



AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASININ PREZİDENTİ YANINDA ELMİN İNKİŞAFI FONDU

Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Elmin İnkişafı Fondunun
Elmi-tədqiqat layihələri üzrə əsas qrant müsabiqəsinin
(EIF-ETL-2020-2(36)) qalibi olmuş
layihənin yerinə yetirilməsi üzrə

YEKUN ELMİ-TEXNİKİ HESABAT

Layihənin adı: **Buğdada quraqlığa davamlılığa cavabdeh açar genlərin ekspressiyası ilə metabolom arasında qarşılıqlı əlaqənin müəyyən edilməsi əsasında stresə davamlılıq mexanizminin konseptual modelinin işlənilib hazırlanması**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Hüseynova İradə Məmməd qızı**

Qrantın məbləği: **70 000 manat**

Layihənin nömrəsi: **EIF-ETL-2020-2(36)-16/15/3-M-15**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **23 fevral 2021 – ci il**

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

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 mart 2021-ci il– 01 mart 2022-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

- Publik Məlumat Bazalarından quraqlıqla induksiya olunan RNTseq məlumatları əldə edilmiş və müvafiq bioinformatik proqramlarla analiz edilərək əsas açar genlər seçilmişdir;
- NCBİ Verilənlər Bazasından Dreb və seçilmiş digər genlərin ekzon sahələrinin nukleotid ardıcılıqları haqqında məlumatlar yüklənərək MAFFT v7.427 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) CLUSTAL format düzlənmə proqramı ilə müqayisəli analiz olunmuş və əsas konservativ sahələr müəyyən edilmişdir;
- Primer3Plus (<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>)

proqramı ilə RT-qPZR tələblərinə cavab verən praymerlər dizayn edilmiş və effektivliyi yoxlanılmışdır;

- Buğda genofondundan pasport məlumatları əsasında abiotik streslərə davamlılığına, məhsuldarlığına və digər fizioloji göstəricilərinə görə fərqlənən genotiplər seçilmişdir;
- 10 bioloji və 3 texniki təkrarda 2 variantda (stres və kontrol) 3 mərhələdə (stresdən sonra 3, 7 və 11-ci günlər) 100-ə yaxın parametrin ölçülməsinə imkan verən randomizə edilmiş bütöv bloklar üzrə eksperimental dizayn sxemi işlənib hazırlanmışdır;
- Stres markerləri kimi yarpaqda sərbəst radikalların miqdarı və nisbi su tutumu (NST) təyin edilmişdir;
- Fotosintezin flüoresensiya parametrləri, piqmentlər, o cümlədən Xla, Xlb, karotinoidlər, antosianlar, yaş və quru biokütlə təyin edilmişdir;
- Stresin indikatoru hesab olunan malondialdehidin miqdarı ölçülmüşdür;
- Antioksidant müdafiə sisteminin fermentativ komponentləri kimi askorbatperoksidaza (APO), katalaza (KAT) və qvayakolperoksidaza (QPO) fermentlərinin fəallığı spektrofotometrik metodla təyin olunmuşdur;
- Azot və fotosintetik karbon metabolizminin NAD-malatdehidrogenaza (NAD-MDH), aspartataminotransferaza (ASAT), alaninaminotransferaza (ALAT) və fosfoenolpiruvatkarboksilaza fermentlərinin (FEPK) fəallığı spektrofotometrik yolla təyin edilmişdir;
- Buğda genomunun donorları hesab olunan *T. urartu* (Au), *Ae. speltoides* (B) və *Ae. tauschii* (D) diploid növlərdən DREB geni izolyasiya edilərək molekulyar xarakteristikası verilmişdir;
- EnsemblPlant Verilənlər Bazasından ChinesSpring yumşaq buğdanın Dreb geninə müvafiq genom sahəsi yüklənərək analiz edilmiş və Primer3Plus software (<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) proqramı ilə gen-spesifik praymerlər dizayn edilmişdir;
- Dreb geninin identifikasiyası üçün gen spesifik praymer cütü ilə preparativ PZR aparılmış, amplikonlar gel-elektroforez metodu ilə analiz edilərək, ISOLATE II PCR & Gel Kit vasitəsilə təmizlənmiş və sekvens edilmişdir;
- İntegrativ resurs kimi EnsemblGenomes və NCBI Verilənlər Bazalarından istifadə etməklə sekvensin nəticələri FGENESH, BLAST, INTERPROSCAN, SMART, MAFFT, ExPASy, ProteinPredict və PSIPRED bioinformatik proqramları vasitəsilə analiz edilmişdir;
- Buğdanın A genomunun donoru olan *Triticum urartu* növünün DREB genində qeyri-sinonimik SNP-lər (Single Nucleotide Polymorphism), o cümlədən 1 tranzisiya və 5

transversiya aşkar edilmişdir;

- Buğdanın B genomunun donorlarından biri olması güman olunan *Aegilops spaldoides* növünə məxsus DREB genində çoxsaylı SNP-lər və 9 **indel** aşkar edilmişdir;
- Heksaploid buğdanın D genomunun donoru olan *Triticum tauschii* növünün DREB genində qeyri-sinonimik SNP-lər, o cümlədən 1 tranzisiya və 2 transversiya aşkar edilmişdir;
- Oksigenin fəal formalarından olan və stresin əsas göstəricilərindən hesab olunan hidrogen peroksidin (H_2O_2) miqdarı ölçülmüşdür;
- Antioksidant müdafiə sisteminin fermentativ komponentləri kimi askorbat peroksidaza (APO), katalaza (KAT) və qvayakolperoksidaza (QPO) fermentlərinin izoenzim tərkibi elektroforetik yolla nativ poliakrilamid gelindən istifadə etməklə təyin olunmuşdur;
- Quraqlığın təsirindən buğda yarpaqlarının ultrastrukturunda baş verən dəyişikliklər işıq mikroskopu vasitəsilə analiz olunmuşdur;
- Normal suvarılmış və quraqlıq stresinə məruz qalmış yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında NADF-malatdehidrogenaza (NADF-MDH) və NADF- malik enzim (NADF-ME) fermentlərinin aktivliyi ontogenezin 12-ci günündən başlayaraq suvarmadan 2, 4, 6, 8 və 10 gün sonra tədqiq edilmişdir;
- Rəqəmsal fenotipləmə texnologiyasından (RFT) istifadə etməklə bitkinin fizoloji vəziyyəti qeyri-invaziv olaraq (25 parametrin hesablanması əsasında) qiymətləndirilmişdir;
- Həll olan zülalların ümumi miqdarı ölçülmüşdür;
- Antioksidant müdafiə sisteminin fermentativ komponentlərindən olana qlütationreduktaza (QR) və superoksiddismutaza (SOD) fermentlərinin fəallığı təyin olunmuşdur;
- QR və SOD fermentlərinin izoenzim tərkibi tədqiq olunmuşdur;
- Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarından aspartataminotransferaza (ASAT) və alaninaminotransferaza (ALAT) fermentlərinin fəallığının subhüceyrə fraksiyalarında paylanması tədqiq edilmişdir;
- Quraqlığın təsirindən buğda yarpaqlarının ultrastrukturunda baş verən dəyişikliklər elektron mikroskopu vasitəsilə analiz olunmuşdur;
- İlk dəfə olaraq yerli buğda genotiplərinin D genomunun 3D xromosunda lokalizə olunmuş DREB geni izolyasiya olunaraq sekvens edilmiş, bioinformarik proqramlarla analiz olunaraq genin quruluşunu əks etdirən genetik xəritənin minimodeli qurulmuşdur.

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

100 faiz

3 Hesabat dövründə alınmış **elmi nəticələr** (onların yenilik dərəcəsi, elmi və təcrübi əhəmiyyəti, nəticələrin istifadəsi və tətbiqi mümkün olan sahələr aydın şəkildə göstərilməlidir)

Buğdada quraqlıqla induksiya olunan transkriptom in silico analiz edilmişdir. Dreb geninin tədqiqi məqsədlə NCBI (The National Center for Biotechnology Information) Məlumat Bazasından qəbul nömrələri (AF303376.1, AB193608.1, KM520370.1, DQ195068.1) olan genlər haqqında məlumatlar əldə edilmişdir. Hər bir genin nukleotid ardıcılıqlarını özündə əks etdirən FASTA məlumatları yüklənmişdir. Genlərin ekzon-intron quruluşu haqqında məlumatlar əldə olunmuşdur. Hər bir genin kodlaşdırdığı proteinlərin aminturşu ardıcılıqları bazanın "translyasiya" funksiyasından istifadə edilərək yüklənmişdir. Müvafiq genlərdə alternativ splyasinqdə iştirak edə biləcək ekzonlar ehtimal olunmuşdur.

Əldə olunan FASTA məlumatları CLUSTAL format alignment by MAFFT v7.427 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server>) proqramı ilə müqayisəli analiz edilmişdir. Bu genlərdə əsas konservativ sahələr müəyyən edilmiş və praymerlərin dizayn edilməsində istifadə edilmişdir. Tədqiq edilən genlər və həyata keçirilən bütün bioinformatik analizlərin nəticələri aşağıda təqdim olunur.

AP2 domen daşıyan Dreb1 geninin in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Search

GenBank

Send to: Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Articles about the Dreb1 gene

Characterization of <i>TaDREB1</i> in wheat genotypes with different seed g [Hereditas. 2018]

See all

More about the gene Dreb1

Dreb1 gene

Related information

Protein

Taxonomy

Full text in PMC

Functional Class

Gene

PubMed (Weighted)

GenBank AF303376.1

FASTA Graphics

Go to:

LOCUS AF303376 1292 bp mRNA linear PLN 23-SEP-2002

DEFINITION Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds.

ACCESSION AF303376

VERSION AF303376.1

KEYWORDS .

SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)

ORGANISM Triticum aestivum

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.

REFERENCE 1 (bases 1 to 1292)

AUTHORS Shen, Y. and Chen, S.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (06-SEP-2000) Plant Biotechnology Laboratory, Institute of Genetics, Chinese Academy of Sciences, Andingmenwai Datun Road, Beijing 100101, P.R. China

FEATURES

Location/Qualifiers

source 1..1292

/organism="Triticum aestivum"

/mol_type="mRNA"

/db_xref="taxon:4565"

gene 1..1292

/gene="Dreb1"

CDS 252..1088

/gene="Dreb1"

/note="transcriptional factor"

/codon_start=1

/product="AP2-containing protein"

/protein_id="AAL01124.1"

/translation="METGGSKREGDCPGQERKKKVVRRSTGPDVVAETIKKWKKEENQK LQQENGRKAPAKGSKKGCAGKGGPENSNCA YRGVQRQTWGIWAEIREPNRGNRLW LGSFPTAVEAARAYDDAARAAYGAKARVNFSEQSPDANSGCTLAPPLPHNSGATAASH

JOURNAL Submitted (06-SEP-2000) Plant Biotechnology Laboratory, Institute of Genetics, Chinese Academy of Sciences, Andingmenwai Datun Road, Beijing 100101, P.R. China

FEATURES

source 1..1292
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:5555"

gene 1..1292
 /gene="Dreb1"
 CDS 252..1088
 /gene="Dreb1"
 /note="transcriptional factor"
 /codon_start=1
 /product="AP2-containing protein"
 /protein_id="AA10124.1"
 /translation="METGSSKREGDCPQGRKKKVVRRSTGPDVSAETIKKIKKEENQK LQENGRKAPAKGSKKGCAGGCGPENSCAYRGRVQRRTGKIVAEIREPNRGNRLW LGSFPTAVEAARAYDDAARAHYAKARVNFSEQSPDANSCTLAPLPHSHGATAASH PSDGKDESESPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVARVKVKEVNDLRSTHEHK TLEVSQPKGKALHKAANVSYDFNVEEVLDMHIIVELSADVKVHEAHEYQDGGDFSLF SY"

ORIGIN

```

1 caaaaccaag gcccggcag cggggcgga ggcggggg caccgacca caccggcca
61 caggatggc tgcctgcga gctgagcga ggcggagcga ggcggggga gaccggcgc
121 gggcgccacc gccggccgc cggggagat ctggtggcg gccggccgc gataaggag
181 ggcggcgag ggggagcag cggggagga cggagggag agggatctt tctgtccct
241 ctctcgtc ctgggacc ggggagcga gcccgggga gctgcccga ggcggggga
301 ggaagagaa agtggcagc gaaagcagc gtcctgattc gttgctgaa acatcaaga
361 agtgaagga gaaanccag aagctcagc aaggaatag atccggaaa gcaccgcca
421 aggttcca gaaaggttc atggcagga aaggagttc aggaattca aactgctt
481 accggtgt gggcagga agtgggga aatgggttc tgaatcct gaccacaac
541 atgcaatg gctgtgctt gttcattcc ctaccagc gaaagctca cgtcatatg
601 atgatggc aaggcaatg tatgggcca aagcagctt caacttcca gacgattcc
661 ggaatcca ctctgctc agctggcc ctccattgc gatctaat gggcaaccg
721 ctgctcaca tctctgat ggaagatg aatcggatc tctctctct ctatctca
781 atggcagc agctgctc catgctct atgcaagga tgaatcga tctcagga
841 cctggcag taagtga aagaatga gcaatgatt gagaatgc catpaggag
901 caagacct ggaatgac caaccaag gaaagctt acataagc gcaagtaa
961 attatgta ctcaagtc gaaagatc tgcattat aatgggaa tgaatgct
1021 atgtaaat ggaagcct gaaagatc aagcagc tgaatgct gctctctc
1081 gaaaggg ttagctat gagggtga gctatgca gctatgga taacttcat
1141 ctactgct aggaatac tcaacttc aaccgagc tttgtgca ctatggtt
1201 tcatctact gggagata gctttacc ataagtaac ggtacaaga agttgctg
1261 tgcattgat tcatgata tggtaaaagt tg
  
```

More about the gene Dreb1
 Dreb1 gene

Related information
 Protein
 Taxonomy
 Full text in PMC
 Functional Class
 Gene
 PubMed (Weighted)

Recent activity
 Turn Off Clear

- Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds Nucleotide
- Triticum aestivum Wdh13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein Nucleotide
- wdh13 (16) Nucleotide
- T durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd38 Nucleotide
- 252..1088 /gene="Dreb1" /note="transcriptional factor" /codon_start=1 /product="AP2-containing protein" /protein_id=" AA10124.1 " /translation="METGSSKREGDCPQGRKKKVVRRSTGPDVSAETIKKIKKEENQK LQENGRKAPAKGSKKGCAGGCGPENSCAYRGRVQRRTGKIVAEIREPNRGNRLW LGSFPTAVEAARAYDDAARAHYAKARVNFSEQSPDANSCTLAPLPHSHGATAASH PSDGKDESESPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVARVKVKEVNDLRSTHEHK TLEVSQPKGKALHKAANVSYDFNVEEVLDMHIIVELSADVKVHEAHEYQDGGDFSLF SY" Nucleotide

f1 AF303376 : 1 segment

Details Display: FASTA GenBank Help

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds

GenBank: AF303376.1

[GenBank Graphics](#)

>AF303376.1 Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds

```

CAAACCAAGGCGGCGGCAGCGGGGCGGGAGAGCGGGGAGCACCCGACCGACACCCGGCCGACAGGGTGGGC
TGCAATGCGGAGCTGAGGCGAGGCGAGGCGAGGCGGGGAGAGATCCGGCGCGGGTGCCACCGCCGGCCGGC
CGCGGGAGATCTGGTTGGTGGCGCCGCCGGATAAGGGAGAGGCGGCGAGGGGAGAGCAGCCGGGGGAGA
CCGAGGCGAGAGGAGATCTCTCTCGTCCCCTCTTCTCGCTCCATGGAGACCGGGGTAGCAAGCGGGAAG
AGACTGCCCCGGGCAGGAAAGGAAAGAAAGTGCAGGAGAAGCACTGGTCTGATTCGGTTGCTGAA
ACCAATCAAGAAGTGAAGGAGGAAAACCAAGCTCCAGCAAGAGAATGGATCCCGGAAAGCACCCGGCAA
AGGGTTCAAAGAAAGGTTGCATGGCAGGAAAGGAGGTCCAGAGAATTCAAACTGCGCTTACC CGGTTGT
GAGGCAGAGGACGTGGGGGAAATGGGTTGCTGAGATCCGTGAGCCAACCGTGGCAATCGGCCTGTGGCTT
GGTTCATTCCTTACC GCAGTGAAGCTGCACGTGCATATGATGATGCGGCAAGGGCAATGTATGGCGCCA
AAGCACGTGTCAACTTCTCAGAGCAGTCCCCGGATGCCAACTCTGGTTGCACGCTGCCACCTCCATTGCC
GATGTC TAATGGGGCAACCGCTGCGT CACATCCTTCTGATGGGAAGGATGAATCGGAGTCTCCTCCTTCT
CTTATCTCAAATGCGCCGACAGCTGCGCTGCATCGGTCTGATGCTAAGGATGAGTCTGAGTCTGCAGGGA
CCGTGGCAGCTAAGGTGAAAAAGAAGTGAGCAATGATTTGAGAAGTACCCATGAGGAGCACAAGACCCCT
GGAAGTATCCCAACCAAAAAGGGAAGGCTTTACATAAAGCAGCGAACGTAAGTTATGATTACTTCAACGTC
GAGGAAGTCTTGTACATGATAAATTTGGAATGAGTGTGATGTA AAAATGGAAGCACATGAAGAGTACC
AAGATGGT GATGATGGGTTTAGTCTTTTCTCATATTTAGGGTTTTAGCTATGAGGTTGCAGT CATGCGGA
GCAATAGGGATAACTTTTCATTTCTAGCTGCTAGGAAATAC TTCAAATCTGCAACCCGAAGCTTTGTAGTCA
CTTATGGTTTTTCATCTTACTGGAGAGAATAGCTTTTATACCATAAGTCAACGGGTACAAGAAGTTGTCTGT
TGCGTTGAGTT CATGTACTATGGTAAAAGTTG
  
```

EREBP/AP2 transkripsiya faktorlarina aid Wdreb2 geninin in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Advanced Search Help

GenBank Send to: Change region shown

Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor, complete cds

GenBank AB193608.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: ☺

LOCUS AB193608 1456 bp mRNA linear PLN 08-JUN-2006

DEFINITION Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor, complete cds.

ACCESSION AB193608

VERSION AB193608.1

KEYWORDS .

SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)

ORGANISM [Triticum aestivum](#)

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticeinae; Triticum.

REFERENCE 1

AUTHORS Egawa, C., Kobayashi, F., Ishibashi, M., Nakamura, T., Nakamura, C. and Takumi, S.

TITLE Differential regulation of transcript accumulation and alternative splicing of a DREB2 homolog under abiotic stress conditions in common wheat

JOURNAL Genes Genet. Syst. 81 (2), 77-91 (2006)

PUBMED 16755132

REFERENCE 2 (bases 1 to 1456)

AUTHORS Egawa, C., Takumi, S., Nakamura, C. and Nakamura, T.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (25-OCT-2004) Shigeo Takumi, Kobe University, Laboratory of Plant Genetics, Faculty of Agriculture; 1-1, Rokkodaicho, Nada-ku, Kobe, Hyogo 657-8501, Japan (E-mail: takumi@kobe-u.ac.jp, Tel: 81-78-803-5860, Fax: 81-78-803-5859)

FEATURES

source

Location/Qualifiers

1..1456

/organism="Triticum aestivum"

/mol_type="mRNA"

/db_xref="taxon:4565"

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Articles about the Wdreb2 gene

Differential regulation of transcript accumulation and alternative splicing [Genes Genet Syst. 2006]

See all...

