplarının müəyyənləşdirilməsi məqsədilə aşağıdakı işlər görülmüşdür.

Layihənin ilkin mərhələlərində ProtComp kompüter proqramının köməkliliyi ilə aparılan analizlər nəticəsində kəşəkotunda 3947, qara yoncada 3759, qovaq ağacında 3215, soyada 5253, şərab üzümündə 2093, düyüdə 4525, qarğıdalıda 5159 potensial plastid təyinatlı nüvə genləri müəyyən edilmişdir.

Ortoloqların müəyyənləşdirilməsində istifadə olunan alqoritmlərin əksəriyyəti iki və daha çox növün gen/zülal yaxud bütöv genom ardıcılıqlarının müqayisəsinə əsaslanır. Bu müqayisələrdə ən çox istifadə olunan kompüter vasitəsi BLAST proqramıdır (Altschul et al., 1997; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)

Beləliklə, növbəti mərhələdə tədqiqat obyektinə olan 7 bitki genomunda (2 ədəd birləpəli və 5 ədəd ikiləpəli) potensial plastid təyinatlı nüvə genlərində oxşar gen qruplarının müəyyənləşdirilməsi məqsədilə ilkin olaraq bu genlərin cüt-cüt BLAST analizi (növlərarası) aparılmışdır. Bu analiz nəticələri BLAN (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə yenidən analiz edilərək, daha dəqiq nəticələrin alınması üçün oxsarlıq dərəcəsi meyarı 70% götürülmüşdür.

Alınan nəticələr GetOrtholog (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə növbəti analiz həyata keçirilmişdir. Oxsarlıq dərəcəsi 70% olan və eyni funksiya icra edən genlər seçilərək qruplaşdırılmışdır.

Bütün bu analizlərin nəticəsi olaraq 4 güman olunan ortoloq gen qrupu müəyyən edilmişdir. Birinci qrup 9, digər 3 qrupun hər biri isə 10 gendən ibarətdir.

İstənilən genin ekspressiyasının ilkin mərhələsi transkripsiyadır. Transkripsiyanın inisiyası

və tənzimlənməsi əsasən gəndən əvvəldə (5'-nahiyədə) yerləşən, tərkibində çoxsaylı və müxtəlif TTE-lər (transkripsiya tənzimləyici elementlər) olan promotor rayonu və həmin TTE-lərlə birləşən zülal faktorları vasitəsi ilə həyata keçirilir. O cümlədən, proksimal promotorda, yeni genin kodlaşdırıcı hissəsinə daha yaxın (bir neçə yüz nukleotid cütü) nahiyədə yerləşən müəyyən DNT ardıcılıqları müvafiq RNT polimeraza vasitəsi ilə transkripsiyanın start saytını (TSS) müəyyən edirlər.

Bu məqsədlə, əldə olunan güman olunan ortoloq gen qruplarındakı genlərin 5'-rayonlarının (-1020:+30) nukleotid ardıcılıqları TSSPlant kompüter proqramı (Şahmuradov, Umarov və Solovyov; çap olunmamışdır) vasitəsi analiz edilmiş və hər bir gen üçün potensial promotorlar aşkar olunmuşdur. Hər bir promotor üçün genin kodlaşdırıcı hissəsinin başlanğıcına (+1) nəzərən TSS (və ya TSS-lər) və hər bir TATA promotor üçün həm də müvafiq TATA-boks və promotor tipi (TATA və ya qeyri-TATA) müəyyənləşdirilmişdir.

Bu analizin nəticəsi olaraq;

1-ci qrupda 9 gəndə 22 promotor müəyyən edilmişdir, onlardan 9-u TATA, 13-isə qeyri-TATA (41%/59%) tiplidir.

2-ci qrupda 10 gəndə 24 promotor müəyyən edilmişdir, onlardan 6 TATA, 18 isə qeyri-TATA (25%/75%) tiplidir.

3-cü qrupda 10 gəndə 29 promotor müəyyən edilmişdir. Onlardan 8-I TATA, 21-I isə qeyri-TATA (38%/62%) tiplidir.

4-cü qrupda 10 gəndə 28 promotor müəyyən edilmişdir. Onlardan 8-I TATA, 20-I isə qeyri-TATA (40%/60%) tiplidir.

Nəticələrdən görüldüyü kimi, qeyri –TATA tipli promotorlar üstünlük təşkil etmişdir.