More about the gene Wdreb2

Wdreb2 gene

Related information

Protein

PubMed

Taxonomy

Full text in PMC

Functional Class

Gene

ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AB193608.1

gene

cds

```
1 agcggggc gactttctt tctctcttc tccaacttc tccaagtc gacgcagca
61 agaaacagc gcaaaattt gcaagctca gatattctga cccatccg atcggctc
121 cdtatcagt aatcmaag cagccgag cncpcgag gccccctc agatcccg
181 cctcagcc tgaagaaa aagcagctc ggaatcag tcatggct aattcagt
241 ctgaacat cagcagtg aaagaatga accaacaat ggcagcat ccaagggt
301 caaagggg gagaagcca ctgcaagg gttcaagg ggcctgat ctggaagg
361 gaggacct gaatacaaa tggattcc tgggttaa gcaactact tgggaagt
421 gattgcta aattcggag ccaatcgg tggcagct ctgctgga acgttccc
481 ctctgaga tctcctct gcttatgag agccagca gcaatgat gccctctg
541 tctgacca ctctcctg aactcaca aactcctg tctgctga cagcagca
601 tgaaggtt tctatgat gcttcagat cabgcagc tactacaac tccaacac
661 actcagat tctctctc ttccagag aagcagag tctgagat tactccagc
721 cagatgct tggctcaca gaatcagt tctgagat tctgagat tacagcct
781 aagacact tctgagct gctcagca ttcaaggag cacatcga gaggatgt
841 tggcctat ggcctatt tccagctt cggatgga agcagcgt ttgatag
901 aagaattt gattgatg gaagcgac caattgag cagctgct actgagct
961 ctggaagg tggagcag actgctgag agatggca gcaagcct ctctactg
1021 ttgattga caagcag ctgagcca tctgagct tctctctc tccaatgt
1081 gaatacag aatcagcc aircacaact ctctctca tttctgag aircagat
1141 tctcagaa ttctgctc ctacagcc gccaaact gcttatggt ttgtgctg
1201 ttgctctg gctcctg ctgctcca atgaagca aatgctgac cggattggt
1261 tctctcag aactaataa ctctcagc agttttttg actgctgt tagttctg
1321 agcatgga actctctct gttcagat tctctgat aagaacct gaattgct
1381 cagatctt ggaagtgga aaagaaat gtaaatgc atctctct caaaaaaa
1441 aaaaaaaaa aaaaaa
```

ORIGIN

123..1157

/gene="Wdreb2"

/codon_start=1

/product="EREBP/AP2 type transcription factor"

/protein_id="BA027369.1"

/translation="MTVDRNMAAAAAAEPFALPGRRKRPDRSROGPHVSETIR
RKEIVMQL EMDPQGA RARPPAKGSKKCHLKGPEPTQC FGRVQRRTGKVA
EIREPVRVSLRLGTFPTAEARAYDEARAHYGALRTNFPVPAQPAVAVPAAI
EGVVRGASASCESTTSTNHSOVASSLPRQAQAEIYSDPALESTVLESVEHYS
HQDTPDAGSSISRSTSEEDVFELEPSSLPOGEADGFDIEELLRLHEADPIVELV
TGGSHNGANTGVEMQQEPLYLDGLDQHLLEGHLQSDYPPYINISEDRANHSFHD
AEHSEFFEGL"

PubMed (Weighted)

Recent activity

Turn Off Clear

Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor Nucleotide

Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds Nucleotide

Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein Nucleotide

wdhn13 (16) Nucleotide

T durum Desf (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd38 Nucleotide

See more...

1 of 1 AB193608 : 1 segment

Details Display: FASTA GenBank Help

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor, complete cds
GenBank: AB193608.1

[GenBank Graphics](#)

>AB193608.1 Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor, complete cds

```
ACGCGGGGCCGACTTTTCTTTCTCTCTCTCCTCCAACCTCTCTATCCAAGTCGACGCAGCGAAGAAAACAGG
CGACAAGATTGCGAACGCTAGATATCTGGACCCGATCCGGATCGGGTCGGCCATGACGGTAGATCGGAAG
CACGCCGAGGCGGCGGCGGCGGCCCTTCGAGATCCCGGCGCTCCAGCCTGGAAGGAAAAAGCGACCTC
GGAGATCACGTGATGGGCCTAATTAGTCTCTGAAACGATCAGGCGATGGAAGAAGTGAACCAACAACCT
GGAGCATGATCCACAGGGTGCAAAGAGGGCGAGGAAGCCACCTGCAAAGGGTTCGAAGAAGGGCTGTATG
CTGGGGAAAGGAGGACCTGAGAATACACAAATGTGGATTCCGTGGTGTAAAGGCAACGTACTTGGGGGAAGT
GGTTGCTGAAATTCGGGAGCCAAATCGGGTGAGCAGGCTCTGGCTGGGAACGTTCCCCACTGCTGAGGA
TGCTGCCCCTGCTTATGACGAGGCAGCCAGAGCAATGTATGGCGCACTGGCTCGTACCAACTTCCCTGTG
CATCTGCACAAGCTCCTGCTGTGGCTGTACCAGCGGCAATCGAAGGTGTTGTACGTGGTGCCTCAGCAT
CATGCGAGTCTACTACAACGTCACCAACCACACTCAGATGTGCTTCTTCCCTTCCCGAGACAAGCTCAAGC
TCCTGAGATTTACTCCCAGCCAGATGCGCTTGAGTCCACAGAATCAGTTGTGCTGGAGTCTGTGAGCAT
TACAGCCATCAAGACACTGTTCCCTGACGCTGGCTCAAGCATTTCAGGAGCACATCCGAAGAGGATGTGT
TCGAGCCATTGGAGCCTATTTCCAGTTTGCCGGATGGAGAAGCAGACGGTTTTTGATATAGAAGAATTATT
GAGATTGATGGAAGCCGACCCAATTGAAGTCGAGCTGGTCACTGGGGCTCCTGGAATGGTGGAGCCAAC
ACTGGCGTGGAGATGGGCCAGCAGGAACCTCTCTACCTGGATGGCTTGGACCAAGGCATGCTGGAGGGCA
TGCTGCAGTCTGATTATCCTTACCCAATGTGGATATCAGAGGATCGGGCCATGCACAACCTGCTTCCCA
TGATGCTGAGATGAGCGAGTCTTTCGAAGGGTGTGATCCCCACCGCGGCCAAACCATGTCTATGGTG
TTTGGTCGGCTTGGCCCTCGGTGTCCGCTGCTGCGCTCCAATGAAGATCAAATGGTCGACCGGATTGGAT
TCCTCTGCAGAACTAATAAGCTCCTAAGCTAGTTTTTTGTGCTTGGTTTGTAGTTCTGTTAGGCATGGGA
ACTCTTCTCTGTTTCGATGTTTCTTGTGATAAGAAACCTTGATTGTGCATCACGATCTTTGGAAGGTGGA
AAAAGAAAATGTGAAAATGCATTTCCCTGTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

DRF1 geninin in silico analizi

ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KHS20370.1

GenBank - Send to: Change region shown

Triticum turgidum subsp. durum cultivar Mohawk chromosome 1BL AP2 transcriptional activator 1 (DRF1) gene, exons 1 through 4 and partial cds, alternatively spliced

GenBank KHS20370.1

This sequence has been updated. See current version.

FASTA Graphics

Go to: (x)

LOCUS KHS20370 2948 bp DNA linear PLN 01-MAY-2017

DEFINITION Triticum turgidum subsp. durum cultivar Mohawk chromosome 1BL AP2 transcriptional activator 1 (DRF1) gene, exons 1 through 4 and partial cds, alternatively spliced.

ACCESSION KHS20370

VERSION KHS20370.1

KEYWORDS

SOURCE Triticum turgidum subsp. durum (durum wheat)

ORGANISM Triticum turgidum subsp. durum

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticeinae; Triticum.

REFERENCE 1 (bases 1 to 2948)

AUTHORS Cantale, C., Di Bianco, D., Thiagarajan, K., Ammar, K. and Galeffi, P.

TITLE An indirect functional marker derived from the TdDRF1 gene and associated to grain yield in drought environments

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 2948)

AUTHORS Cantale, C., Thiagarajan, K., Ammar, K. and Galeffi, P.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (12-SEP-2014) UTAGRI INN, ENEA - Italian National Agency for New Technologies, Energy and Sustainable Economic Development, Via Anguillarese, 301, Rome, RM 00123, Italy

COMMENT [WARNING] On Nov 4, 2019 this sequence was replaced by KHS20370.2.

FEATURES

Location/Qualifiers

1..2948

source

/organism="Triticum turgidum subsp. durum"

/mol_type="genomic DNA"

/cultivar="Mohawk"

/sub_species="durum"

/db_xref="taxon:5552"

/chromosome="1BL"

/tissue_type="leaves from drought-stressed plants"

gene

1..2948

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Recent activity

Turn Off Clear

Triticum turgidum subsp. durum cultivar Mohawk chromosome 1BL AP2 Nucleotide

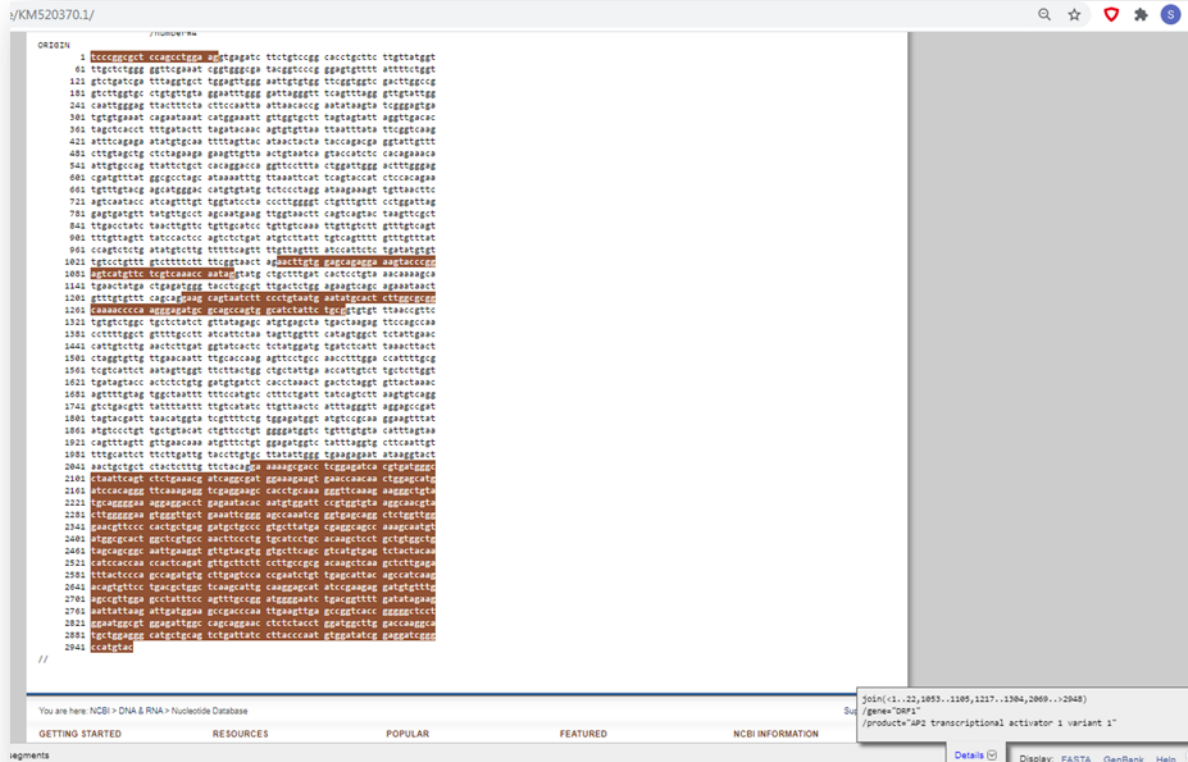
Triticum aestivum Wdreb2 mRNA for EREBP/AP2 type transcription factor Nucleotide

Triticum aestivum AP2-containing protein (Dreb1) mRNA, complete cds Nucleotide

Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein Nucleotide

wdhn13 (16) Nucleotide

See more...



Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

Triticum turgidum subsp. durum cultivar Mohawk chromosome 1BL AP2 transcriptional activator 1 (DRF1) gene, exons 1 through 4 and partial cds, alternatively spliced

GenBank: KM520370.1

This sequence has been updated. [See current version.](#)

[GenBank Graphics](#)

>KM520370.1 *Triticum turgidum* subsp. durum cultivar Mohawk chromosome 1BL AP2 transcriptional activator 1 (DRF1) gene, exons 1 through 4 and partial cds, alternatively spliced

```
TCCCGGCGCTCCAGCCTGGAAGGTGAGATCTTCTGTCCGGCACCTGCTTCTTGTATGGTTTGCTCTGGG
GGTTCGAAATCGGTGGGCGATACGGTCCGGGAGTGTTTTATTTTCTGGTGTCTGATCGATTTAGGTGCT
TGGAGTTGGGAATTGTGTGGTTCGGTGGTCGACTTGGCCGGTCTTGGTGCCGTGTGTTGTAGGAATTTGGG
GATTAGGGTTTTCAGTTTAGGGTTGTATTGGCAATTGGGAGTTACTTTCTACTTCCAATTAATTAACACCG
AATATAAGTATCGGGAGTGATGTGTGAAATCAGAATAAATCATGGAAATTGTTGGTGCCTTTAGTAGTATT
AGGTTGACACTAGCTCACCTTTTGATACCTTAGATACAACAGTGTGTTAATTAATTTATATTCGGTCAAG
ATTTTCAGAGAATATGTGCAATTTTAGTTACATAACTACTATACCAGACGAGGTATTGTTTCTGTAGCTG
CTCTAGAAGAGAAGTTGTTAACTGTAATCAGTACCATCTCCACAGAAACAATTGTGCCAGTTATTCCTGCT
CACAGGACCAGGTTCCCTTACTGGATTGGGACTTTGGGAGCGATGTTTATGGCGCCTAGCATAAAATTTG
TTAAATTCATTCAGTACCATCTCCACAGAATGTTTGTACGAGCATGGGACCATGTGTATGTCTCCCTAGG
ATAAGAAAGTTGTTAACTTCAGTCAATACCATCAGTTTGTGGTATCCTACCCTTGGGGTCTGTTTGTGTT
CCTGGATTAGGAGTGATGTTTATGTTGCCATAGCAATGAAGTTGGTAACCTCAGTCAGTACTAAGTTCGCT
TTGACCTATCTAACTTGTCTGTTGCATCCTGTTGTCAAATGTTGTCTTGTGTTGTCAGTTTGTGTTAGTT
TATCCACTCCAGTCTCTGATATGTCTTATTTGTGCTGTTTGTGTTTATCCAGTCTCTGATATGTCTTG
TTTTTCAGTTTGTAGTTTATCCATCTCTGATATGTGTTGTCTTGTCTTTTCTTTTCGGTAACT
AGAACTTGTGGAGCAGAGGAAAGTACCCGGAGTCATGTTCTCGTCAAACCAATAGGTATGCTGCTTTGAT
```

CACTCCTGTAAACAAAAGCATGAACTATGACTGAGATGGGTACCTCGCGTTTACTCTGGAGAAGTCAGC
 AGAAATAACTGTTTGTGTTTTCAGCAGGAAGCAGTAATCTTCCCTGTAATGAATATGCACTCTTGGCGCGG
 CAAAACCCCAAGGGAGATGCGCAGCCAGTGGCATCTATTCTGCGGTGTGTTTAAACCGTCTGTGTCTGGC
 TGCTCTATCTGTTATAGAGCATGTGAGCATGACTAAGAGTCCAGCCAACCTTTTGGCTGTTTTGCCTT
 ATCATTCTAATAGTTGGTTTCATAGTGGCTTCTATTGAACCATTGTCTTGAACCTTTGATGGTATCACTC
 TCTATGGATGTGATCTCATTAACTTACTCTAGGTGTTGTTGAACAATTTTGCACCAAGAGTTCCTGCC
 AACCTTTGGACCATTTTGCCTGTCATTCTAATAGTTGGTTTCTTACTGGCTGCTATTGAACCATTGTCT
 TGCTCTTGGTTGATAGTACCACCTCTCTGTGGATGTGATCTCACCTAAACTGACTCTAGGTGTTACTAAAC
 AGTTTTGTAGTGGCTAATTTTTTCCATGTCCTTTCTGATTTATCAGTCTTAAGTGTGAGGGTCTGACGTT
 TATTTTATTTTTGTATATCTTGTAACTCATTTAGGGTTAGGAGCCGATTAGTACGATTTAACATGGTA
 TCGTTTTCTGTGGAGATGGTATGTCCGCAAGGAAGTTTATATGTCCCTGTTGCTGTACATCTGTTCCCTGT
 GGGGATGGTCTGTTTGTGTACATTTAGTAACAGTTTAGTTGTTGAACAAAATGTTTCTGTGGAGATGGTC
 TATTTAGGTGCTTCAATTTGTTTGCATCTTTCTTGATTGTACCTTGTGCTTATATTTGGGTGAAGAGAAT
 ATAAGTACTAAGTGTGCTTACTCTTTGTTTACAGGAAAAAGCGACCTCGGAGATCACGTGATGGGC
 CTAATTCAGTCTCGAAACGATCAGGCGATGGAAAGAAGTGAACCAACAACCTGGAGCATGATCCACAGGG
 TTTCAAAGAGTCTGAGGAAGCCACCTGCAAAGGGTTCAAAGAAGGGCTGTATGCAGGGGAAAGGAGACCT
 GAGAATACACAATGTGGATTCCGTGGTGTAAAGCAACGTACTTGGGGGAAGTGGGTGCTGAAATTCGGG
 AGCCAAATCGGGTGAGCAGGCTCTGGTTGGGAACGTTCCCCACTGCTGAGGATGCTGCCCGTCTTATGA
 CGAGGCAGCCAAAGCAATGTATGGCGCACTGGCTCGTGCCAACCTCCCTGTGCATCCTGCACAAGCTCCT
 GCTGTGGCTGTAGCAGCGCAATGAAGGTGTTGTACGTGGTCTCAGCGTCATGTGAGTCTACTACAA
 CATCCACCAACCACTCAGATGTTGCTTCTTCCCTGCCGCGACAAGCTCAAGCTCTTGAGATTTACTCCCA
 GCCAGATGTGCTTGAGTCCACCGAATCTGTTGAGCATTACAGCCATCAAGACAGTGTTCCTGACGCTGGC
 TCAAGCATTGCAAGGAGCATATCCGAAGAGGATGTGTTTGGAGCCGTTGGAGCCTATTTCCAGTTTGCCGG
 ATGGGGAATCTGACGGTTTTGATATAGAAGAAATTTAAGATTGATGGAAGCCGACCAATGAAGTTGA
 GCCGGTACCAGGGGCTCCTGGAATGGCGTGGAGATTGGCCAGCAGGAACCTCTCTACCTGGATGGCTTG
 GACCAAGGCATGCTGGAGGGCATGCTGCAGTCTGATTATCCTTACCCAATGTGGATATCGGAGGATCGGG
 CCATGTAC

D genomunda yerleşən Dreb1 geninin in silico analizi

ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/DQ195068.1

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Search

Advanced Help

GenBank Send to

Triticum aestivum genome D dehydration-responsive element-binding protein (Dreb1) gene, complete cds

GenBank DQ195068.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to

LOCUS DQ195068 1748 bp DNA linear PLN 18-SEP-2005

DEFINITION Triticum aestivum genome D dehydration-responsive element-binding protein (Dreb1) gene, complete cds.

ACCESSION DQ195068

VERSION DQ195068.1

KEYWORDS

SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)

ORGANISM [Triticum aestivum](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.

REFERENCE 1 (bases 1 to 1748)
 AUTHORS Wei,B., Jing,R. and Chang,X.
 TITLE Isolation and characterization of TaDREB1 from A, B and D genomes of wheat
 JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 1748)
 AUTHORS Wei,B., Jing,R. and Chang,X.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (05-SEP-2005) Institute of Crop Sciences, The Chinese Academy of Agricultural Sciences, 12 Zhongguancun South Street, Beijing 100081, China

FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1748
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /db_xref="taxon:4565"
 /note="genome D"
 gene 1..1748
 /gene="Dreb1"
 mRNA join(1..69,771..1748)

Change region shown

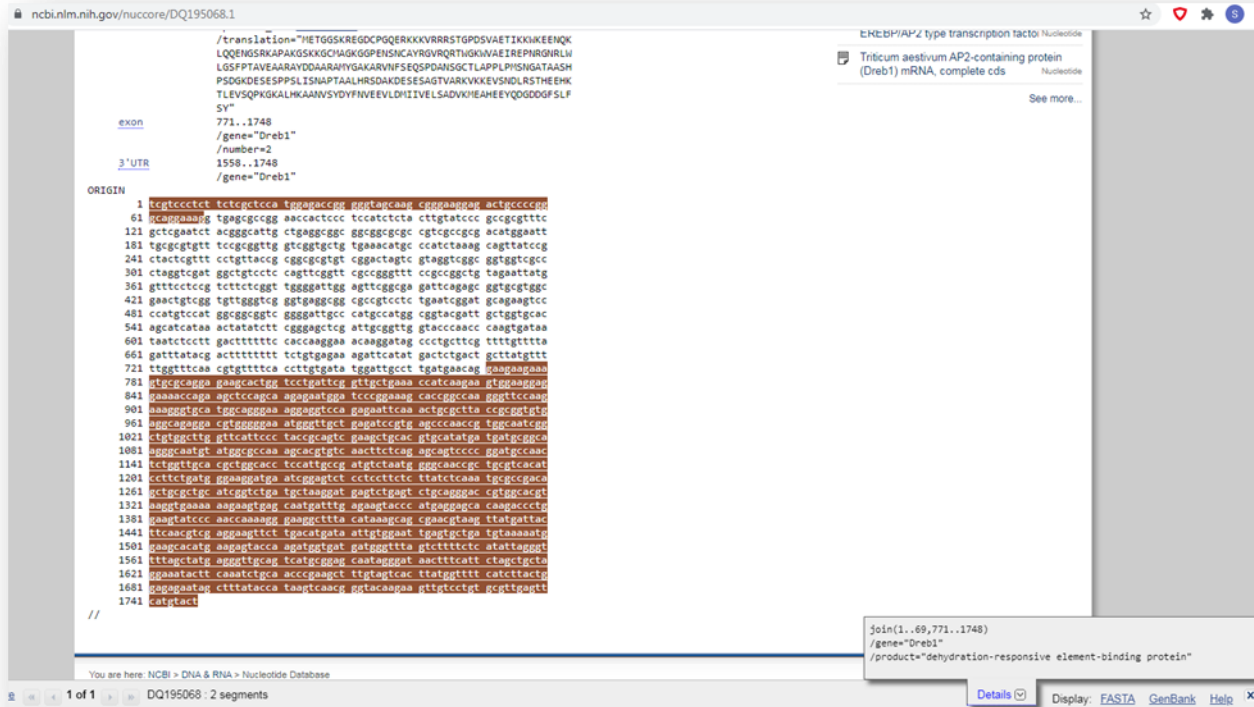
Customize view

Analyze this sequence
 Run BLAST
 Pick Primers
 Highlight Sequence Features
 Find in this Sequence

Articles about the Dreb1 gene
 Characterization of <i>TaDREB1</i> in wheat genotypes with different seed gr [Hereditas. 2018] See all...

More about the gene Dreb1
 Dreb1 gene

Related information
 Protein
 Taxonomy
 Full text in PMC
 Gene
 PubMed (Weighted)



Genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdaki kimidir:

Triticum aestivum genome D dehydration-responsive element-binding protein (Dreb1) gene, complete cds

GenBank: DQ195068.1

[GenBank Graphics](#)

>DQ195068.1 Triticum aestivum genome D dehydration-responsive element-binding protein (Dreb1) gene, complete cds

```
TCGTCCCTCTTCTCGTCCATGGAGACCGGGGTAGCAAGCGGGAAGGAGACTGCCCCGGGCAGGAAAGG
TGAGCGCCGGAACCACCTCCCTCCATCTCTACTTGTATCCCGCCGCTTTCGCTCGAATCTACGGGCATTG
CTGAGGCGGCGGCGGCGCGCCGTCGCCGCGACATGGAATTTGCGCGTGTTCGCGGTTGGTGGTGCCTG
TGAAACATGCCATCTAAAGCAGTTATCCGCTACTCGTTTTCCGTTACCGCGGCGCGTGTGGACTAGTC
GTAGGTCGGCGGTTGGTGCCTTAGGTCGATGGCTGTCTCCAGTTCGGTTCGCCGGGTTTCCGCCGGCTG
TAGAATTATGGTTTCCCTCCGCTTCTCGGTTGGGGATTGGAGTTCGGCGAGATTAGAGCGGTGCGTGGC
GAACGTCCGGTGTGGTTCGGGTGAGGCGGCGCCGCTCCTCTGAATCGGATGCAGAAGTCCCCATGTCCAT
GGCGGCGGTCGGGGATTGCCATGCCATGGCGGTACGATTGCTGGTGCACAGCATATAAATATATCTT
CGGGAGCTCGATTGCGGTTGGTACCCAACCAAGTGATAAATAATCTCCTTGACTTTTTTCCACCAAGGAA
ACAAGGATAGCCCTGCTTCGTTTTGTTTTAGATTTATACGACTTTTTTTTTCTGTGAGAAAGATTATAT
GACTCTGACTGCTTATGTTTTGTTTTGTTTTCAACGTTGTTTTTACCTTGTGATATGGATTGCCTTGAAACAG
GAAGAAGAAAGTGCAGGAGAAGCACTGGTCTGATTGCTGAAACCATCAAGAAGTGAAGAGGAG
GAAAACAGAAAGCTCCAGCAAGAGAATGGATCCCGGAAAGCACCGGCAAGGGTTCCAAGAAAGGGTGCA
TGGCAGGGAAAGGAGGTCAGAGAATTCAAACTGCGCTTACC CGGTTGTGAGGCAGAGGACGTGGGGGAA
ATGGGTTGCTGAGATCCGTGAGCCCAACCGTGGCAATCGGCTGTGGCTTGGTTCATTCCTACCGCAGTC
GAAGCTGCACGTGCATATGATGATGCGGCAAGGGCAATGTATGGCGCCAAAGCACGTGTCAACTTCTCAG
AGCAGTCCCCGGATGCCAACTCTGGTTGCACGCTGGCACCTCCATTGCCGATGTCTAATGGGGCAACCGC
TGCGTCACATCCTTCTGATGGGAAGGATGAATCGGAGTCTCCTCCTTCTCTTATCTCAAATGCGCCGACA
GCTGCGCTGCATCGGTCTGATGCTAAGGATGAGTCTGAGTCTGCAGGACCGTGGCACGTAAGGTGAAAA
AGAAGTGAGCAATGATTTGAGAAGTACCCATGAGGAGCACAAAGACCTGGAAGTATCCAACCAAAAGG
GAAGGCTTACATAAAGCAGCGAACGTAAGTTATGATTACTTCAACGTCGAGGAAGTCTTGACATGATA
```


ATTGTGGAATTGAGTGCTGATGTAAAAATGGAAGCACATGAAGAGTACCAAGATGGTGTGATGGGTTTA
GTCTTTTCTCATATTAGGGTTTGTAGCTATGAGGGTTGCAGTCATGCGGAGCAATAGGGATAACTTTTCATT
CTAGCTGCTAGGAAATACTTCAAATCTGCAACCCGAAGCTTTGTAGTCACTTATGGTTTTTCATCTTACTG
GAGAGAATAGCTTTATACCATAAGTCAACGGGTACAAGAAGTTGTCCTGTGCGTTGAGTTCATGTACT

MAFFT düzlənmə proqramı ilə müqayisəli analizin nəticələri aşağıda verilir:

CLUSTAL format alignment by MAFFT (v7.481)

AF303376.1 -----CGGGAAGGAGACTGCCCGGGCAGGAAAGGAAGAAGAAAGTG
DQ195068.1 TTCAACGTGTTTTTCACCTTGTGATATGGATTGCCTTGA--TGAACAGGAAGAAGAAAGTG
AB193608.1 GGCGGCGGCGGCGCCCTTCGAGATCCCGGCGCTCCAGC--CTGGAAGGAAAAAGCGACCT
KM520370.1 ACTAACTGCTGCTCTACTC-----TTTGT--TCTACAGGAAAAAGCGACCT

. . * . ***** .*** .* .

AF303376.1 CGCAGGAGAAGCACTGGTCCCTGATTCGGTTGCTGAAACCATCAAGAAGTGAAGGAGGAA
DQ195068.1 CGCAGGAGAAGCACTGGTCCCTGATTCGGTTGCTGAAACCATCAAGAAGTGAAGGAGGAA
AB193608.1 CGGAGATCACGTGATGGGCCTAATTCAGTCTCTGAAACGATCAGGCGATGGAAAGAAGTG
KM520370.1 CGGAGATCACGTGATGGGCCTAATTCAGTCTCTGAAACGATCAGGCGATGGAAAGAAGTG

** ** . * * . . *** ** .*** .** . ***** ** * . .***** .** .*

AF303376.1 AACCAGAAGCTCCAGCAAGA-----GAATGGATCCCGGAAAGCACCGGCCAAG
DQ195068.1 AACCAGAAGCTCCAGCAAGA-----GAATGGATCCCGGAAAGCACCGGCCAAG
AB193608.1 AACCAACAACCTGGAGCATGATCCACAGGGTGCAAAGAGGGCGAGGAAGCCACCTGCAAAG
KM520370.1 AACCAACAACCTGGAGCATGATCCACAGGGTTCAAAGAGGTCGAGGAAGCCACCTGCAAAG

***** . * ** **** * .** .* . * **** . **** ** **

AF303376.1 GGTTCGAAGAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGAGGTCCAGAGAATTCAAACCTGCGCTTAC
DQ195068.1 GGTTCGAAGAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGAGGTCCAGAGAATTCAAACCTGCGCTTAC
AB193608.1 GGTTCGAAGAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGAGGACCTGAGAATACACAATGTGGATTC
KM520370.1 GGTTCGAAGAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGAGGACCTGAGAATACACAATGTGGATTC

***** ***** .** ** .*** .***** ** ***** ** * ** .*

AF303376.1 CGCGGTGTGAGGCAGAGGACGTGGGGGAAATGGGTTGCTGAGATCCGTGAGCCCAACCGT
DQ195068.1 CGCGGTGTGAGGCAGAGGACGTGGGGGAAATGGGTTGCTGAGATCCGTGAGCCCAACCGT
AB193608.1 CGTGGTGTAAAGGCAACGTACTTGGGGGAAGTGGGTTGCTGAAATTCGGGAGCCAAATCGG
KM520370.1 CGTGGTGTAAAGGCAACGTACTTGGGGGAAGTGGGTTGCTGAAATTCGGGAGCCAAATCGG

** .***** .***** . * ** ***** .***** .** .** ***** ** .**

AF303376.1 GGCAATCGGCTGTGGCTTGGTTTCATTCCTACCGCAGTCGAAGCTGCACGTGCATATGAT
DQ195068.1 GGCAATCGGCTGTGGCTTGGTTTCATTCCTACCGCAGTCGAAGCTGCACGTGCATATGAT
AB193608.1 GTGAGCAGGCTCTGGCTGGGAACGTTCCCCACTGCTGAGGATGCTGCCCGTGCTTATGAC
KM520370.1 GTGAGCAGGCTCTGGTGGGAACGTTCCCCACTGCTGAGGATGCTGCCCGTGCTTATGAC

* * . . **** ** .* ** * .***** .** .** * ** ***** ***** ***** .

AF303376.1 GATGCGGCAAGGGCAATGTATGGCGCCAAAGCACGTGTCAACTTCTCAGAGCAGTCCCCG

DQ195068.1 GATGCGGCAAGGGCAATGTATGGCGCCAAAGCACGTGTCAACTTCTCAGAGCAGTCCCCG
AB193608.1 GAGGCAGCCAGAGCAATGTATGGCGCACTGGCTCGTACCAACTTCCCTGTGCATCCTGCA
KM520370.1 GAGGCAGCCAAAGCAATGTATGGCGCACTGGCTCGTGCCAACTTCCCTGTGCATCCTGCA
** **.* ** * .***** ** **.* **.* **.* **.*

AF303376.1 GATGCCAACTCTGGTTGCACGCTGGCACCTCCATTGCCGATGTCTAATGGGGCAACCGCT
DQ195068.1 GATGCCAACTCTGGTTGCACGCTGGCACCTCCATTGCCGATGTCTAATGGGGCAACCGCT
AB193608.1 CAAGCTCCTGCTGTGGCTGTACCAGCG--GCAATCGAAGGTGTTGTACGTGGT-GCTTCA
KM520370.1 CAAGCTCCTGCTGTGGCTGTAGCAGCG--GCAATTGAAGGTGTTGTACGTGGT-GCTTCA
* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.*

AF303376.1 GCGTCACATCCTTCTGATGGGAAG-----GATGAATCGGAGTCTCCTCCTTCTCTTATC
DQ195068.1 GCGTCACATCCTTCTGATGGGAAG-----GATGAATCGGAGTCTCCTCCTTCTCTTATC
AB193608.1 GCATCATGCGAGTCTACTACAACGTCCACCAACCACTCAGATGTTGCTTCTCCTTGCCG
KM520370.1 GCGTCATGTGAGTCTACTACAACATCCACCAACCACTCAGATGTTGCTTCTCCTTGCCG
**.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.*

AF303376.1 TCAAATGCGCCGACAGCTGCGCTGCATCGGTCTGATGCTAAGGATGAGTCTGAGTCTGCA
DQ195068.1 TCAAATGCGCCGACAGCTGCGCTGCATCGGTCTGATGCTAAGGATGAGTCTGAGTCTGCA
AB193608.1 AGACAAGCTCAAGCTCCTGAGATTTACTCCCAGCC-----AGATGCGCTTGAGTCCACA
KM520370.1 CGACAAGCTCAAGCTCTTGAGATTTACTCCCAGCC-----AGATGTGCTTGAGTCCACC
* * ** * .* ** * * .* . ***** * .* ** **.*

AF303376.1 GGGG-----CCGTGGCACGTAAGGTGAAAAAGAAGTGAGCAATGATTTGAGAAGTA
DQ195068.1 GGGG-----CCGTGGCACGTAAGGTGAAAAAGAAGTGAGCAATGATTTGAGAAGTA
AB193608.1 GAATCAGTTGTGCTGGAGTCTGTCGAGCATTACAGCCATCAAGACACTGTTCCCTGACGCT
KM520370.1 GAA-----TCTGTTGAGCATTACAGCCATCAAGACAGTGTTCCTGACGCT
* .. . ** ..*.. * * . ** * **.* **.*

AF303376.1 CCCATGAGGAGCACAAGACCC-----TGGAAGTATCCCAACCAAAAGGGAAGGCT
DQ195068.1 CCCATGAGGAGCACAAGACCC-----TGGAAGTATCCCAACCAAAAGGGAAGGCT
AB193608.1 GGCTCAAGCATTTC AAGGAGCACATCCGAAGAGGATGTGTTTCGAGCC---ATTGGAGCCT
KM520370.1 GGCTCAAGCATTGCAAGGAGCATATCCGAAGAGGATGTGTTTCGAGCC---GTTGGAGCCT
* ..** * . ****. * *** **.*.. * ** . * ** **

AF303376.1 TTACATAAAGCAGCGAACGTAAGTTATGATTACTTCAACGTCGAGGAAGTTCTTGACATG
DQ195068.1 TTACATAAAGCAGCGAACGTAAGTTATGATTACTTCAACGTCGAGGAAGTTCTTGACATG
AB193608.1 ATTTCCAGTTTGCCGGATGGAGAAGCAGACGGTTTTGATATAGAAGAATTATTGAGATTG
KM520370.1 ATTTCCAGTTTGCCGGATGGGGAATCTGACGGTTTTGATATAGAAGAATTATTGAGATTG
* . .* . . **.* * .. **.* **.* **.* **.* **.* **.* **.*

AF303376.1 ATAATTGTGGAATTGAGTGCTGATGTAAAAATGGAAGCACATGAAGAGTACCAAGATGGT
DQ195068.1 ATAATTGTGGAATTGAGTGCTGATGTAAAAATGGAAGCACATGAAGAGTACCAAGATGGT
AB193608.1 ATGGAAGCCGACCCAATTGAAGTCGAGCTGGTCACTGGGGGCTCCTGGAATGGTGGAGCC
KM520370.1 ATGGAAGCCGACCCAATTGAAGTTGAGCCGGTCACCGGGGCTCCTGGAA-----
**.. * . ** ..* ** * .* . ..* . * * **

```

AF303376.1      GATGATGGGTTTAGTCTTTTCTCATATTAGGGTTTAGCTATGAGGGTTGCAGTCATGCC
DQ195068.1      GATGATGGGTTTAGTCTTTTCTCATATTAGGGTTTAGCTATGAGGGTTGCAGTCATGCC
AB193608.1      AACACTGGCGTGGAGATGGGCCAGCAGGAACCTCTCTACCTGGATGGCTTGGACCAAGGC
KM520370.1      -----TGGCGTGGAGATTGGGCCAGCAGGAACCTCTCTACCTGGATGGCTTGGACCAAGGC
                  *** * .. * * ..* * . *.* .* * ** **.* ...** *

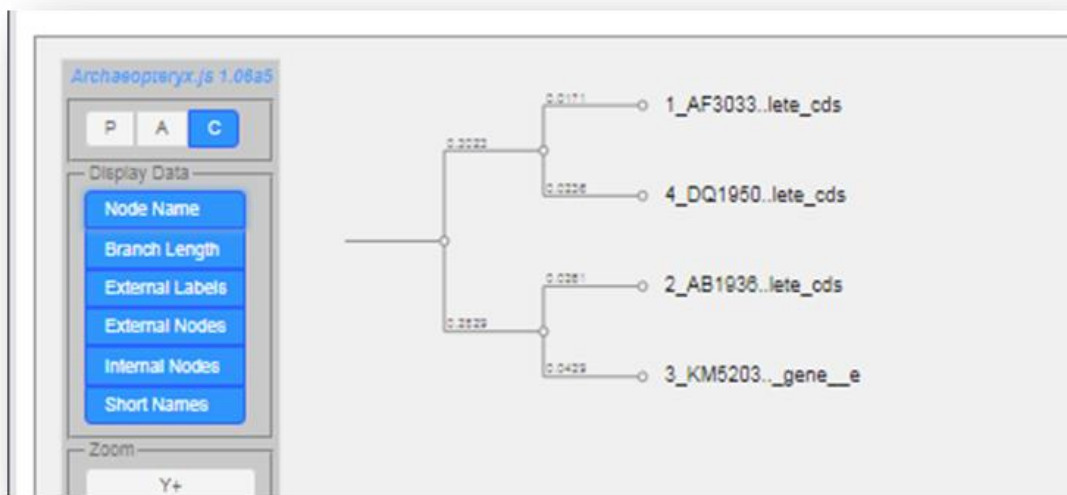
AF303376.1      GAGCAATAGGATAACTTTCATTCTAGCTGCTAGGAAATACTTCAAATCTGCAACCCGAA
DQ195068.1      GAGCAATAGGATAACTTTCATTCTAGCTGCTAGGAAATACTTCAAATCTGCAACCCGAA
AB193608.1      ATGCTGGAGGGCATGCTGCAGTCTGATTATCCTTACCCAATGTGGATATCAGAGGATCGG
KM520370.1      ATGCTGGAGGGCATGCTGCAGTCTGATTATCCTTACCCAATGTGGATATCGGAGGATCGG
                  . ** . **** .** . .*.. * . * . . * . * .* ...* . . .