NsiteM kompüter proqramını (Shahmuradov and Solovyev, Bioinformatics, 2015, PMID 26142184;) tətbiq etməklə, seçilmiş plastid təyinatlı nüvə genlərinin qruplar üzrə [-1000:+1] promotor nahiyələrinin potensial transkripsiya tənzimləyici elementlər (TTE) spektri müəyyənləşdirilmişdir.

Nəticədə, güman olunan ortoloq gen qruplarından 1-cisində ən çox uyğunluq şərab üzümü, düyü və qara yoncada müşahidə olunmuşdur - 11 gəndə eyni TE tapılmışdır.

2-ci qrupda 5 gəndə təsadüf olunan TE 1 ədəddir. 4 gəndə təsadüf olunan TE sayı 7 ədəddir.

Ən çox uyğunluq kəsəkotu, düyü, qova qağacı və şərab üzümündə müşahidə olunmuşdur.

3-cü qrupda 10 gəndən 6-sında da təsadüf olunan TE-nin sayı 1 ədəddir. 4 gəndə təsadüf olunan TE sayı isə 3 ədəddir. Ən çox uyğunluq isə soya, qovaq ağacı və qara yoncada müşahidə olunmuşdur.

4-cü qrupda 10 gəndən 6-sında təsadüf olunan TE sayı 1 ədəd, 4 gəndə təsadüf olunan genlərin sayı isə 2 ədəddir. Ən çox uyğunluq soya, qara yonca, şərab üzümü və qovaq ağacında müşahidə olunmuşdur.

Bu layihənin icrası zamanı alınmış nəticələr aşağıdakı elmi yenilikləri özündə əks etdirir:

(1) İlk dəfə olaraq 7 ali bitki növünün (düyü, qarğıdalı, kəsəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, şərab üzümü və qarğıdalı) nüvə genomunda 149377 zülal kodlaşdırıcı genin potensial promotor xəritəsi müəyyənləşdirilmişdir.

(2) İlk dəfə olaraq yuxarıda qeyd olunan bitkilərin plastid təyinatlı zülal kodlaşdırıcı potensial gen dəstləri müəyyənləşdirilmiş, həmin genlərin potensial promotor xəritəsi yaradılmışdır.

(3) 7 bitki növü üzrə zülal kodlaşdırıcı genlərin TATA/qeyri-TATA promoter sinifləri üzrə təsnifatı verilmiş və müəyyən olunmuşdur ki, qeyri-TATA promotorlar nisbi say baxımından üstünlük təşkil edir.

Genlərin promoter xəritəsi (1) nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsi və (2) genlərin ekspressiyasının transkripsiya səviyyəsində tənzimlənməsi mexanizmlərinin aydınlaşdırılması baxımından praktiki əhəmiyyət kəsb edir.

Alınmış nəticələr nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsində və genlərin razılaşdırılmış ekspressiyasının mexanizmlərinin tədqiqində istifadə oluna bilər.

4 Layihə üzrə **elmi nəşrlər** (elmi jurnallarda məqalələr, monoqrafiyalar, icmallar, konfrans materiallarında məqalələr, tezislər) (dərc olunmuş, çapa qəbul olunmuş və çapa göndərilmişləri ayrılıqda qeyd etməklə, uyğun məlumat - jurnalın adı, nömrəsi, cildi, səhifələri, nəşriyyat, indeksi, İmpact Factor, həmmüəlliflər və s. bunun kimi məlumatlar - ciddi şəkildə dəqiq olaraq göstərməlidir) (*surətlərini kağız üzərində və CD şəklində əlavə etməli!*)

H.F. Əliyeva*, Ə.Ü. Abduləzimova, N.Ş. Mustafayev, İ.Ə. Şahmuradov. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdırıcı nüvə genlərinin potensial transkripsiya start saytlarının müəyyənəndirilməsi. AMEA Xəbərləri (biologiya elmləri seriyası), 2017. Çapa təqdim olunmuşdur.