AF303376.1      GCTTTGTAGTCACTTATGGTTTTTCATCTTACTGGAGAGAATAGCTTTAT-----AC
DQ195068.1      GCTTTGTAGTCACTTATGGTTTTTCATCTTACTGGAGAGAATAGCTTTAT-----AC
AB193608.1      GCCATGCA--CAACTCTGCCTCCATGATGCTGAGATGAGCGAGTTCTTCGAAGGGTTGT
KM520370.1      GCCATGTA--C-----
                  ** . **.* *

```

Nukleotid ardıcılıqların müqayisəsinə əsaslanan filogenetik ağacda AF303376.1 və DQ195068.1 genləri bir qrupda, AB193608.1 və KM520370.1 genləri ikinci qrupda yerləşdirilmişdir.

Buğdanın Dreb genlərinin nukleotid ardıcılıqlarının müqayisəli analizinə əsaslanan filogenetik ağac



Eyni zamanda DREB geni ilə yanaşı quraqlıqla induksiya olunan bir sıra digər genlər də analiz edilmişdir:

2-ci qrup LEA zülallarına aid olan Wdhn13 geninin in silico analizi

ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AB863588.1

GenBank

Send to - Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

Protein

Taxonomy

Recent activity

Turn Off Clear

wdhn13 (16)

Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein, complete cds

T durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd38

T durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16

TdDHN16 (0)

See more...

GenBank

AB863588.1

FASTA Graphics

Go to:

LOCUS AB863588 375 bp DNA linear PLN 06-NOV-2013

DEFINITION Triticum aestivum wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein, complete cds.

ACCESSION AB863588

VERSION AB863588.1

KEYWORDS .

SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)

ORGANISM Triticum aestivum

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooidae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.

REFERENCE 1

AUTHORS Heidari,P., Falaknaz,M., Mehrabi,A.A., Kahrizi,D. and Yari,K.

TITLE DNA sequence analysis of the wdhn13 (LEA) gene Cultivated bread wheat, durum and their genomic donor species

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 375)

AUTHORS Falaknaz,M., Mehrabi,A.A., Kahrizi,D., Yari,K. and Heidari,P.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (31-OCT-2013) Contact:Parviz Heidari Sari Agricultural Sciencesand Natural Resources University, Plant breeding; Sea road, Sari, Mazandaran 587, Iran URL :http://en.sanru.ac.ir/ Phone :98-0989193803455 Fax :98-0981513822658

FEATURES

source

1..375

/organism="Triticum aestivum"

/mol_type="genomic DNA"

/cultivar="Sardari"

/db_xref="taxon:5565"

1..375

/gene="wdhn13"

1..375

/gene="wdhn13"

/codon_start=1

/product="group2 late embryogenesis abundant protein"

/protein_id="BA0004192.1"

/translation="MEHQHSGAGEKKGIVESITEKLPQHGQHQATGGTYGQGGHTG

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein, complete cds

GenBank: AB863588.1

[GenBank Graphics](#)

>AB863588.1 Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein, complete cds

```
ATGGAGCACCAGGGGCACGGCGCAGGCGAGAAGAAGGGCATCGTGGAGAGCATCACGGAGAAGCTCCCCG
GTGGCCATGGTGATCACCAGCAGGCCACCGGTGGCACGTACGGGCAGCAAGGACACACCGGAGTTACCGG
CACAGGCACCGGCACCGGCGAGAAGAAGGGCGTCTGTCGAGAACATCAAGGAGAAGCTTCCCCGGTGGCCAC
GGTGACCACCAGCACACCCTGGAATGACCGGCTCGAAGACGCATGCCACCACAGCCACCACCGATGGCA
ACTACGGGAAGTCGGGACACACCGGCACCTGACAGCACCGATGAGAACAAGAGCATGATGGACAAGATCAA
GGACAAGCTGCCTGGACAGCACTAA
```

NCBI Resources How To

Nucleotide Nucleotide Advanced

Graphics Send to

Triticum aestivum Wdhn13 gene for group2 late embryogenesis abundant protein, complete cds

GenBank: AB863588.1
[GenBank](#) [FASTA](#) [Link To This View](#) [Feedback](#)

AB863588.1: 1..375 (375 nt)

```
/protein_id="BAO04192.1"
/translation="MEHQHGAGEKKGIVESITEKLPGGHGDHQQATGGTYGQQGHTG
VTGTGTGTGEKKGVENIKEKLPGGHGDHQHTTGMTGSKTHATATTDGNYGKSGHTG
TDSTDENKSMDKIKDKLPGQH"
```

LEA/RAB əlaqəli COR zülalını kodlaşdıran Wrab17 geninin in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Advanced Search Help

GenBank Send to

Triticum aestivum cold-responsive LEA/RAB-related COR protein (Wrab17) mRNA, complete cds

GenBank: AF255053.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to](#)

LOCUS AF255053 735 bp mRNA linear PLN 17-OCT-2000
 DEFINITION Triticum aestivum cold-responsive LEA/RAB-related COR protein (Wrab17) mRNA, complete cds.
 ACCESSION AF255053
 VERSION AF255053.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
 ORGANISM [Triticum aestivum](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 735)
 AUTHORS Tsuda,K., Tsvetanov,S., Takumi,S., Mori,N., Atanassov,A. and Nakamura,C.
 TITLE New members of a cold-responsive group-3 Lea/Rab-related Cor gene family from common wheat (Triticum aestivum L.)
 JOURNAL Genes Genet. Syst. 75 (4), 179-188 (2000)
 PUBMED [11126566](#)
 REFERENCE 2 (bases 1 to 735)
 AUTHORS Nakamura,C., Tsuda,K. and Tsvetanov,S.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (10-APR-2000) Biological and Environmental Science, Faculty of Agriculture, Kobe University, 1-1 Rokkodai-Cho, Nada-Ku, Kobe 657-8501, Japan
 FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..735
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /db_xref="taxon:4565"
 /chromosome="5A; 4B; 4D"
 gene 1..735

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Articles about the Wrab17 gene

Functional characterization of the Wrab17 gene in the interaction pi [Plant Physiol Biochem. 2018]

New members of a cold-responsive group-3 Lea/Rab-related Cor gr [Genes Genet Syst. 2000]

See all...

More about the gene Wrab17

Wrab17 gene

Related information

Protein

PubMed

Taxonomy

Full text in PMC

Gene

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimi olmuşdur:

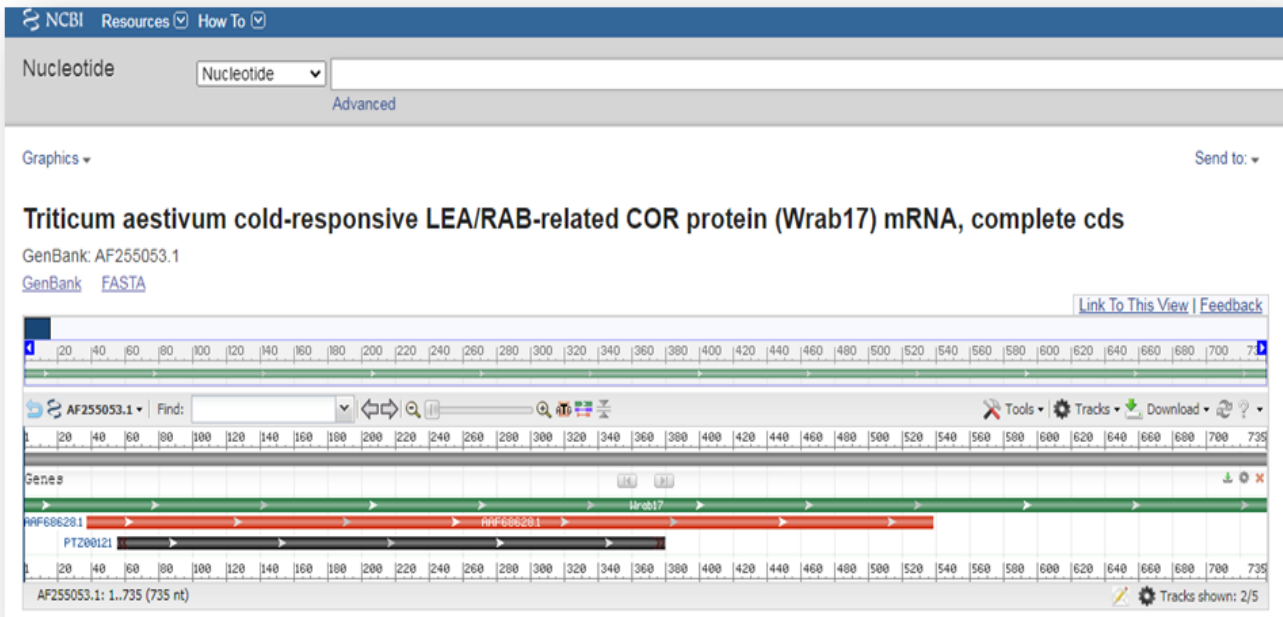
Triticum aestivum cold-responsive LEA/RAB-related COR protein (Wrab17) mRNA, complete cds

GenBank: AF255053.1

[GenBank Graphics](#)

```
>AF255053.1 Triticum aestivum cold-responsive LEA/RAB-related COR protein (Wrab17) mRNA, complete cds
```

```
CAAATTAGTACGTACCAACACTCCATCAACTTCAAAAATGTCTGGTTGGTTTCAAGAGAAGTCCGGCGAC  
GCCACCAAGACGGCGTCCGAGACGGGGCAGACCATTCAAGACCGCGCCGTCGAGGCAAAAGACCAGACCG  
GGGCCTTCCTTGGTGAGAAAAGCGAGGCTGTACGAAGGCTGCCTCCGAGACTACCGAGGCGGCTAAAAA  
GATGGGCGGCGAGGCCATGGGGAAGGCGTCCGAGACGGTGAAGCCGGTAAGGATCACGCCGTCGAGGGC  
AAAGACCAGGCAGGCAGCTTTTACGGCGACAAGACTGACGCTGTCAAGAAGACGGCCACCGAGACTGCCG  
ATGCCACCAAGGAGAAGTCCACCGAGGCCGCCAGCATGTCCAGGACACCGCTGCACAGTACACCAAGGA  
TACCCCGTCCGCCCCAAGGAAAACGCTCTCCAGCAGGCCGGCGGGAATATGGTGGGTGCCGCTACAGAC  
GCCAAGGACGCTGTATGAACACGCTCGGGATGGGAGGAGACAAGTGAGATGCGGGTGGTGCCACCAAGA  
AGACCACAAAGGATAATAGGCGCGTCTGCGCTTGTTCGCCCTAGCCCTCCTTCTGTTTCGCTATTCCTTC  
AATATAATTTAATTTCCAGTTCATGGCACTAATTACACATGCTCCTTGGTGTAACTTTGTATGATGTAT  
CCGACCGAGGTATGAATATATTTCCACCAATCAT
```



```
/protein id="AAAF68628.1"
```

```
/translation="MSGWFQEKSGDATKTASETGQTIQDRAVEAKDQTGAFLGEKSEA  
VTKAASETTEAAKKMGGEAMGKASETVEAGKDHAVEGKDQAGSFYGDKTDVKKKTATE  
TADATKEKSTEEAAQHVQDTAAQYTKDTPVAPKENVQQAGGNMVGAAATDAKDAVMNTL  
GMGGDK"
```


Triticum durum–da rast gəlinmiş dehidrin geninin (pTd27e klonu) in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Search Help

GenBank

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e

GenBank: X78431.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

[Go to:](#)

LOCUS X78431 751 bp mRNA linear PLN 13-FEB-1996

DEFINITION T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e.

ACCESSION X78431

VERSION X78431.1

KEYWORDS dehydrin.

SOURCE Triticum turgidum subsp. durum (durum wheat)

ORGANISM [Triticum turgidum subsp. durum](#)

Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.

REFERENCE 1

AUTHORS Labhilli,M., Joudrier,P.H. and Gautier,M.F.

TITLE Characterization of cDNAs encoding Triticum durum dehydrins and their expressions patterns in cultivars that differ in drought tolerance

JOURNAL Plant Sci. 112, 219-230 (1995)

REFERENCE 2 (bases 1 to 751)

AUTHORS Gautier,M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (17-MAR-1994) H. Gautier, I N R A, Laboratoire de Technologie des Cereales, 2 Place viala, 34060 Montpellier, Cedex 01, FRANCE

FEATURES

Location/Qualifiers

source 1..751

/organism="Triticum turgidum subsp. durum"

/mol_type="mRNA"

/strain="Siliana"

/sub_species="Desf."

/db_xref="taxon:4567"

/clone="pTd27e"

/tissue_type="dehydrated root"

/dev_stage="4 day old seedling"

53 505

Send to: Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

Protein

Taxonomy

Functional Class

Recent activity

Turn Off Clear

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e Nucleotide

X78431 (0) PMC

Shaping Durum Wheat for the Future: Gene Expression Analyses and Metabolites Pro...

TdDHN15 (2) PMC

Triticum aestivum cold-responsive LEA/RAB-related COR protein (Wrab17) mRNA Nucleotide

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e

GenBank: X78431.1

[GenBank Graphics](#)

>X78431.1 T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e

```
CAAAGAGCAAAGCTAAAGCCACAACCAAGTCCAGTTTAGGAAGAGGCAGAGATGGAGTTCCAAGGGCAG
CACGACAACCCCGCCAACCGCGTCGACGAGTACGGCAACCCGTCCCCGCTGGCCGGCGGCGTGGGGGGAG
GACACGCCGCTCCTGGCACC GGCGGGCAGTTACAGGCCCGCAGGGGAGAGCACAAGACCCGTGGGATCCT
GCATCGCTCCGGCAGCTCCAGCTCCAGCTCGTCTTCCGAGGACGACGGCATGGGCGGGAGGAGGAAGAAG
GGCATGAAAGAGAAGATCAAGGAGAAGCTCCCCGGCGGCCACAAGGACAACCAGCAGCACATGGCGACTG
GTACAGGGACTGGAGGAGCCTACGGGCCGGGACTGGAAC TGGTGGAGCCTACGGGCAGCAAGGCCACGC
AGGAATGGCCGGCGCCGGCAGTGGCACC GGCGAGAAGAAGGGGATCATGGACAAGATTAAGGAGAAGCTG
CCGGGACAGCAGCTGAGCCGACGGCTCCGGCTGGCCGCTTCC TTTGCATAGCTACACGCGTCAATGCC TTC
TAGTTCCACGTGATCTTTTTGTTC AATAATAATAAGATGAAGCAGAACGAAAAC TTGTCTCTGATCTCGT
CTGTGTCAGGGACACTTTTCTGTATA CAGCGTGCGTGTGTTTGTATGTTTGTGTGTTGTGTTTCAT
GTTGAAACAAATTTAGTGTACAAC TGA AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

NCBI Resources How To

Nucleotide Nucleotide Advanced

Graphics Send to

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd27e

GenBank: X78431.1
[GenBank](#) [FASTA](#) [Link To This View](#) | [Feedback](#)

1 20 40 60 80 100 120 140 160 180 200 220 240 260 280 300 320 340 360 380 400 420 440 460 480 500 520 540 560 580 600 620 640 660 680 700 720 751

Genes
 CRR51941
 Dehydrin
 polyA_signal Features
 polyA_site Features

X78431.1: 1..751 (751 nt) Tracks shown: 4/7

```
/db_xref="UniProtKB/TrEMBL:Q41601"
/translation="MEFQQHDNPANRVDEYGNPFPLAGGVGGGHAAPGTGGQLQARR
GEHKTGGILHRSGSSSSSSSEDDMGGRKKGMKEKIKEKLPGGHKDNQQHMATGTG
TGGAYGPGTGTGGAYGQQGHAGMAGAGTGTGEKKGIMDKIKEKLPQQH"
```

LEA D-11 dehidrini için Wdhn13 geninin in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Search Advanced Help

GenBank Send to

Triticum aestivum Wdhn13 mRNA for LEA D-11 dehydrin, complete cds

GenBank: AB076807.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to

LOCUS AB076807 657 bp mRNA linear PLN 25-JUN-2002
 DEFINITION Triticum aestivum Wdhn13 mRNA for LEA D-11 dehydrin, complete cds.
 ACCESSION AB076807
 VERSION AB076807.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)
 ORGANISM [Triticum aestivum](#)
 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP
 clade; Pooideae; Triticeae; Triticeae; Triticeae; Triticum.
 REFERENCE 1
 AUTHORS Ohno,R., Takumi,S. and Nakamura,C.
 TITLE Comparative analysis of transcript and protein accumulation of a
 novel low-molecular-weight, cold-responsive LEA D-11 dehydrin in
 wheat
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 657)
 AUTHORS Ohno,R., Takumi,S. and Nakamura,C.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (22-DEC-2001) Ryoko Ohno, Kobe university, Faculty of
 Agriculture; Nada-ku, Rokkodai-cho 1-1, Kobe, Hyogo 657-8501, Japan
 (E-mail:963d828@yku.kobe-u.ac.jp, Tel:81-78-803-5860,
 Fax:81-78-803-5859)

FEATURES
 Location/Qualifiers
 source 1..657
 /organism="Triticum aestivum"
 /mol_type="mRNA"
 /cultivar="Hironovskaya 808"
 /db_xref="taxon:4565"
 /chromosome="7"

if 1 AB076807: 1 segment

Change region shown
 Customize view
 Analyze this sequence
 Run BLAST
 Pick Primers
 Highlight Sequence Features
 Find in this Sequence
 More about the gene Wdhn13
 Wdhn13 gene
 Related information
 Protein
 Taxonomy
 Gene

11..385
 /gene="Wdhn13"
 /codon_start=1
 /product="LEA D-11 dehydrin"
 /protein_id="BA01117.1"
 /translation="MEHQHGAGEKGVIESITEKLPGRHGDHQQTGGTGGQGGHTG
 VTGTGTGTGEKGVENIKLPGHGQHQTHTGSGSKTATTATDGIYKSGHTG
 TOSTGENKSPDKIKDKLPQH"

Details Display: FASTA GenBank Help

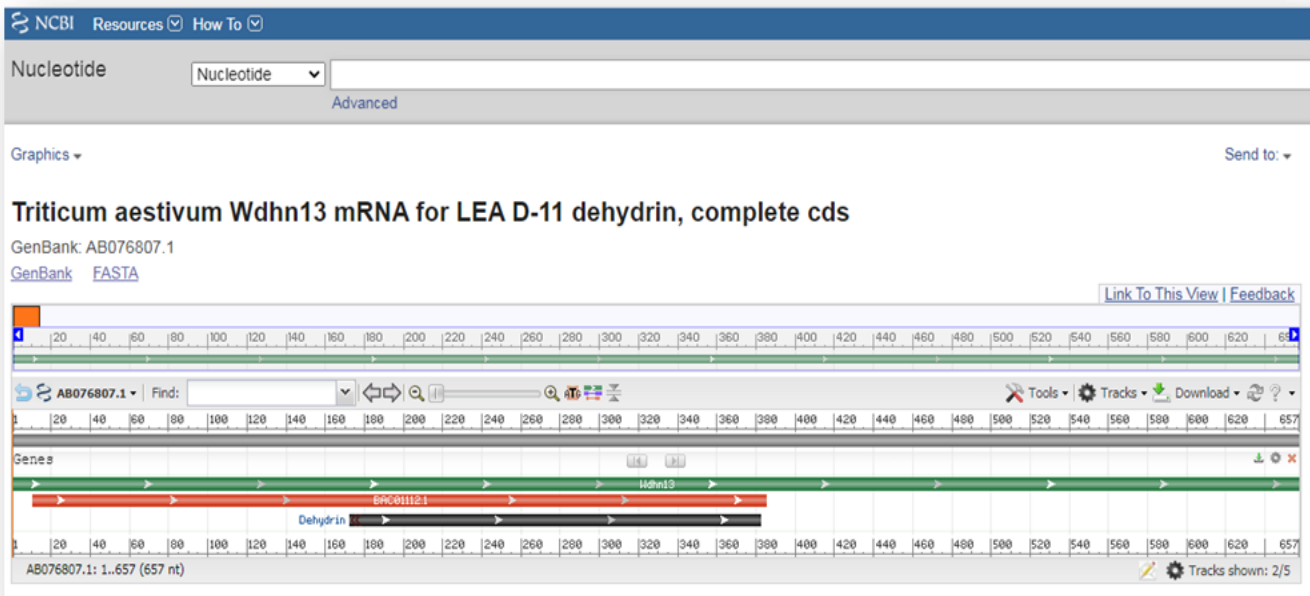
Cari genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdaki kimidir:

Triticum aestivum Wdhn13 mRNA for LEA D-11 dehydrin, complete cds

GenBank: AB076807.1

[GenBank Graphics](#)

```
>AB076807.1 Triticum aestivum Wdhn13 mRNA for LEA D-11 dehydrin, complete cds
TGAGGGCAAGATGGAGCACCAGGGGCACGGCGCAGGGCAGAGAAGAAGGGCGTCATGGAAAGCATCACGGAG
AAGTCCCCCGTGGCCATGGTGATCACCAGCAGGCCACCGGTGGCACGTACGGGCAGCAAGGACACACCCG
GAGTTACCGGCACAGGCACCGGCACCGGCAGAGAAGAAGGGCGTCGTCGAGAACATCAAGGAGAAGCTTCC
CGGTGGGCACGGTGACCACCAGCACACCCTGGAATGAGCGGCTCGAAGACGCATGCCACCACAGCCACC
ACCGATGGCAACTACGGGAAGTCGGGACACACCGGCCTGACAGCACCGGTGAGAACAAGAGCATGATGG
ACAAGATCAAGGACAAGCTGCCTGGACAGCACTAAGCCCAGCCGGTCTGCCACGCCCGCGCCGACCCG
CTACTTTGCAGAATATATAAATAAGATGGCCAACCTCCACCGTGTATACATGAATTTAAGCTTTCATGGAG
GAGCGCCCAATTCATCTGGGTTTAAGCTTTCATGGACAACAGTGTGTCGAGGGTTTTCTTTGTTTACA
ATTTGCATACCTTTCATGACATGGAAATTTCCCTTTGGTTCAACCGGTGCATGGTATGCTATGGCATCTAATAT
AAATATAAGCAAAATGTTAAGTTTGCA
```



/protein_id="BAC01112.1"

```
/translation="MEHQHGAGEKKGVMESITEKLPRGHGDHQQATGGTYGQQGHTG
VTGTGTGTGEKKGVENIKEKLPGGHGDHQHTTGMSSKTHATTATTDGNYGKSHTG
TDSTGENKSMMDKIKDKLPGQH"
```

Triticum durum–da rast gəlinmiş dehidrin geninin (pTd16 klonu) in silico analizi

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

Nucleotide Nucleotide Search Help

GenBank

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16

GenBank: X78429.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to: [v]

LOCUS X78429 814 bp mRNA linear PLN 10-JAN-1996
DEFINITION T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16.
ACCESSION X78429
VERSION X78429.1
KEYWORDS dehydrin.
SOURCE Triticum turgidum subsp. durum (durum wheat)
ORGANISM [Triticum turgidum subsp. durum](#)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.
REFERENCE 1
AUTHORS Labhilli,M., Joudrier,P.H. and Gautier,M.F.
TITLE Characterization of cDNAs encoding Triticum durum dehydrins and their expressions patterns in cultivars that differ in drought tolerance
JOURNAL Plant Sci. 112, 219-230 (1995)
REFERENCE 2 (bases 1 to 814)
AUTHORS Gautier,M.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (17-MAR-1994) M. Gautier, I N R A, Laboratoire de Technologie des Cereales, 2 Place viala, 34060 Montpellier, Cedex 01, FRANCE
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..814
/organism="Triticum turgidum subsp. durum"
/mol_type="mRNA"
/strain="Siliana"
/sub_species="Desf."
/db_xref="taxon:4567"
/clone="pTd16"
/tissue_type="dehydrated root"
/dev_stage="4 day old seedling"
CDS 39..515

Change region shown

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

Protein

Taxonomy

Full text in PMC

Recent activity

Turn Off Clear

T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16 Nucleotide

TdDHN16 (0) Nucleotide

Oryza sativa Japonica Group cDNA clone.J023096D05, full insert sequ) Nucleotide

LOC4350452 [Oryza sativa Japonica Group] Gene

RAB16C AND (alive[prop]) (1) Gene

Tədqiq olunan genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdakı kimidir:

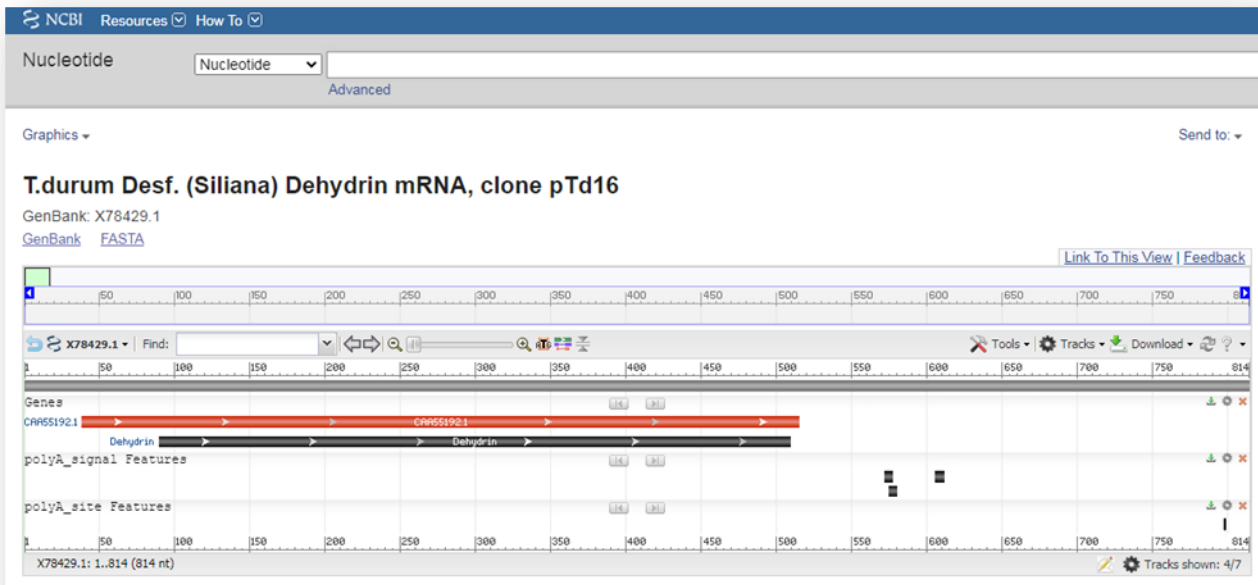
T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16

GenBank: X78429.1

[GenBank](#) [Graphics](#)

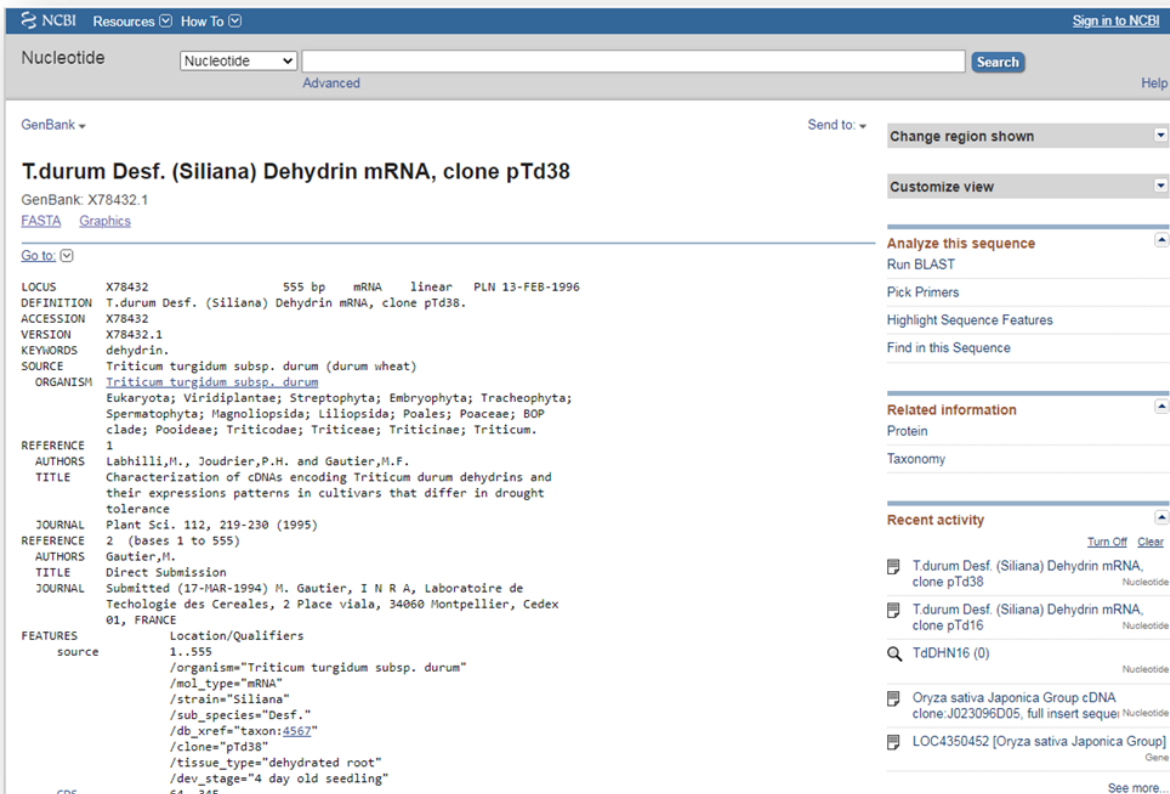
>X78429.1 T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd16

```
CAGATTTCTGAGATAAATCAAAATCAGCACCTGTGCAAGATGGAGTACCAGGGACAGCAGCAGCAGCAGGCCA
GGCGGCGACCAACCGCTTCGCCGAGTACGGTAACCTGGTGGCCGGACATGGTGCCGGCACCAGGGATGGCT
GCGCACGGCGGCGTCCGCCACCGGTGCCGTTGCCGCTGCAGGTGGGCATTTCCAGCCCACGAGGGAGGAGC
ACAAGGCCGGAGGGATCCTGCAGCGCTCCGGCAGCTCCAGTAGCTCCAGTTCCGTCTGAGGATGATGGCAT
GGCGGGAGGAAGAAGAAGGCATCAAGGATAAGATCAAAGAGAAGCTTCCGGGTGGCCACGGCCAGCCAGC
CAGCAGACCCCGGCACCTACGGACAGCAAGTGCATACGGGAACGGCCGGCACCGGCGGCACCTTACGGCC
AACCAGGACACCCGGAATGGCTGGCACCCAGCACCGGTGAGAAGAAGGCATCATGGACAAGATCAA
GGAGAAGCTGCCCGGACAGCAGCTGAGCCCGGCCCGCAGCAGCTACTCGAGAGTTGAGGTGCCGATCTGGC
CACCTTTGCAGAATAATAAGATGGAGATGCAGTAAACTTCCCGAAAATAAAGTGAGCTACTCACTTGTGA
TGTCTGAGTTCTGAGTCTGGTGGACTTGAATTTGGGCTGCTTGTATGTACCCGGGATGTTTTGTGCTCTG
TACTTCGATGTGTGAATTTCTTTTGGTTGTACTGTGTATTTATTATATGGGGATGTATATCATGGTATA
ATGCAATATATTTTGCCTTTTACTTGAIAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```



/db_xref="UniProtKB/TrEMBL:Q41600"
 /translation="MEYQQQQHGOAATNRFAYGNLVAGHGAGTGMAAHGGVGTGAV
 AAAGGHFQPTREEHKAGGILQRSGSSSSSSSEDDGMGGRKKKGIKDKIKEKLPGGHG
 DQQQTAGTYGQQGHTGTAGTGGTYGQPGHTGMAGTDSTGEKKGIMDKIKEKLPGQH"

***Triticum durum*–da rast gəlinmiş dehidrin geninin (pTd38 klonu) in silico analizi**



Bu genin FASTA formatında nukleotid ardıcılığı aşağıdaki kimidir:

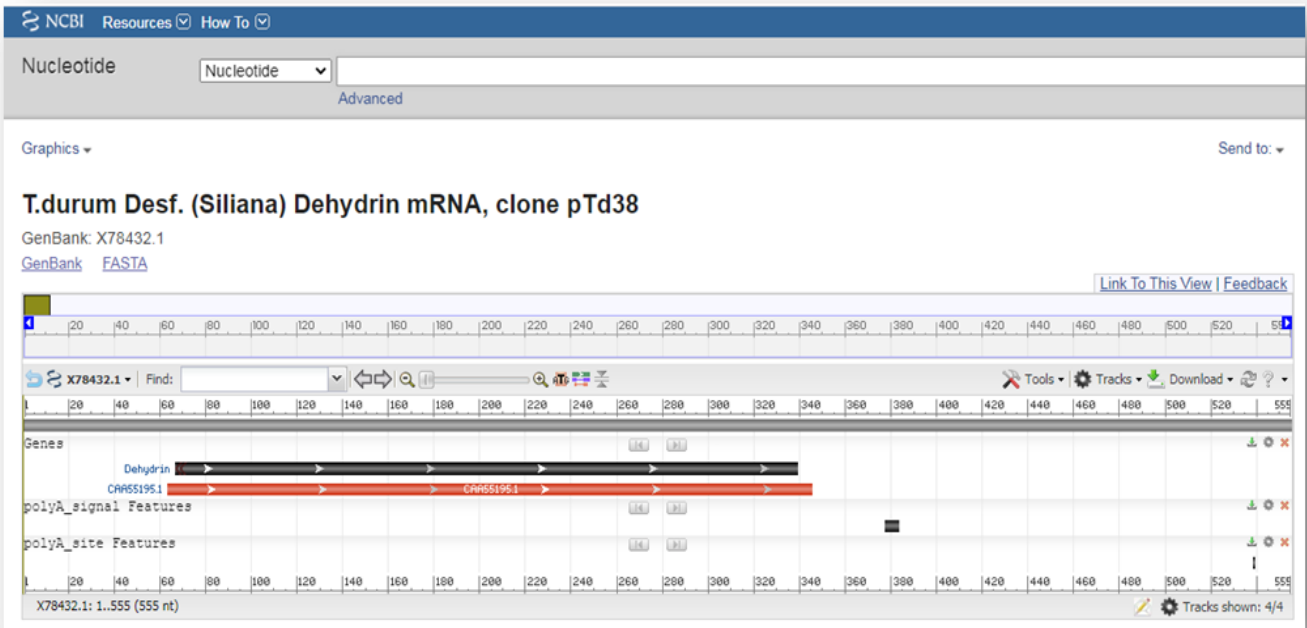
T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd38

GenBank: X78432.1

[GenBank Graphics](#)

>X78432.1 T.durum Desf. (Siliana) Dehydrin mRNA, clone pTd38

```
ACACAACCAAGACAAGTAAACAGCAGCACTAGTAGATTCCCGAGTGACAAGTTCAGCGCAACATGGAGC
ACCAGGGACACGGCACCCGGCGAGAAGAAGGGCATCATGGAGAACATCAAGGAGAAGCTCCCCGGTGGCCA
AGGTGACCACCAGCAGACCCGCTGGCACCCACGGGCAGCATGGACACACTGGAATGACAGGCACGGAGATG
CATGACACCACGGCCACCCGGCGGCACCCATGGGCAGCAGGGGCTTACCGGAACGACTGGCACTGGGACAC
ACGGCACCCGGTGAGAAGAAGAGCCTCATGGACAAGGTGAAGGAGAAGCTGCCTGGACAGCACTAAGCTCG
GTCTGCCACGGCCGCCACCTTTGCAGAATAATACTCCACCGTATATGAATTGATCTGAGTCTAGTTCAC
CTAGCTCACTTGGTCGTTGGAGGAGCAAATGTATCTCTGGTTTAAGTTTTTACGGACAACAGTGTGTTCA
CAGTTTTTCGTCTATTTACACTCCGTCATGCAAATTTCTTTTTTGTCCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```



/db_xref="UniProtKB/TrEMBL:Q42409"

/translation="MEHQHGTGEKKGIMENIKEKLPGGQGDHQQTAGTHGQHGHTGM
TGTEMHDTTATGGTHGQQGLTGTGTHGTGEKKS LMDKVKEKLPGQH"

Praymerlerin dizayn edilmesi Primer3Plus software
(<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) proqramı ilə RT-
PZR tələblərini daxil etməklə həyata keçirilmişdir:



Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında MDA-nın Heath və Packer (1968) metoduna əsasən spektrofotometrik tədqiqi.

Quraqlığa məruz qalmış yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında MDA-nın miqdarı

| Genotiplər | Variantlar | MDA (<i>mkmol/q yaş biokütlə</i>) |
|-------------|------------|--|
| Zirvə-85 | nəzarət | 1.1±0.1 |
| | stres | 1.7± 0.2** |
| Aran | nəzarət | 1.4±0.1 |
| | stres | 3.7±0.3** |
| Murov-2 | nəzarət | 1.9±0.2 |
| | stres | 2.8±0.3** |
| Qızıl buğda | nəzarət | 1.5±0.1 |
| | stres | 4.2±0.4** |

AsT-GSH tsiklinin əsas komponentlərindən olan **askorbatperoksidaza fermenti (APO)** stres zamanı bitki hüceyrələrində yaranan H_2O_2 -nin parçalanmasında mühüm rol oynayır. Spektrofotometrik metodla aparılan analizlər nəticəsində müəyyən olunmuşdur ki, normal şəraitdə APO-nun konstitutiv fəallığı Zirvə-85 genotipində $19.9 \pm 0.9 \mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Aran genotipində $12.8 \pm 0.6 \mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Murov-2 genotipində $14.9 \pm 0.7 \mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Qızıl buğdada isə $19.4 \pm 0.9 \mu\text{mol/mq}$ zülal dəq olmuşdur. Quraqlıq bütün genotiplərin yarpaqlarında APO-nun fəallığının nəzarətlə müqayisədə artmasına gətirib çıxarmışdır. Statistik cəhətdən əhəmiyyətli artım Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində müşahidə olunmuşdur (uyğun olaraq, 1,8 və 2,3 dəfə). Aran genotipində statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə edilməmiş, Qızıl buğdada isə bu artım tədqiq olunan digər genotiplərdən fərqli olaraq suvarılan variantla müqayisədə quraqlıq zamanı aşağı olmuşdur (təxminən 1,2 dəfə).

Quraqlığa məruz qalmış yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında askorbat-peroksidazanın fəallığı

| Genotiplər | Variantlar | APO μmol askorbat/(mq zülal dəq) |
|-------------|------------|--|
| Zirvə-85 | nəzarət | 19.9± 0.9 |
| | stres | 26.2 ±1.3** |
| Aran | nəzarət | 12.8±0.6 |
| | stres | 14.1 ±0.7 |
| Murov-2 | nəzarət | 14.9 ±0.7 |
| | stres | 33.9 ±1.7** |
| Qızıl buğda | nəzarət | 19.4±0.9 |
| | stres | 22.3 ±1.1* |

III sinif peroksidazaların nümayəndələrindən sayılan **qvayakolperoksidaza (QPO)** liqнинin biosintezində fəal iştirak edərək stres zamanı hüceyrə divarının möhkəmlənməsində və bitkinin stressdən müdafiəsində əhəmiyyətli rola malikdir. Quraqlıq zamanı tədqiq olunan genotiplərdə stresin təsirinə cavab olaraq bu fermentin fəallığı müxtəlif səviyyələrdə artmış, Aran genotipində digər genotiplərlə müqayisədə daha nəzərəçarpan olmuş, Zirvə-85də isə statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə olunmamışdır.