5 İxtira və patentlər, səmərələşdirici təkliflər
(burada doldurmalı)

6 Layihə üzrə ezamiyyətlər (ezamiyyə baş tutmuş təşkilatın adı, şəhər və ölkə, ezamiyyə tarixləri, həmçinin ezamiyyə vaxtı baş tutmuş müzakirələr, görüşlər, seminarlarda çıxışlar və s. dəqiq göstərməlidir)

(burada doldurmalı)

7 Layihə üzrə elmi ekspedisiyalarda iştirak (əgər varsa)

(burada doldurmalı)

8 Layihə üzrə digər tədbirlərdə iştirak

(burada doldurmalı)

9 Layihə mövzusu üzrə elmi məruzələr (seminar, dəyirmi masa, konfrans, qurultay, simpozium və s. çıxışlar) (məlumat tam şəkildə göstərməlidir: a) məruzənin növü: plenar, dəvətli, şifahi və ya divar məruzəsi; b) tədbirin kateqoriyası: ölkədaxili, regional, beynəlxalq)

(burada doldurmalı)

10 Layihə üzrə əldə olunmuş cihaz, avadanlıq və qurğular, mal və materiallar, komplektləşdirmə məmulatları

1. Notebook- Acer Travel Mate PT-Windows 8. Professional 64-bit. Intel Core i7.
2. Printer- HP laserjet Pro MFP M125a
3. Printer üçün kartric- HP laserjet Dual pack

	4.Sərt disk-Toshiba USB 1.0 TB 5.Notebook çantası
11	Yerli həmkarlarla əlaqələr (burada doldurmalı) İlham Şahmuradov, AMEA MBBI
12	Xarici həmkarlarla əlaqələr (burada doldurmalı) Viktor Solovyov, Softberry şirkəti (ABŞ)
13	Layihə mövzusu üzrə kadr hazırlığı (əgər varsa) (burada doldurmalı) ---
14	Sərgilərdə iştirak (əgər baş tutubsa) (burada doldurmalı) ---
15	Təcrübəartırmada iştirak və təcrübə mübadiləsi (əgər baş tutubsa) (burada doldurmalı) ---
16	Layihə mövzusu ilə bağlı elmi-kütləvi nəşrlər, kütləvi informasiya vasitələrində çıxışlar, yeni yaradılmış internet səhifələri və s. (məlumatı tam şəkildə göstərməlidir) (burada doldurmalı) ---

SİFARIŞÇI:

Elmin İnkişafı Fondu

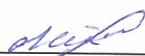
İCRAÇI:

Baş məsləhətçi

Quliyeva Mülayim Sahib qızı

Layihə rəhbəri

Quliyeva Hökümə Fikrət qızı



(imza)

"10" yanvar 2017-ci il



(imza)

"10" yanvar 2017-ci il



AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASININ PREZİDENTİ YANINDA

ELMİN İNKİŞAFI FONDU

MÜQAVİLƏYƏ ƏLAVƏ

Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında
Elmin İnkişafı Fondunun
Gənc alim və mütəxəssislərin 3-cü qrant müsabiqəsinin
(EIF/GAM-3-2014-6(21)) qalibi olmuş layihənin yerinə
yetirilməsi üzrə

ALINMIŞ NƏTİCƏLƏRİN ƏMƏLİ (TƏCRÜBİ) HƏYATA KEÇİRİLMƏSİ VƏ LAYİHƏNİN NƏTİCƏLƏRİNDƏN GƏLƏCƏK TƏDQIQATLARDA İSTİFADƏ PERSPEKTİVLƏRİ HAQQINDA MƏLUMAT VƏRƏQİ (Qaydalar üzrə Əlavə 16)

Layihənin adı: **Bəzi birləpəli və ikiləpəli bitkilərin plastid təyinatlı nüvə genlərinin promotor rayonlarının müqayisəli kompüter analizi**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Quliyeva Hökümə Fikrət qızı**

Qrantın məbləği: **10 000 manat**

Layihənin nömrəsi: **EIF/GAM-3-2014-6(21)-24/16/3-M-04**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **27 noyabr 2015-ci il**

Qrant layihəsinin yerinə yetirilmə müddəti: **12 ay**

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 yanvar 2016-cı il – 01 yanvar 2017-ci il**

1. Layihənin nəticələrinin əməli (təcrübi) həyata keçirilməsi

1 Layihənin əsas əməli (təcrübi) nəticələri, bu nəticələrin məlum analoqlar ilə müqayisəli xarakteristikası

BLAST, BLAN və getseqPP proqramlarının köməyi ilə düyü, qarğıdalı, kəsəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, şərab üzümü və qarğıdalı bitkilərinin müvafiq surətdə 22333, 23467, 17901, 18227, 17651, 11080 və 38718 zülala kodlaşdıran nüvə genlərinin (cəmi 149377 gen) [-1000:+101] 5'-rayonunun DNT ardıcılıqları dəstləri yaradılmışdır.