Quraqlığa məruz qalmış yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında qvayakol-peroksidazanın fəallığı

| Genotiplər | Variantlar | QPO μmol qvayakol/(mq zülal dəq) |
|-------------|------------|-------------------------------------|
| Zirvə-85 | nəzarət | 0.024±0.003 |
| | stres | 0.032 ±0.004 ^{ns} |
| Aran | nəzarət | 0.031±0.004 |
| | stres | 0.055 ±0.008** |
| Murov-2 | nəzarət | 0.031±0.004 |
| | stres | 0.054 ±0.008* |
| Qızıl buğda | nəzarət | 0.021±0.003 |
| | stres | 0.032 ±0.004* |

Bitkinin quraqlığa davamlılığının formalaşmasında mühüm əhəmiyyətə malik olan **katalaza fermenti (KAT)** stres zamanı sintezi güclənən hidrogen peroksidi su və oksigenə parçalamaqla onun zərərli təsirini neytrallaşdırın əsas antioksidant fermentlərdəndir. Bizim təcrübələrdə quraqlıq zamanı KAT-ın fəallığı bütün genotiplərdə artmışdır. Belə ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində quraqlıq zamanı katalaza fermentinin fəallığı suvarılan variantlarla müqayisədə 1,2 və 1,3 dəfə artmış, Aran və Qızıl buğdada isə statistik əhəmiyyətli artım

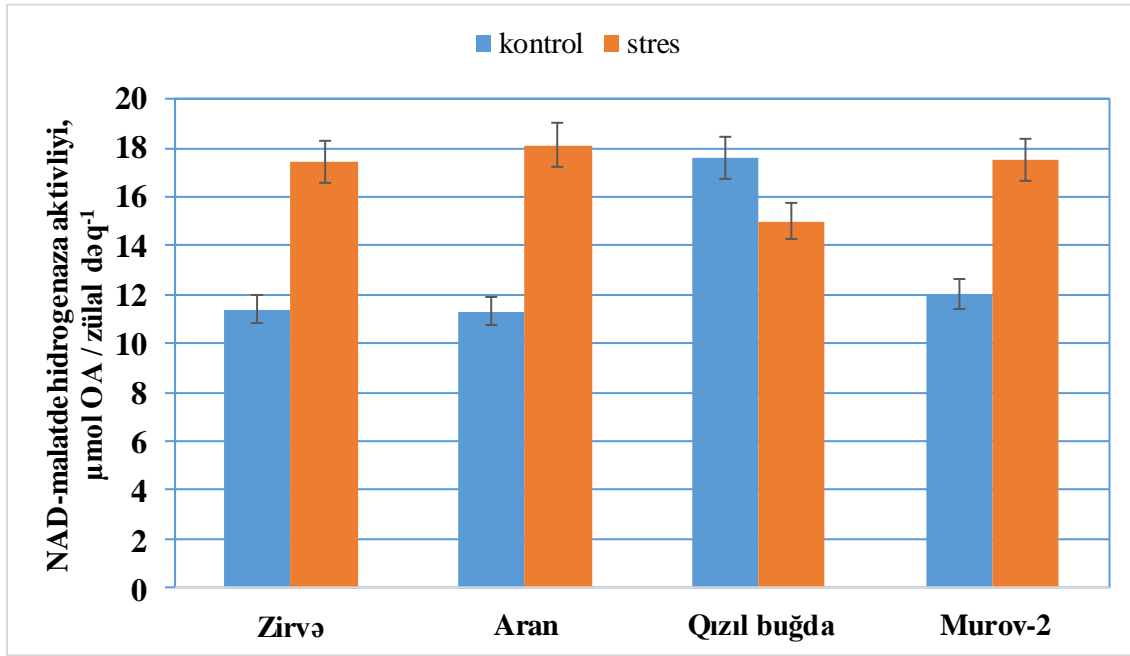
müşahidə olunmamışdır.

Quraqlığa məruz qalmış yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında katalazanın fəallığı

| Genotiplər | Variantlar | KAT $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2/(\text{mq zülal dəq})$ |
|-------------|------------|--|
| Zirvə-85 | nəzarət | 14.04±1.35 |
| | stres | 17.21 ±1.55* |
| Aran | nəzarət | 13.77±1.24 |
| | stres | 14.95 ±1.35 ^{ns} |
| Murov-2 | nəzarət | 9.41±0.85 |
| | stres | 12.48± 1.12* |
| Qızıl buğda | nəzarət | 8.79±0.79 |
| | stres | 9.31 ±0.84 ^{ns} |

Beləliklə, süni iqlim kamerasında cücerti səviyyəsində aparılan təcrübələrdən alınan nəticələr əsasında müəyyən olunmuşdur ki, tədqiq olunan yumşaq buğda genotiplərindən Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin yarpaqlarında Aran və Qızıl buğda genotipləri ilə müqayisədə quraqlıq zamanı MDA-nın miqdarında nisbətən azalma, antioksidant fermentlərin fəallığında isə daha yüksək artım müşahidə olunur. İlkin olaraq laboratoriya şəraitində əldə olunan nəticələr əsasında belə qənaətə gəlmək olar ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotipləri quraqlığın təsiri nəticəsində yaranan oksidləşdirici stressə qarşı daha güclü müdafiə qabiliyyətinə malikdir.

Əsas azot metabolizmi fermentlərindən olan **NAD-malatdehidrogenazının (NAD-MDH)** fəallığı həm normal suvarılan, həm də 5 günlük quraqlıq stressinə məruz qalmış buğda yarpaqlarında müqayisəli şəkildə analiz edilmişdir. Bu ferment fotosintetik assimilyatların müxtəlif orqanlar arasında paylanması, fotosintez və tənəffüs prosesləri arasındakı tarazlığın yaranmasında mühüm rol oynayır. Zirvə-85 sortunun yarpaqlarında normal suvarılan variantda fermentin fəallığı $11,4 \pm 1,2 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$, stressə məruz qalmış variantda isə $17,38 \pm 2,0 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$ təşkil etmişdir. Başqa sözlə, stres zamanı fermentin fəallığında 1,5 dəfə yüksəlmə müşahidə edilmişdir. Aran və Murov-2 sortlarında da NAD-MDH fermentinin fəallığı təxminən Zirvə-85 sortu üçün müşahidə olunan qiymətlərə yaxın olmuşdur. Digər sortlardan fərqli olaraq Qızıl buğda sortunda stres zamanı fermentin fəallığında azalma müşahidə olunmuşdur. Belə ki, suvarılan nümunələrin yarpaqlarında NAD-MDH fermentin fəallığı $17,6 \pm 1,8 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$, stressə məruz qalmış nümunələrdə isə $15,0 \pm 1,45 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$ təşkil etmişdir. NAD-MDH fermentin ən yüksək aktivliyi Aran sortunun stressə məruz qalmış yarpaqlarında ($18,08 \pm 2,0 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$) müşahidə edilmişdir.

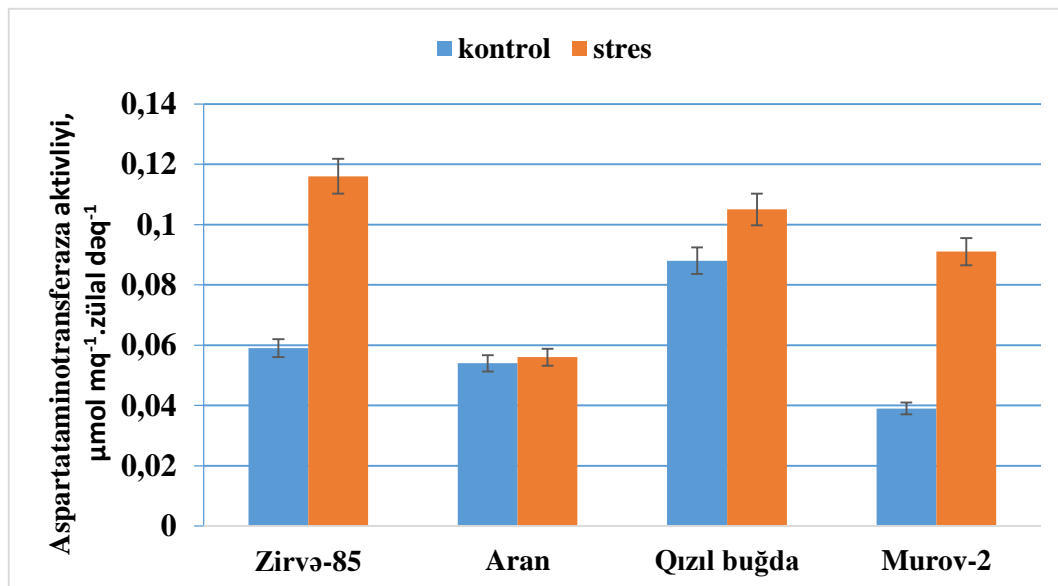


Süni iqlim şəraitində becərilmiş yumşaq buğda sortlarının yarpaqlarında NAD-malatdehidrogenaza fəallığının dəyişməsi

Malat nitratın reduksiyası reaksiyasının NADH ilə təmin edilməsi, yağ turşularının biosintezinin karbon zənciri ilə təmin edilməsi, fototənəffüsə yardım, osmotik təzyiğin tənzimlənməsi vasitəsilə ağızıqların hərəkəti, hüceyrə pH-na nəzarət, redoks hemostaz və hüceyrə kompartimentləri arasında reduksiya olunmuş ekvivalentlərin nəqli və mübadiləsi kimi bir çox fizioloji proseslərdə iştirak edir. Malatın sintezi FEPK və MDH-ın ardıcıl fəaliyyətinin nəticəsidir. Malat canlı orqanizmlərdə elektronların əsas ötürücüləri olan piridin nukleotidlərinin oksidləşmə-reduksiyası reaksiyalarında iştirak edir. O MDH fermentinin aktivliyinin inhibitoru olmaqla bir çox zülalların biosintezinə təsir edən faktorlardan biri hesab olunur. Bundan başqa malat kaliyuma əks ion olmaqla onunla birlikdə bitki hüceyrəsinin tonoplastının keçiriciliyinə təsir edən vakuolların osmotik potensialını yaradır.

Aspartataminotransferaza (AspAT/ASAT/AAT) fermenti (digər adı qlütamat-oksalsasetattransaminaza (GDH)) α -amin qruplarının aspartat və qlütamat arasında daşınmasını təmin edir. Aspartat (Asp) və α -ketoglutaratın oksalsasetat və L-qlütamata (Glu) çevrilməsi dönər reaksiyasını kataliz edir. Aspartat karbohidrat mübadiləsi ilə aminturşu mübadiləsi arasında əlaqəni təmin edən həm katabolizmi, həm də anabolizmində, purin əsaslarının biosintezində, qlikolitik və oksidləşdirici fosforlaşmada mühüm rol oynayır. Aspartat bir çox metabolitlərin o cümlədən əvəz olunmaz amin turşularının Arg, Glu, Asn, aromatik amin turşuların (Tyr və Phe), zülal metabolizminin və Krebs tsiklinin aralıq metabolitidir. Aspartat aralıq metabolit kimi bitkinin böyümə və inkişafında, stressə davamlılıq mexanizminin formalaşmasında iştirak edir. Aspartat quraqlıq stresinə xüsusi həssas metabolitlərdən biridir. Aspartatın miqdarının, axınının və bitkinin toxumalarında nəqlinin tənzimlənməsi dəyişən əlverişsiz mühit şəraitinə uyğunlaşmada mühüm rola malikdir. Bu

məqsədlə tədqiq olunan buğda sortlarının flaq yarpaqlarında aspartatamintransferaza fermentinin fəallığı tədqiq olunmuşdur.

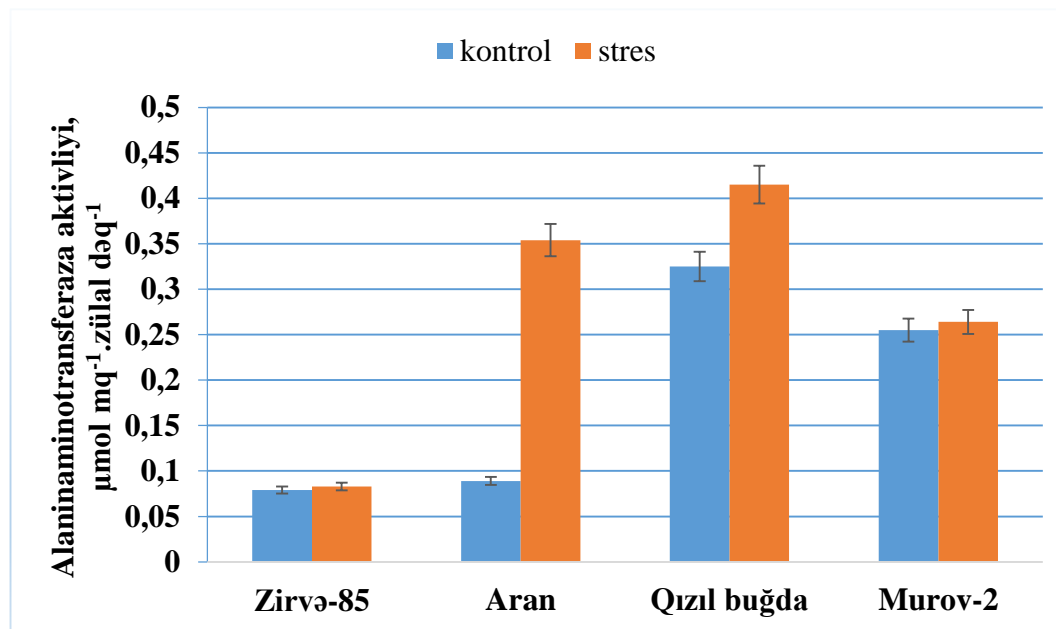


Süni iqlim şəraitində becərilmiş yumşaq buğda sortlarının yarpaqlarında aspartataminotransferaza fermentinin fəallığının dəyişməsi

ASAT fermenti bütün sortların stresə məruz qalmış variantlarında normal suvarılan variantlarla müqayisədə daha yüksək olmuşdur. ASAT fermentinin fəallığı Zirvə-85 sortunun suvarılan bitkilərdən götürülmüş yarpaq nümunələrində $0,059 \pm 0,007 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$, quraqlıq stresinə məruz qalmış nümunələrdə isə $0,116 \pm 0,02 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$ tərtibində olmaqla, müqayisədə 2 dəfə yüksəlmişdir. Tədqiq edilmiş buğda sortları arasında ən yüksək göstərici Zirvə-85-in quraqlıq variantına aiddir. Aran sortunda isə suvarılan ($0,054 \pm 0,008 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$) və stresə məruz qalmış nümunələrdə ($0,056 \pm 0,007 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$) fermentin fəallığı nisbətən yaxın olsa da, quraqlıq variantda qismən yüksəkdir. Qızıl buğda sortunun suvarılan variantlarında fermentin fəallığı $0,088 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$, stres variantlarda isə $0,105 \pm 0,001 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$ müşahidə edilmişdir. Bu sortda ASAT fermentinin fəallığı 1,2 dəfə quraqlıq variantlarda daha yüksək olmuşdur. ASAT aktivliyi Murov-2 sortunun quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarında ($0,091 \pm 0,001 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$) suvarılan varianta nisbətən ($0,039 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$) 2,3 dəfə yüksək olmuşdur. Təcrübə və stres variantı arasında ən böyük fərq Murov-2 sortunda müşahidə edilmişdir.

Alaninaminotransferaza (ALT/ALAT) L-alanin (Ala) və 2-oksiqlütaratın piruvat və L-qlutamata (Glu) çevrilməsini kataliz edir. Bəzi bitkilərdə osmoprotektiv birləşmə β-alanin betainə, digərlərində isə antioksidant homoqlütationa çevrilir. Tədqiq olunan buğda sortlarında alaninaminotransferazanın fəallığı quraqlıq stresinə məruz qalmış nümunələrdə yüksək olmuşdur. Zirvə-85 sortunda alaninaminotransferazanın fəallığı suvarılan nümunələrin yarpaqlarında $0,079 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$, quraqlıq sortuna məruz qalmış bitkilərin yarpaqlarında $0,083 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}.\text{zülal dəq}^{-1}$ olmuşdur. Aran sortunda

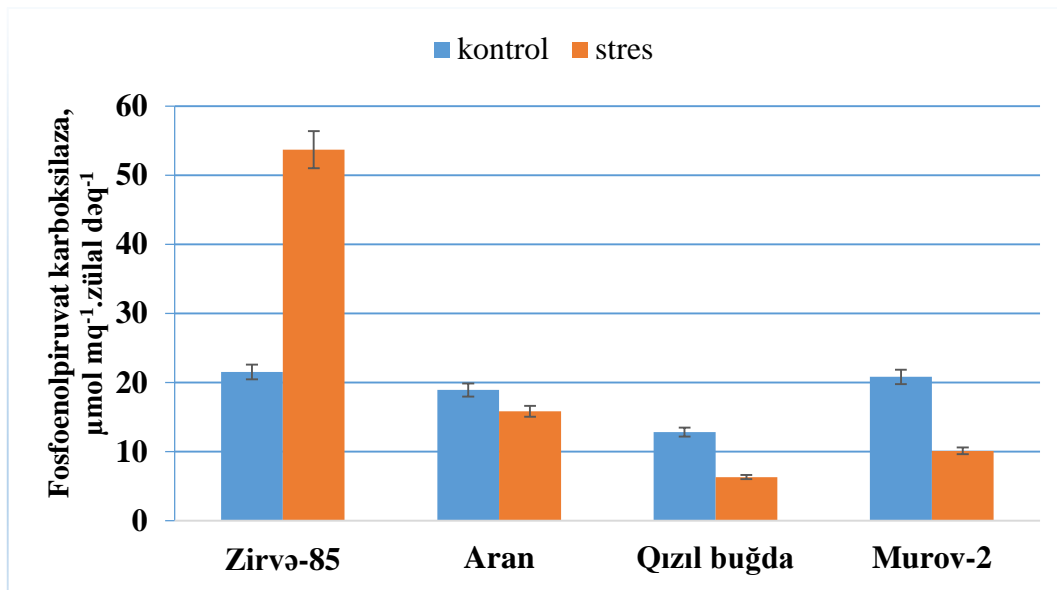
ALAT fəallığı suvarılan variantda $0,089 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$, stres variantında $0,354 \pm 0,04 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$ müşahidə edilmişdir ki, bu da suvarılan variantla müqayisədə 3,9 dəfə yüksəkdir. Alaninaminotransferaza fermentinin ən yüksək fəallığı Qızıl buğda sortunda, ən aşağı fəallıq isə Zirvə-85 sotrununda müşahidə edilmişdir. Murov-2 sortunda fermentin fəallığı hər iki variantda bir-birinə yaxın olmuşdur. Hesab olunur ki, sərbəst amin turşuları formasında alaninin bitki orqanizmlərində toplanması yarpaqların su təchizatının azalması ilə bağlıdır. Su stresi zamanı bitkilərdə alaninin toplanması, alaninin metabolizmində iştirak edən fermentlər və su stresinə tolerantlıq arasında müsbət korrelyasiya mövcuddur.



Süni iqlim şəraitində becərilmiş yumşaq buğda sortlarının yarpaqlarında alaninaminotransferaza fermentinin fəallığının dəyişməsi

Fosfoenolpiruvatkarboksilaza (FEPK) bitkilərdə karbonun fotosintetik fiksasiyasında mühüm rol oynamaqla yanaşı qeyri-fotosintetik toxumalarda anapüleretik funksiyanı yerinə yetirərək Krebs tsiklini dörd karbonlu üzvi turşularla təmin edərək azotun assimilyasiyası və amin turşularının biosintezi üçün lazım olan karbon skeleti ilə onların təmin olmasında mühüm rol oynayır. Fosfoenolpiruvatkarboksilaza qeyri-fotosintetik izoformaları ağızcıqların funksiyasının tənzimlənməsində, sitoplazmatik pH-ın sabit saxlanılmasında iştirak edirlər. O, CO₂ qazının bikarbonat (HCO₃⁻) formasını substrat kimi istifadə edərək FEP-ın dönməyən β karboksilləşməsini həyata keçirərək oksalasetatın və qeyri-üzvi fosfatın əmələ gəlməsi reaksiyasını kataliz edir. Fosfoenolpiruvat karboksilaza fəallığına bir çox daxili və xarici faktorlar da təsir edir ki, onlara misal olaraq ətraf mühitin temperaturunu, mühitin pH və eləcə də, metabolik effektorları göstərmək olar.

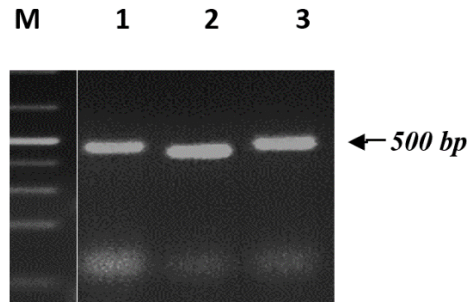
FEPK fermentinin fəallığı Zirvə-85 sortunun suvarılan variantında $21,5 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$, quraqlıq variantında isə $53,7 \pm 6,2 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$ qeydə alınmışdır. Zirvə-85 sotrununda quraqlıq variantda ALAT fermentinin fəallığı 2,5 dəfə yüksəlmişdir. Murov-2 sortunda suvarılan variantda $20,8 \pm 2,2 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$ olmuş, quraqlıq variantında isə $10,1 \pm 1,2 \mu\text{mol mq}^{-1} \cdot \text{zülal dəq}^{-1}$ səviyyəsinə qədər azalmışdır. Murov-2 və Qızıl buğda sortunda quraqlıq variantlarında fermentin fəallığı 2 dəfə azalmışdır.



Süni iqlim şəraitində becərilmiş yumşaq buğda sortlarının yarpaqlarında fosfoenolpiruvat karboksilaza fermentinin fəallığının dəyişməsi

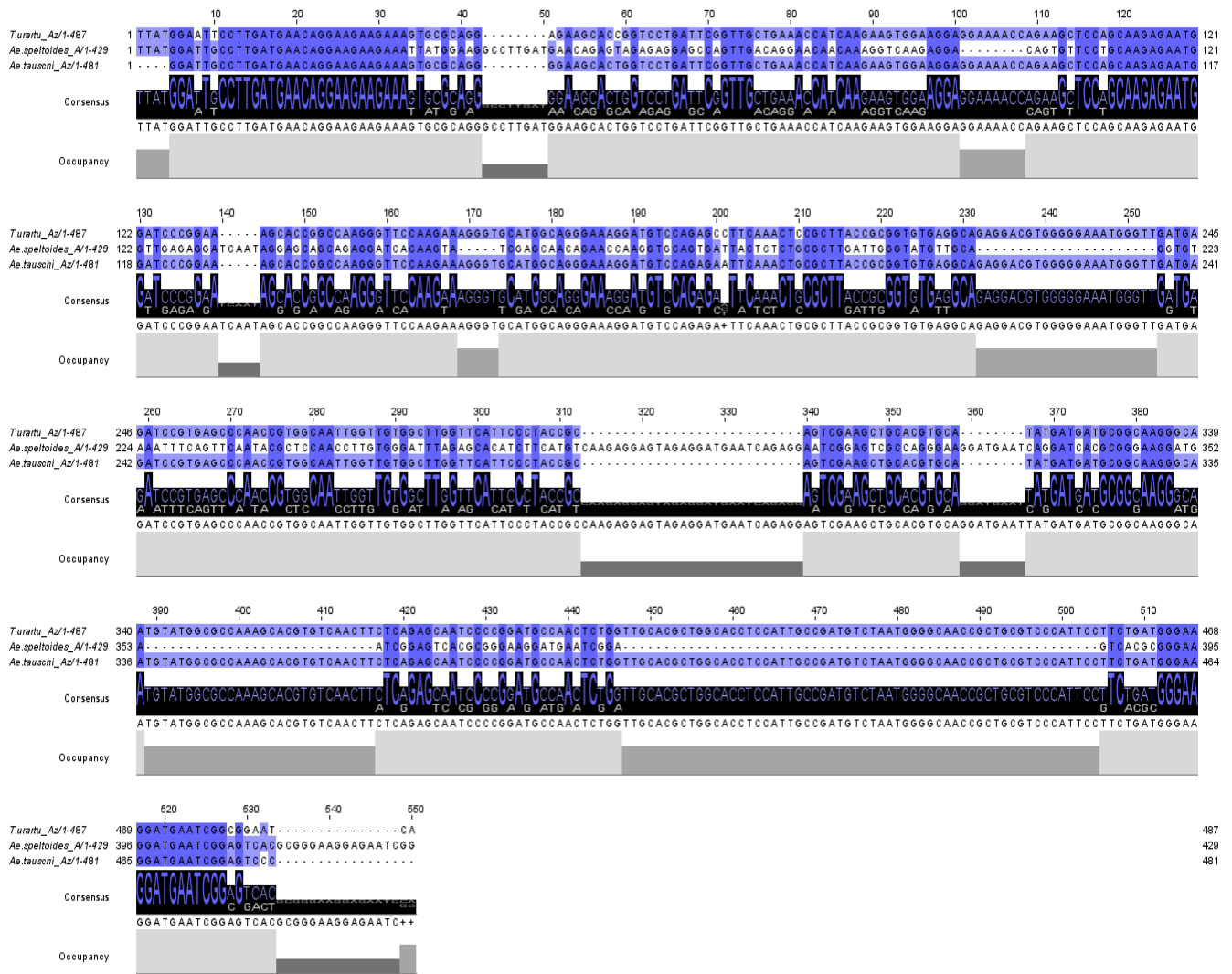
FEPK fermentinin fəallığı tədqiq olunan yumşaq buğda sortları arasında Zirvə-85 sortunun stresə məruz qalmış yarpaqlarında FEPK digər nümunələrlə müqayisədə daha yüksək olmuşdur. Tədqiqatların nəticələri FEPK-nın anapülerotik yolunda fosfoenolpiruvatın artdığını və bununla da fotosimilyatların paylanması şəxərlər/nişastadan üzvi turşular və amino turşular istiqamətində yerini dəyişdiyini göstərmişdir. Alınmış nəticələr göstərir ki, tədqiq olunan fermentlərin fəallığı buğdada quraqlıq stresinə adaptasiya proseslərində karbonun və enerjinin paylanmasında mühüm rola malikdir.

DREB transkripsiya faktoru geninin allel variantlarının identifikasiyası və onların molekulyar xarakteristikası. DREB geninin bir hissəsi konservativ region üçün dizayn edilmiş gen-spesifik praymerlərlə amplifikasiya edilmişdir. Aşağıdakı şəkildə *Triticum urartu*, *Aegilops speltoides*, and *Aegilops tauschii* növlərindən DREB DNT-sinin PZR məhsullarının elektroforetik profilləri göstərilmişdir. Gözlənilən 500 bp ölçüsündə fraqment tədqiq olunan genotiplərdə müvəffəqiyyətlə sintez olunmuşdur. Hissəvi DREB geninin izolyasiyası üçün preparativ PZR həyata keçirilmişdir. Amplifikasiya məhsulları 1,5%-li aqaroza gelində ayrılmış, xüsusi təmizləmə kiti-reagentlər dəstinin köməyi ilə təmizlənərək sekvensə göndərilmişdir.



T. urartu (1), *Ae. speltoides* (2), and *Ae. tauschii* (3) növlərində DREB DNT-sinin PZR məhsullarının gel-elektroforezi. Ox işarəsi 500 bp fraqmenti, M- 100 bp DNT ladderi göstərir.

Fast fourier transform server MAFFT v7.271 insifadə etməklə hər üç növdən olan DREB allellərinin nukleotid ardıcılığı müqayisəli analiz edilmişdir. *Ae. tauschii* və *T. urartu* arasında cüt düzlənmənin hesablanması göstərmişdir ki, bunlar arasında 46240.0 hesabı ilə identiklik 97.52%, *Ae. speltoides* və *T. urartu* arasında 14660.0 hesabı ilə identiklik 54,73% və nəhayət *Ae. speltoides* və *Ae. tauschii* arasında 14980.0 hesabı ilə identiklik 55.55% təşkil etmişdir. Şəkildən görüldüyü kimi, *Ae. speltoides* çox sayda SNPs, insersiya və delesiyalar müşahidə olunur. 43-50-ci pozisiyada müşahidə olunan 8 nukleotid uzunluğunda insersiya 101-108-ci pozisiyada eyni uzunluqda delesiya ilə əvəz olunur. Bundan sonra müxtəlif ölçülü insersiya və delesiyalar bir-birini əvəz edir. Bu bitkidə rast gəlinən SNP-lərin 45%-i tranzisiyalardır. *T. urartu* və *Ae. tauschii* arasında da 11 SNP müəyyən edilmişdir. Bunlardan üçü (51, 59 və 506-cı pozisiyalarda) tranzisiya, yerdə qalanları isə (8, 195, 196, 205, 501, 503, 504, və 505-ci pozisiyalarda) transversiyalar təşkil edir. Baş verən mutasiyaların sinonimik, yaxud qeyri-sinonimik olmasını yoxlamaq məqsədilə nukleotid ardıcılığı aminturşu ardıcılığına translyasiya edilmişdir.

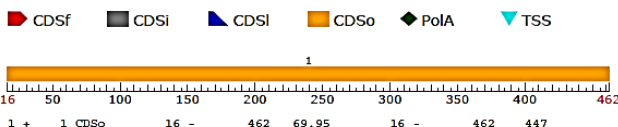


T. urartu, *Ae. speldoides* və *Ae. tauschi* -dən izolyasiya edilmiş hissəvi DREB geninin MAFFT analizi. Nukleotidlərin konservativliyi göy rəngin müxtəlif çalarları ilə göstərilmişdir.

T. urartu -nun 487 bp DNT ardıcılığında FGENESH proqramı 1 ekzondan ibarət və təxminən 148 amin turşu ardıcılığında 1 geni proqnozlaşdırır. Bu ekzon 16-462-ci pozisiyalarda yerləşir. *Ae. tauschi*-nin 481 bp uzunluğunda ardıcılığında FGENESH proqramı 148 amin turşu uzunluğunda bir polipeptidi kodlaşdıran 1 ekzonu proqnozlaşdırır. Bu ekzonun 12-458-ci pozisiyalarda olub 447 bp uzunluğunda olması güman edilir.

Triticum urartu

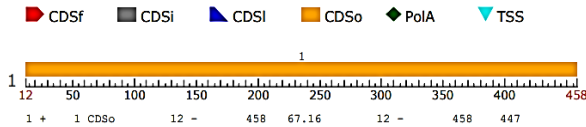
FGENESH 2.6 Prediction of potential genes in Triticum genomic DNA
Seq name: test sequence
Length of sequence: 487
Number of predicted genes 1: in +chain 1, in -chain 0.
Number of predicted exons 1: in +chain 1, in -chain 0.
Positions of predicted genes and exons: Variant 1 from 1, Score:53.528088



Predicted protein(s):
>FGENESH: [mRNA] 1 1 exon (s) 16 - 462 447 bp, chain +
ATGAACAGGAAGAAGAAAGTGGCGCAGGAGAAGCACCAGTCCCTGATTCGGTTGCTGAAACC
ATCAAGAAGTGAAGAGGAGGAAAACAGAAAGCTCCAGCAAGAGAATGGATCCCGGAAAGCA
CCGCCAAGGGTTCCAAGAAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGATGTCAGAGCCTTCAAAC
TCCGCTTACCGCGGTGTAGGCGAGAGCAGTGGGGAAATGGGTTGATGAGATCCGTGAG
CCCAACCGTGGCAATGGTGTGGCTTGCATTCCTACCAGCAGTCAAGCTGCAAGTCCAGT
GCATATGATGATGGCGCAAGGCAATGTATGGCGCAAAGCACGCTGCAACTTCTCAGAG
CAATCCCGGATGCCAATCTGGTTGCAGCTGGCACCTCCATTGGCGATGCTTAATGGG
GCAACCGCTGCGTCCCAATCTCTCTGA
>FGENESH: 1 1 exon (s) 16 - 462 148 aa, chain +
MNRKKVRRRSTGPDVSAETIKKWKKEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGCPEPSN
SAYRQVQRITWGWVDEIREPNRGNLWLGSPPTAVEAARAYDDAARAMYGAKARVNFSE
QSPDANSCTLAPPLPMSNGATAASHSF

Aegilops tauschi

FGENESH 2.6 Prediction of potential genes in Triticum genomic DNA
Seq name: test sequence
Length of sequence: 481
Number of predicted genes 1: in +chain 1, in -chain 0.
Number of predicted exons 1: in +chain 1, in -chain 0.
Positions of predicted genes and exons: Variant 1 from 1, Score:50.756277



Predicted protein(s):
>FGENESH: [mRNA] 1 1 exon (s) 12 - 458 447 bp, chain +
ATGAACAGGAAGAAGAAAGTGGCGCAGGGAAGCACTGGTCTGATTCGGTTGCTGAAACC
ATCAAGAAGTGAAGAGGAGGAAAACAGAAAGCTCCAGCAAGAGAATGGATCCCGGAAAGCA
CCGCCAAGGGTTCCAAGAAAGGGTGCATGGCAGGAAAGGATGTCAGAGAATTCAAAC
TGGCTTACCGCGGTGTAGGCGAGAGCAGTGGGGAAATGGGTTGATGAGATCCGTGAG
CCCAACCGTGGCAATGGTGTGGCTTGCATTCCTACCAGCAGTCAAGCTGCAAGTCCAGT
GCATATGATGATGGCGCAAGGCAATGTATGGCGCAAAGCACGCTGCAACTTCTCAGAG
CAATCCCGGATGCCAATCTGGTTGCAGCTGGCACCTCCATTGGCGATGCTTAATGGG
GCAACCGCTGCGTCCCAATCTCTCTGA
>FGENESH: 1 1 exon (s) 12 - 458 148 aa, chain +
MNRKKVRRRSTGPDVSAETIKKWKKEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGCPEPSN
CAYRQVQRITWGWVDEIREPNRGNLWLGSPPTAVEAARAYDDAARAMYGAKARVNFSE
QSPDANSCTLAPPLPMSNGATAASHSF

FGENESH proqramı tərəfindən proqnozlaşdırılan ekzonların pozisiyaları və in silico analizi. CDSf – birinci ekzon, CDSi – internal ekzon, CDSf – sonuncu kodlaşdırıcı seqment, CDSo – tək ekzon, PoA - polyA seqmenti, TSS – transkripsiyanın start sahəsi

Paralel olaraq, onlayn translyasiya alətlərindən (web.expasy.org/translate/) istifadə etməklə, nukleotid ardıcılıqları mümkün olan 6 oxunma çərçivələrinə translyasiya edilmişdir. Bu proqramlarla *Ae.speltoides*-də proqnozlaşdırılan aminturşu ardıcılıqları üçün NCBI-da əhəmiyyətli uyğunluq tapılmamışdır. *T.urartu*-ya uyğun aminturşu ardıcılığının NCBI-da BLASTp axtarışı nəticəsində seçilən ilk onluqda *query coverage* 94-98% olmaqla identiklik 86-97%, *Ae.tauschi* üçün isə *query coverage* 94-97% olmaqla identiklik 96-97% olmuşdur.

Aminturşu qalıqlarının əvəzlənmələrinə səbəb olan SNP-lər. *T.urartu* və *Ae.tauschi*-dən ayrılmış DREB genlərin kodlaşdırdığı aminturşu ardıcılıqların INTERPROSCAN və SMART proqramlarının köməyi ilə müqayisəli analizi AP2 domeni təyin etməyə imkan vermişdir. Konservativ sahələrin identifikasiyası üçün əldə olunmuş DREB geninin aminturşu ardıcılıqları ilə *Poaceae* fəsiləsnə mənsub olan və NCBI GenBank-ında mövcud olan 23 növdə AP2-ə malik və DRE-birləşdirən zülalları MAFFT v7.271 proqramının köməyi ilə müqayisəli analiz edilmişdir. Növbəti şəkildə də alignment nəticələri verilmişdir. Şəkildən görüldüyü kimi *T. urartu*-da 77-ci pozisiyada asparagin (N) prolinlə (P), 80-ci pozisiyada isə sistein (C) serinlə (S) əvəz olunub. *Ae. tauschi*-də isə 29-cu pozisiyada arginin (R) glisinlə (G) əvəz olunub. Eyni zamanda alignment olunmuş digər bitkilərdən fəqli olaraq hər iki bitkidə müşahidə olunan amin turşu əvəzlənmələri də diqqəti cəlb edir. Bunlar 74-cü pozisiyada glisinin (G) sisteinlə (C), 95-ci pozisiyada alaninin (A) aspartic acid-lə (D) və 105-ci pozisiyada arginin (R) triptofanla (W) əvəz olunmalarıdır.