TSSPlant proqramının köməyi ilə tədqiq olunan genin hər birinin [-1000:+101] nahiyyəsindəki potensial promotorlar (TSS-ları) müəyyən edilmişdir. Anotasiya olunmuş hər bir gen başlanğıcına yaxın olan yalnız bir TSS götürülməklə, proqnozlaşdırılan TSS (TSSpr) və gen başlanğıcı arasındakı məsafə hesablanmışdır: ~51.2% gen üçün TSSpr annotasiya olunmuş gen başlanğıcından ≤50 nc məsafədə, ~70% gen üçün isə TSSpr gen başlanğıcından ≤100 nc məsafədə yerləşmişdir. Bundan başqa, tədqiq olunan orqanizmlərdə TATA və ya qeyri-TATA tipli promotorların nisbi sayı müəyyən olunmuşdur.

Bu orqanizmlərin təkrarlanmayan zülal ardıcılıqları ProtComp kompüter proqramının vasitəsi ilə analiz edilmişdir və hər növ üçün potensial plastid təyinatlı zülal ardıcılıqları dəstləri müəyyənləşdirilmişdir: kəsəkotunda 3947, qara yoncada 3759, qovaq ağacında 3215, soyada 5253, şərab üzümündə 2093, düyüdə 4525, qarğıdalıda 5159 potensial plastid təyinatlı nüvə genləri müəyyən edilmişdir.

Plastid təyinatlı nüvə genləri yenidən getseqPP kompüter proqramı vasitəsi ilə analiz edilərək hər biri üçün promotor dəstləri yaradılmışdır. Daha sonra plastid təyinatlı zülal kodlaşdıran nüvə genlərinin potensial promotorlarının hansı sinfə (TATA yaxud qeyri-TATA) mənsub olması TSSPlant proqramının köməkliliyi ilə müəyyən edilmişdir. Aşkar olunmuşdur ki, qeyri- TATA tipli promotorlar üstünlük təşkil edir.

Tədqiqat obyektini olan orqanizmlərin tam genom, plastid təyinatlı nüvə genlərində promotor tapılan genlərin sayı, həmin genlərin TATA və qeyri-TATA tipli promotorlarının sayı və faiz nisbətləri ümumiləşdirilərək 1-ci cədvəldə öz əksini tapmışdır (Cədvəl 1).

Cədvəl 1. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdıran nüvə genlərinin potensial transkripsiya start saytları üzrə ümumi statistik göstəriciləri.

Orqanizm	Zülal genləri dəsti	Dəstdəki genlərin sayı	TATA promotorlar	Qeyri-TATA promotorlar	TATA/qeyri-TATA, %
<i>A.t.</i>	Bütün genlər	17896	5534	12362	30.9/69.1
	Plastid təyinatlı	3994	1266	2728	31.7/68.3
<i>G.m.</i>	Bütün genlər	38702	5833	32896	15.1/84.9
	Plastid təyinatlı	5252	669	4583	12.7/87.3
<i>M.t.</i>	Bütün genlər	18226	3600	14626	19.8/80.2
	Plastid təyinatlı	3759	657	3102	17.5/82.5
<i>P.t.</i>	Bütün genlər	17645	4016	13629	22.8/77.2
	Plastid təyinatlı	3215	623	2592	19.4/80.6
<i>V.v.</i>	Bütün genlər	11035	2999	8036	27.2/72.8
	Plastid	2083	467	1616	22.4/77.6

təyinatlı

O.s.	Bütün genlər	22258	7457	14801	33.5/66.5
	Plastid təyinatlı	4508	1310	3198	29.1/70.9
Z.m.	Bütün genlər	23330	8949	14381	38.4/61.6
	Plastid təyinatlı	5137	1825	3312	35.5/64.5

A.t.- *Arabidopsis thaliana*; M.t.-*Medicago truncatula*; P.t.-*Populus trichocarpa*; G.m.-*Glycine max*; V.v.-*Vitis vinifera*; O.s.-*Oryza sativa*; Z.m.-*Zea mays*.

Kəsəkotu (*Arabidopsis thaliana*) genomunun 33651 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 6774 -ü potensial plastid təyinatlıdır. Potensial Plastid təyinatlı 3997 gendən 3994-də 9712 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 3994 gendə genin kodlaşdıran hissəsinin başlanğıc nahiyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1266-ı (32%) TATA, 2728-i (68%) isə qeyri-TATA tiplidir. Həmçinin 9712 TSS-nin 3515-i TATA 6197-i qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığındadır. Bu sahədə 1592 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 40%-ni təşkil edir. Bunlardan 395-i TATA tipli 1197-i isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Soya (*Glycine max*) genomunun 51268 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 9455 -i potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 5256 gendən 5252-də 13733 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 5252 gendə genin kodlaşdıran hissəsinin başlanğıc nahiyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 669-u TATA və 4583 -i qeyri-TATA (13% /87%) tiplidir. Həmçinin 13733 TSS-nin 2016-ı TATA 11717-i qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığındadır. Bu sahədə 2193 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 42%-ni təşkil edir. Bunlardan 320-i TATA tipli, 1873-ü isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Qara yonca (*Medicago truncatula*) genomunun 49993 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 9243-ü potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 3759 gendə 9875 TSS (transkripsiya start saytı) müəyyən edilmişdir. 3759 gendə genin kodlaşdıran hissəsinin başlanğıc nahiyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 657-i TATA və 3102 -i qeyri-TATA (17% /83%) tiplidir. Həmçinin 9875 TSS-nin 1973-ü TATA, 7902-i isə qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1731 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da plastid təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 46%-ni təşkil edir. Bunun da 331 TATA, 1400 isə qeyri-TATA tipli promotordur.

Düyü (*Oryza sativa*) genomunun 39712 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7775-i potensial

plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 4525 gendən 4508 -də 10749 TSS müəyyən edilmişdir. 4508 gendə genin kodlaşdırıcı hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1310-u TATA və 3198 -i qeyri-TATA (29% /71%) tipli promotordur. Həmçinin 10749 TSS-nin 3351-i TATA, 7398-i isə qeyri-TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1622 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da xloroplast təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 36%-ni təşkil edir. Bunun da 213-ü TATA, 1409 isə qeyri -TATA tipli promotordur.

Qovaq ağacı (*Populus trichocarpa*) genomunun 36153 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7269-u potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 3215 gendə 8301 TSS müəyyən edilmişdir. 3215 gendə genin kodlaşdırıcı hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 623-ü TATA və 2592 -i qeyri-TATA (19% /81%) tiplidir. Həmçinin 8301 TSS-nin 1333-ü TATA, 6968-i isə qeyri- TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1115 promotor aşkar edilmişdir ki, bu da xloroplast təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 35%-ni təşkil edir. Bunun da 259-u TATA, 856 isə qeyri -TATA tipli promotordur. .

Şərab üzümü (*Vitis vinifera*) genomunun 23429 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 4837-i potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 2093 genin 2083-də 5248 TSS müəyyən edilmişdir. 2083 gendə genin kodlaşdırıcı hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 467-i TATA və 1616 -i qeyri-TATA (22% /78%) tiplidir. Həmçinin 5248 TSS-nin 982-i TATA, 4267-i isə qeyri -TATA tiplidir. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 717 promotor tapılmışdır ki, bu da xloroplast təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 34%-ni təşkil edir. Bunun da 160-ı TATA, 557-i isə qeyri- TATA tipli promotordur.

Qarğıdalı (*Zea mays*) genomunun 36153 təkrarlanmayan zülal ardıcılıqlarının 7269-u potensial plastid təyinatlıdır. Potensial plastid təyinatlı 5159 genin 5137-də 11742 TSS aşkar edilmişdir. 5137 gendə genin kodlaşdırıcı hissəsinin başlanğıc nahiyyəsinə ən yaxın TSS götürülməsi şərti ilə promotorların 1825-u TATA və 3312 -i qeyri-TATA (36% /64%) tiplidir. 11742 TSS-nin 4653-ü TATA, 7089-u isə qeyri- TATA tipli promotordur. Ən çox promotor rast gəlinən sahə 11-50 nukleotid ardıcılığı aralığıdır. Bu sahədə 1998 promotor tapılmışdır ki, bu da xloroplast təyinatlı genlərdə tapılan promotorların 39%-ni təşkil edir. Bunun da 503-ü TATA, 1495-i isə qeyri -TATA tipli promotordur.

Alınan nəticələr barədə geniş məlumat aşağıdakı cədvəllərdə ümumiləşdirilmişdir (Cədvəl2 və Cədvəl 3) .

Cədvəl2. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdıran nüvə genlərinin annotasiya olunmuş başlanğıc nöqtəsi ilə həmin başlanğıca ən yaxın potensial TSS arasındakı məsafə üzrə ümumi statistik göstəricilər (bütün genlər üçün)

		Potensial TSS və annotasiya olunmuş genin başlanğıc arasındakı məsafə, nc					
Orqanizm	Promotor sinfi	0-50	51-100	101-200	201-400	401-600	> 600
A.t.	cəmi	10355	2447	3474	1583	28	9
	TATA	3489	688	907	421	22	7
	qeyri-TATA	6866	1759	2567	1162	6	2
G.m	cəmi	20202	5470	8902	4075	40	13
	TATA	4084	596	787	347	18	1
	qeyri-TATA	16118	4874	8115	3728	22	12
M.t	cəmi	10477	2361	3610	1760	15	3
	TATA	2578	377	461	175	8	1
	qeyri-TATA	7899	1984	3149	1585	7	2
O.s.	cəmi	11827	2745	4351	2853	309	173
	TATA	3986	759	1436	1070	139	67
	qeyri-TATA	7841	1986	2915	1783	170	106
P.t	cəmi	8222	2447	4526	2392	50	8
	TATA	2632	433	609	321	17	4
	qeyri-TATA	5590	2014	3917	2071	32	4
V.v.	cəmi	4970	1497	2654	1688	148	78
	TATA	1724	359	487	316	76	37
	qeyri-TATA	3246	1138	2167	1372	72	41
Z.m	cəmi	11993	2713	4751	3169	483	221
	TATA	4428	937	1894	1357	229	104
	qeyri-TATA	18995	1776	2857	1812	254	117

A.t.- *Arabidopsis thaliana*; M.t.-*Medicago truncatula*; P.t.-*Populus trichocarpa*; G.m.-

Glycine max; *V.v.-Vitis vinifera*; *O.s.-Oryza sativa*; *Z.m.-Zea mays*.

Cədvəl 3. 7 ali bitkinin zülal kodlaşdıran nüvə genlərinin annotasiya olunmuş başlanğıc nöqtəsi ilə həmin başlanğıca ən yaxın potensial TSS arasındakı məsafə üzrə ümumi statistik göstəricilər (yalnız plastid təyinatlı genlər üçün)

Orqanizm	Promotor sinfi	Potensial TSS və annotasiya olunmuş genin başlanğıc arasındakı məsafə, nc					
		0-50	51-100	101-200	201-400	401-600	> 600
<i>A.t.</i>	cəmi	2268	592	765	360	5	4
	TATA	755	187	219	98	3	4
	qeyri-TATA	1513	405	546	262	2	0
<i>G.m</i>	cəmi	2701	734	1267	546	3	1
	TATA	431	79	110	46	3	0
	qeyri-TATA	2270	655	1157	500	0	1
<i>M.t</i>	cəmi	2197	486	727	343	6	0
	TATA	442	85	84	43	3	0
	qeyri-TATA	1755	401	643	300	3	0
<i>O.s.</i>	cəmi	2411	536	899	584	54	24
	TATA	660	123	283	209	27	8
	qeyri-TATA	1751	413	616	375	27	16
<i>P.t</i>	cəmi	1444	483	856	417	12	3
	TATA	401	80	101	36	3	2
	qeyri-TATA	1043	403	755	381	9	1
<i>V.v.</i>	cəmi	928	290	503	325	13	14
	TATA	261	58	74	57	8	9
	qeyri-TATA	667	232	429	268	15	5
<i>Z.m</i>	cəmi	2658	596	1067	701	72	43

TATA	844	221	415	296	68	19
qeyri-TATA	1814	375	652	405	42	24

A.t.- Arabidopsis thaliana; M.t.-Medicago truncatula; P.t.-Populus trichocarpa; G.m.- Glycine max; V.v.-Vitis vinifera; O.s.-Oryza sativa; Z.m.-Zea mays.

Genlərin genomda təşkili və funksiyası, təkamülü, onların promotor nahiyyələrindəki transkripsiya tənzimləyici elementləri haqqında yeni biliklər əldə olunmasında **ortoloji** (*müxtəlif növlərdə eyni mənşəli və eyni/oxşar funksiyalı*) genlərin müqayisəli analizi ən səmərəli yollardan biridir. Bu mərhələdə tədqiqat obyektini olan 7 bitki genomunda potensial plastid təyinatlı genlərdə güman olunan ortoloq gen qruplarının müəyyənləşdirilməsi məqsədilə aşağıdakı işlər görülmüşdür.

Layihənin ilkin mərhələlərində ProtComp kompüter proqramının köməkliliyi ilə aparılan analizlər nəticəsində kəsəkotunda 3947, qara yoncada 3759, qovaq ağacında 3215, soyada 5253, şərab üzümündə 2093, düyüdə 4525, qarğıdalıda 5159 potensial plastid təyinatlı nüvə genləri müəyyən edilmişdir.

Ortoloqların müəyyənləşdirilməsində istifadə olunan alqoritmlərin əksəriyyəti iki və daha çox növün gen/zülal yaxud bütöv genom ardıcılıqlarının müqayisəsinə əsaslanır. Bu müqayisələrdə ən çox istifadə olunan kompüter vasitəsi BLAST proqramıdır (Altschul et al., 1997; <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)

Beləliklə, növbəti mərhələdə tədqiqat obyektini olan 7 bitki genomunda (2 ədəd birləpəli və 5 ədəd ikiləpəli) potensial plastid təyinatlı nüvə genlərində oxşar gen qruplarının müəyyənləşdirilməsi məqsədilə ilkin olaraq bu genlərin cüt-cüt BLAST analizi (növlərarası) aparılmışdır. Bu analiz nəticələri BLAN (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə yenidən analiz edilərək, daha dəqiq nəticələrin alınması üçün oxsarlıq dərəcəsi meyarı 70% götürülmüşdür.

Alınan nəticələr GetOrtholog (İ.Şahmuradov, çap olunmamışdır) kompüter proqramı vasitəsilə növbəti analiz həyata keçirilmişdir. Oxsarlıq dərəcəsi 70% olan və eyni funksiya icra edən genlər seçilərək qruplaşdırılmışdır.

Bütün bu analizlərin nəticəsi olaraq 4 güman olunan ortoloq gen qrupu müəyyən edilmişdir. Birinci qrup 9, digər 3 qrupun hər biri isə 10 gendən ibarətdir.

İstənilən genin ekspressiyasının ilkin mərhələsi transkripsiyadır. Transkripsiyanın inisiyası və tənzimlənməsi əsasən gendən əvvəldə (5'-nahiyədə) yerləşən, tərkibində çoxsaylı və müxtəlif TTE-lər (transkripsiya tənzimləyici elementlər) olan promotor rayonu və həmin TTE-lərlə birləşən zülal faktorları vasitəsi ilə həyata keçirilir. O cümlədən, proksimal promotorda, yeni genin kodlaşdıran hissəsinə daha yaxın (bir neçə yüz nukleotid cütü) nahiyədə yerləşən müəyyən DNT ardıcılıqları müvafiq RNT polimeraza vasitəsi ilə transkripsiyanın start saytını (TSS) müəyyən edirlər.

Bu məqsədlə, əldə olunan güman olunan ortoloq gen qruplarındakı genlərin 5'-rayonlarının (-1020:+30) nukleotid ardıcılıqları TSSPlant kompüter proqramı (Şahmuradov, Umarov və Solovyov; çap olunmamışdır) vasitəsi ilə analiz edilmiş və hər bir gen üçün potensial promotorlar aşkar olunmuşdur. Hər bir promotor üçün genin kodlaşdıran hissəsinin başlanğıcına

(+1) nəzərə alın TSS (və ya TSS-lər) və hər bir TATA promotor üçün həm də müvafiq TATA-boks və promotor tipi (TATA və ya qeyri-TATA) müəyyənləşdirilmişdir.

Bu analizin nəticəsi olaraq;

1-ci qrupda 9 gendə 22 promotor müəyyən edilmişdir, onlardan 9-u TATA, 13-isə qeyri-TATA (41%/59%) tiplidir.

2-ci qrupda 10 gendə 24 promotor müəyyən edilmişdir, onlardan 6 TATA, 18 isə qeyri-TATA (25%/75%) tiplidir.

3-cü qrupda 10 gendə 29 promotor müəyyən edilmişdir. Onlardan 8-i TATA, 21-i isə qeyri-TATA (38%/62%) tiplidir.

4-cü qrupda 10 gendə 28 promotor müəyyən edilmişdir. Onlardan 8-i TATA, 20-i isə qeyri-TATA (40%/60%) tiplidir.

Nəticələrdən görüldüyü kimi, qeyri –TATA tipli promotorlar üstünlük təşkil etmişdir.

NsiteM kompüter proqramını (Shahmuradov and Solovyev, Bioinformatics, 2015, PMID 26142184;) tətbiq etməklə, seçilmiş plastid təyinatlı nüvə genlərinin qruplar üzrə [-1000:+1] promotor nahiyyələrinin potensial transkripsiya tənzimləyici elementlər (TTE) spektri müəyyənləşdirilmişdir.

Nəticədə, güman olunan ortoloq gen qruplarından 1-cisində ən çox uyğunluq şərab üzümü, düyü və qara yoncada müşahidə olunmuşdur - 11 gendə eyni TE tapılmışdır.

2-ci qrupda 5 gendə təsadüf olunan TE 1 ədəddir. 4 gendə təsadüf olunan TE sayı 7 ədəddir.

Ən çox uyğunluq kəsəkotu, düyü, qova qağacı və şərab üzümündə müşahidə olunmuşdur.

3-cü qrupda 10 gendən 6-sında da təsadüf olunan TE-nin sayı 1 ədəddir. 4 gendə təsadüf olunan TE sayı isə 3 ədəddir. Ən çox uyğunluq isə soya, qovaq ağacı və qara yoncada müşahidə olunmuşdur.

4-cü qrupda 10 gendən 6-sında təsadüf olunan TE sayı 1 ədəd, 4 gendə təsadüf olunan genlərin sayı isə 2 ədəddir. Ən çox uyğunluq soya, qara yonca, şərab üzümü və qovaq ağacında müşahidə olunmuşdur.

Bu layihənin icrası zamanı alınmış nəticələr aşağıdakı elmi yenilikləri özündə əks etdirir:

(1) İlk dəfə olaraq 7 ali bitki növünün (düyü, qarğıdalı, kəsəkotu, qara yonca, qovaq ağacı, şərab üzümü və qarğıdalı) nüvə genomunda 149377 zülal kodlaşdıran genin potensial promotor xəritəsi müəyyənləşdirilmişdir.

(2) İlk dəfə olaraq yuxarıda qeyd olunan bitkilərin plastid təyinatlı zülal kodlaşdıran potensial gen dəstləri müəyyənləşdirilmiş, həmin genlərin potensial promotor xəritəsi yaradılmışdır.

(3) 7 bitki növü üzrə zülal kodlaşdıran genlərin TATA/qeyri-TATA promoter sinifləri üzrə təsnifatı verilmiş və müəyyən olunmuşdur ki, qeyri-TATA promotorlar nisbi say baxımından üstünlük təşkil edir.

Genlərin promotor xəritəsi (1) nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsi və (2) genlərin ekspressiyasının transkripsiya səviyyəsində tənzimlənməsi mexanizmlərinin aydınlaşdırılması baxımından praktiki əhəmiyyət kəsb edir.

Alınmış nəticələr nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsində və genlərin razılaşdırılmış ekspressiyasının mexanizmlərinin tədqiqində istifadə oluna bilər.

2 Layihənin nəticələrinin əməli (təcrübi) həyata keçirilməsi haqqında məlumat (istehsalatda tətbiq (tətbiqin aktını əlavə etməli); tədris və təhsildə (nəşr olunmuş elmi əsərlər və s. – təhsil sistemində tətbiqin aktını əlavə etməli); bağlanmış xarici müqavilələr və ya beynəlxalq layihələr (kimlə bağlanıb, müqavilənin və ya layihənin nömrəsi, adı, tarixi və dəyəri); dövlət proqramlarında (dövlət orqanının adı, qərarın nömrəsi və tarixi); ixtira üçün alınmış patentlərdə (patentin nömrəsi, verilmə tarixi, ixtiranın adı); və digərlərində)

(burada doldurmalı)

2. Layihənin nəticələrindən gələcək tədqiqatlarda istifadə perspektivləri

1 Nəticələrin istifadəsi perspektivləri (fundamental, tətbiqi və axtarış-innovasiya yönü elmi-tədqiqat layihə və proqramlarında; dövlət proqramlarında; dövlət qurumlarının sahə tədqiqat proqramlarında; ixtira və patent üçün verilmiş ərizələrdə; beynəlxalq layihələrdə; və digərlərində)

Genlərin promotor xəritəsi (1) nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsi və (2) genlərin ekspressiyasının transkripsiya səviyyəsində tənzimlənməsi mexanizmlərinin aydınlaşdırılması baxımından praktiki əhəmiyyət kəsb edir.

Alınmış nəticələr nüvə genomlarının annotasiyasının dəqiqləşdirilməsində və genlərin razılaşdırılmış ekspressiyasının mexanizmlərinin tədqiqində istifadə oluna bilər.

SİFARIŞÇI:

Elmin İnkişafı Fondu

Baş məsləhətçi

Quliyeva Mülayim Sahib qızı



(imza)

"10" yanvar 2017-ci il

İCRAÇI:

Layihə rəhbəri

Quliyeva Hökümə Fikrət qızı



(imza)

"10" yanvar 2017-ci il