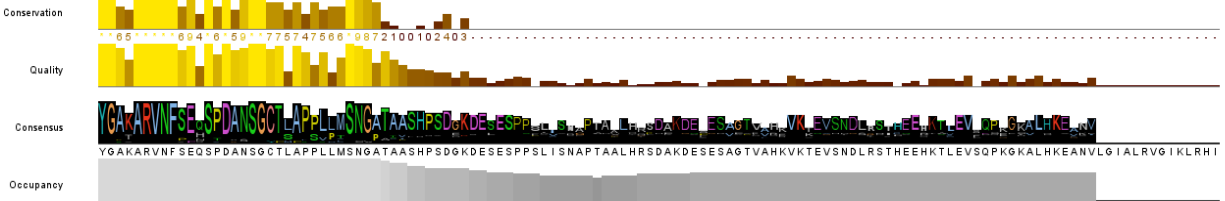
NCBI GenBank-ında mövcud olan və Poaceae fəsiləsinə mənsub olan 23 növdə AP2-ə malik və DRE-birləşdirən zülallar

| Taksonomiyası | Kodlaşdırdığı zülal | NCBI nömrəsi |
|---------------------------------------|--|------------------------------|
| <i>Triticum aestivum</i> | AP2-containing protein | AAL01124 |
| <i>Triticum urartu</i> | Dehydration-responsive element-binding protein 2A | EMS47871 |
| <i>Aegilops speltoides</i> | Dehydration-responsive element-binding protein, partial | AGL08025 |
| <i>Aegilops tauschii</i> | Dehydration-responsive element-binding protein, partial | AGL08026 |
| <i>Aegilops biuncialis</i> | DREB2 protein | CBX87024 |
| <i>Aegilops peregrina</i> | Dehydration-responsive element-binding protein, partial | AGL08027 |
| <i>Aegilops cylindrica</i> | DREB2, partial | ANV28412 |
| <i>Triticum dicoccoides</i> | Dehydration-responsive element-binding protein 2A-like | XP_037404368 |
| <i>Thinopyrum elongatum</i> | AP2/EREBP transcription factor | AEI98920 |
| <i>Agropyron mongolicum</i> | Dehydration-responsive element binding protein 3 | AWD06787 |
| <i>Leymus qinghaicus</i> | DRE-binding protein 2 | AFO12477 |
| <i>Lolium arundinaceum</i> | Dehydration-responsive element binding protein 2 | AQM73725 |
| <i>Brachypodium distachyon</i> | Dehydration-responsive element-binding protein 2A isoform X4 | XP_024314715 |
| <i>Poa pratensis</i> | Putative DRE-binding protein DREB2 | AAS59530 |
| <i>Pseudoroegneria spicata</i> | Dreb-like protein, partial | AIY22668 |
| <i>Dasypyrum villosum</i> | Dreb-like protein, partial | AIY22669 |
| <i>Avena sativa</i> | Putative DRE-binding protein DREB2, partial | ABS11171 |
| <i>Hordeum vulgare subsp. vulgare</i> | AP2/EREBP-like protein | AEI54696 |
| <i>Phyllostachys edulis</i> | DRE-binding protein DREB2 | ABY19375 |
| <i>Agrostis stolonifera</i> | Dehydration-responsive element-binding protein 2A, partial | AMQ26201 |
| <i>Panicum virgatum</i> | Dehydration-responsive element-binding protein 2A-like | XP_039814231 |
| <i>Bromus japonicus</i> | Dehydration responsive element binding protein, partial | AKA09671 |
| <i>Oryza sativa</i> | DREB2A | QKE42669 |

AAL01124.1/1-278 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 EMS47871.1/1-1367 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 AGL08025.1/1-144 1RRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 102
 AGL08026.1/1-153 1KKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 106
 CBX87024.1/1-278 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 AGL08027.1/1-150 1KKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 106
 ANV28412.1/1-130 1RRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 97
 XP_037404368.1/1-278 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 AEI89920.1/1-278 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 AWD06787.1/1-270 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 AFO12477.1/1-264 1MSRKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 109
 AQM73725.1/1-253 1MSRKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 109
 XP_024314715.1/1-279 1 MERDEEKR...AGDCS...VQERKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 124
 AY22668.1/1-261 1KKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 106
 ABS11171.1/1-272 1KR...GGDCS...VQERKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 117
 AEI84696.1/1-278 1 METGGSKR...EDDCR...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 123
 ABY19375.1/1-277 1 MERDDKR...GCS...QEKKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 122
 AMQ26201.1/1-217 1GPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 97
 XP_039814231.1/1-257 1 MDLGHGGGGEDSSGGVKKRARRKSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 126
 AKA09671.1/1-141 1MNRKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 109
 QKE42689.1/1-274 1 MERDEEKR...GDCS...VQERKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 122
 T.Urutu_Az1-148 1MNRKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 109
 Ae.tauschi_Az1-149 1MNRKKVRRRSTGPDVAETIKKWEENKQLQENGSRKAPAKGSKKGMAGKGGPENSNCAYRGRVORTWGWVAEIREPNRGNRLWLGSFPTAV...EAAAYDDAARAM 110

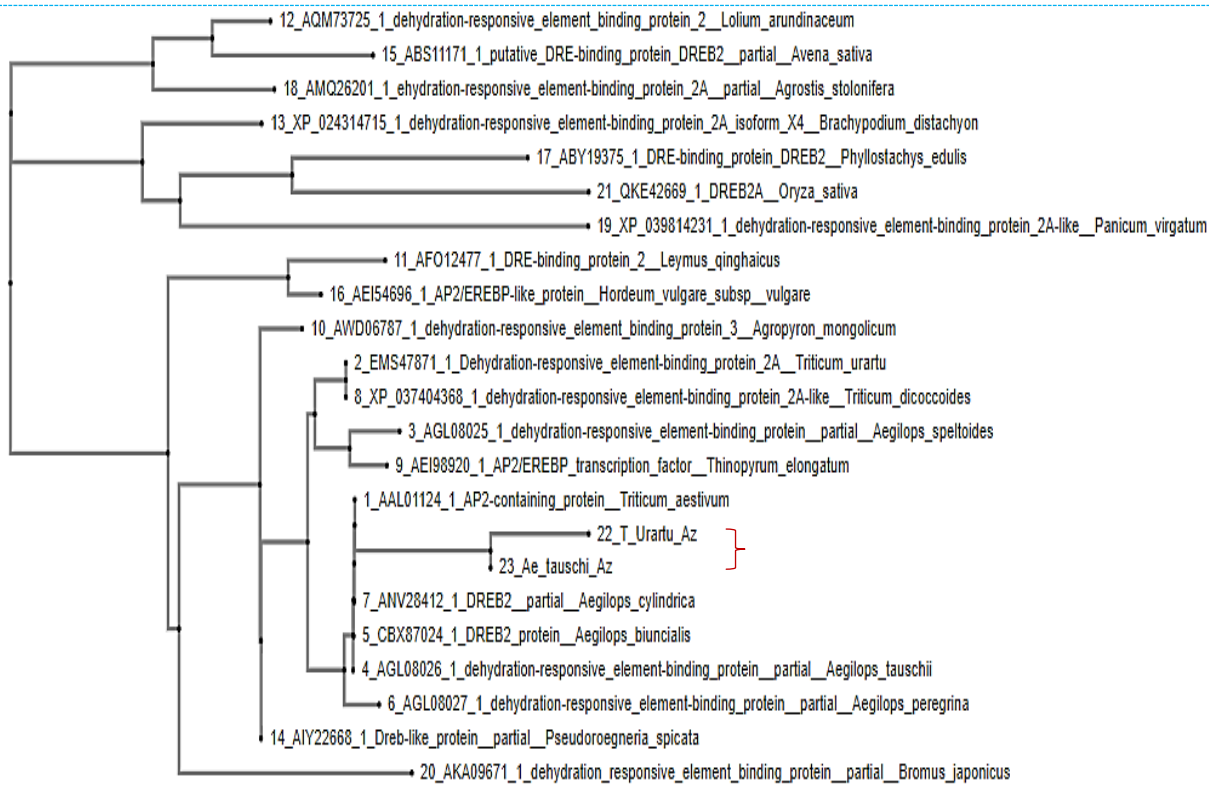


AAL01124.1/1-278 124 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 EMS47871.1/1-1367 124 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 250
 AGL08025.1/1-144 103 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 144
 AGL08026.1/1-153 107 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 153
 CBX87024.1/1-278 124 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 AGL08027.1/1-150 107 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 150
 ANV28412.1/1-130 98 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 130
 XP_037404368.1/1-278 124 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 AEI89920.1/1-278 124 YGAKARVNFSEQSPDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 AWD06787.1/1-270 110 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 228
 AFO12477.1/1-264 110 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 228
 AQM73725.1/1-253 110 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 228
 XP_024314715.1/1-279 125 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 237
 AY22668.1/1-261 107 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 219
 ABS11171.1/1-272 118 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 AEI84696.1/1-278 124 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 236
 ABY19375.1/1-277 123 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 235
 AMQ26201.1/1-217 98 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 210
 XP_039814231.1/1-257 127 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 215
 AKA09671.1/1-141 110 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 141
 QKE42689.1/1-274 123 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 232
 T.Urutu_Az1-148 110 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 146
 Ae.tauschi_Az1-149 111 YGAKARVNFSEHSDANSGLTAPLLMSNGATAASHPSDGDDESEPPSLISNAPTAALHRSDAKDESEAGTVAHKVKTEVSNLDRSTHEEHTLEVSQPKKALHKEANV... 147



Azərbaycan mənşəli *T. urartu* və *Ae. tauschi* -nin DREB geninin kodlaşdırdığı zülalın amirtorşu ardıcılığı ilə NCBI GenBank-ında mövcud olan və Poaceae fəsiləsinə mənsub olan 21 növün DRE-birləşdirən zülalların multialignment nəticələri

Eyni zamanda alignment nəticələri əsasında filogenetik ağac qurulmuşdur.



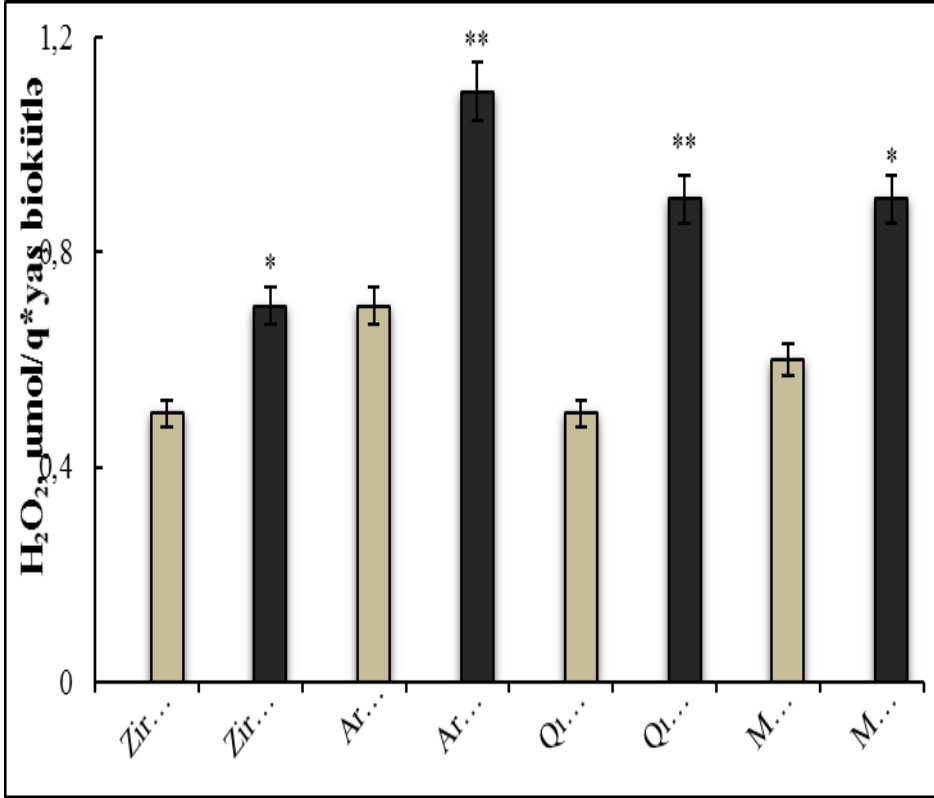
Azərbaycan mənşəli *T. urartu* və *Ae. tauschii* ilə (qırmızı mötərizə ilə işarə edilib) NCBI GenBank-da yerləşdirilmiş olan *Poacea* fəsiləsinə aid 21 nümayəndə arasında yaxınlıq əlaqələrini əks etdirən filogenetik ağac

T. aestivum (Assembly IWGSC) genomunda amin turşu əvəzlənmələrinə səbəb olan SNP-lərin yerini müəyyən etmək üçün, EnsemblGenomes Verilənlər Bazasında BLASTp həyata keçirilmişdir. Əldə olunan nəticələr aşağıdakı cədvəldə öz əksini tapmışdır.

T. urartu və *Ae. tauschii* -də deteksiya olunmuş qeyri-sinonimik əvəzlənmələr və onların *T. aestivum* (IWGSC) genomunda lokalizasiyası

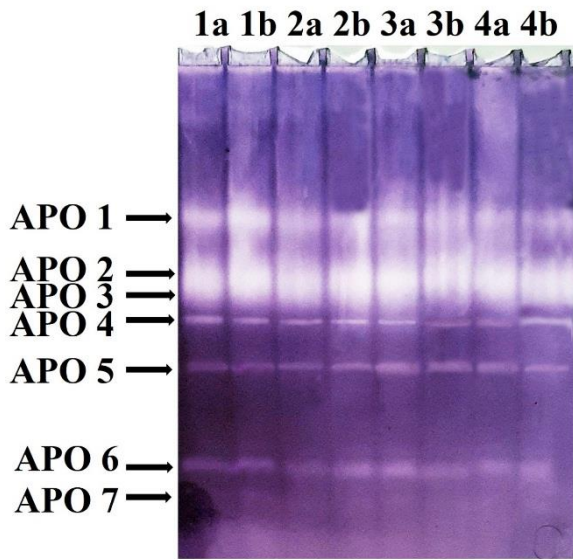
| | SNPs-də əvəzlənmələrin tipi | Genom lokalizasiyası | Gen | Amin turşu dəyişkənliyi |
|--|-----------------------------|----------------------|--------------------|-------------------------|
| <i>T. aestivum</i> / <i>T. urartu</i> | G/T | 3A: 64028923 | TraesCS3A02G099200 | Glycine/Cysteine |
| | A/C | 3A: 64028914 | | Asparagine/Proline |
| | A/C | 3A: 64028913 | | Cysteine/Serine |
| | G/C | 3A: 64028904 | | Alanine/Aspartic acid |
| | C/A | 3A: 64028859 | | Arginine/Tryptophan |
| | C (A)/T | 3A: 64028830 | | Arginine/Glycine |
| <i>T. aestivum</i> / <i>Ae. tauschii</i> | A/G | 3D:51102507 | TraesCS3D02G099500 | Glycine/Cysteine |
| | G/T | 3D:51102372 | | Alanine/Aspartic acid |
| | C/A | 3D:51102308 | | Arginine/Tryptophan |
| | C (A)/T | 3D:51102270 | | |

Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında quraqlıq variantında hidrogen peroksidin miqdarı suvarılan variantla müqayisədə 1,4 dəfə, Aran genotipində 1,6 dəfə, Murov-2 genotipində 1,5 dəfə, Qızıl buğda isə 1,8 dəfə artmışdır. Qızıl buğda və Aran genotiplərinin yarpaqlarında suvarılan variantla müqayisədə statistik əhəmiyyətli dəyişikliyin müşahidə olunması bu genotiplərin daha çox abiotik stressə məruz qalması haqqında fikir yürütməyə imkan verir. Quraqlıq zamanı buğda bitkisinin yarpaqlarında H₂O₂-nin toplanma dinamikasına əsasən bu göstəricidən davamlı sortların skriningi zamanı istifadə etmək olar.



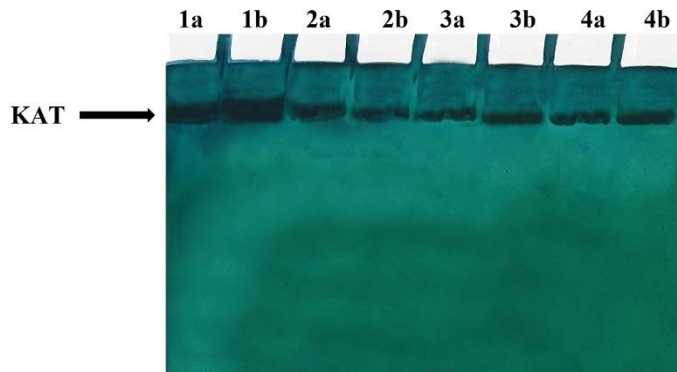
Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında H₂O₂-in miqdarının spektrofotometrik tədqiqi

Bitki hüceyrələri hidrogen peroksidi parçalamaq üçün peroksidazalar, peroksireduksinlər, qlütationtransferazalar kimi bir sıra fermentlərə malikdir, lakin bunların içində peroksisomlarda rast gəlinən katalazanın, membranlarda lokalizə olunan peroksidazanın və xloroplastlarda, sitozolda, mitoxondrilərdə rast gəlinən askorbatperoksidazanın xüsusi əhəmiyyəti var. Quraqlıq stressi zamanı hüceyrələri oksigenin fəal formalarının zərərli təsirindən müdafiə edən əsas fermentlərdən biri askorbatperoksidazadır. O, fototənəffüs zamanı hüceyrədə əmələ gələn və kifayət qədər toksiki olan hidrogen peroksidin parçalanmasını həyata keçirir. Tədqiq olunan buğda genotiplərinin yarpaq hüceyrələrindən alınmış bitki ekstraktlarının nativ PAAG-də elektroforetik analizi zamanı APO-nun yarpaq hüceyrələrində 7 izoformasını müşahidə edilmişdir. Bu izoformalardan 5-i orta, 2-si isə yüngül molekulyar kütləsinə malikdir. Suvarılan variantlarla müqayisədə quraqlıq variantlarında bu izoformaların sayında fərq olmasa da, onların intensivliyinin dəyişməsi müşahidə olunmuşdur.



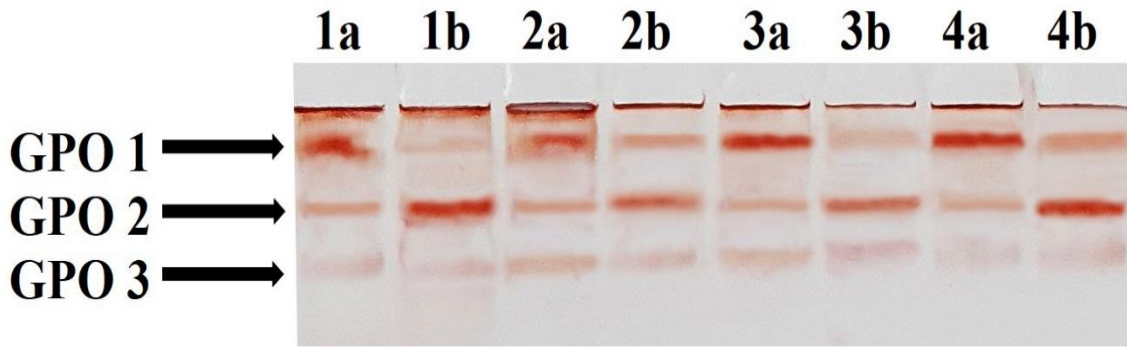
Süni iqlim kameralarında becərilən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında askorbatperoksidaza (APO) fermentinin izoenzim tərkibi. 1 – Zirvə-85, 2 – Aran, 3 – Qızıl buğda, 4 – Murov-2; a – suvarılan variant, b – quraqlıq variant

Elektroforetik analizin nəticələrinə əsasən müəyyən olunmuşdur ki, tədqiq olunan bütün nümunələrdə katalazanın 1 izoformasını mövcuddur. Quraqlıq variantında bu izoformaların intensivliyi artmış, lakin bu artım Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində daha qabarıq nəzərə çarpmışdır.



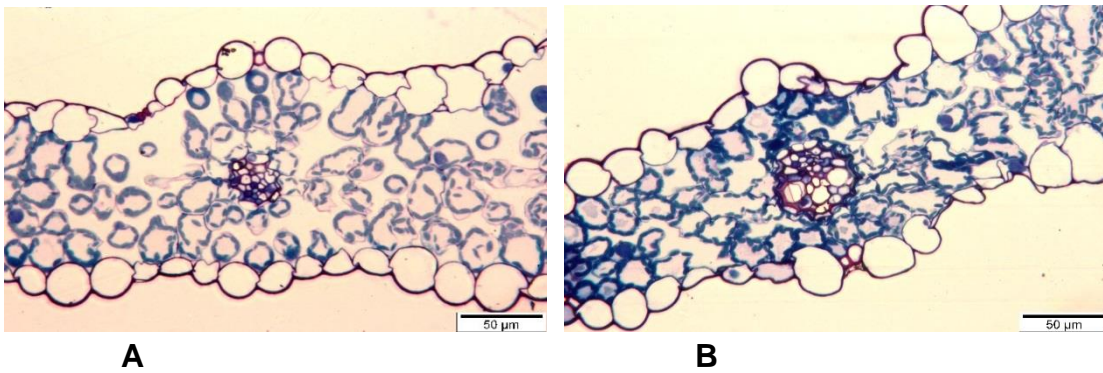
Süni iqlim kameralarında becərilən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında katalaza (KAT) fermentinin izoenzim tərkibi. 1 – Zirvə-85, 2 – Aran, 3 – Qızıl buğda, 4 – Murov-2; a – suvarılan variant, b – quraqlıq variant

Müəyyən olunmuşdur ki, normal şəraitdə bütün genotipdə QPO-nun ağır molekul kütləli 3 (QPO1, QPO2 və QPO3) konstitutiv izoformasını mövcuddur. Elektroforeqramdan görüldüyü kimi, quraqlıq variantda QPO1-in intensivliyi azalmış, QPO2-nin intensivliyi isə güclənmişdir. Bu fərq Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində daha qabarıq nəzərə çarpar. QPO2-nin intensivliyinin artmasına əsasən bu izoformanın bitkinin quraqlığa davamlılığında mühüm rol oynaması güman olunur.



Süni iqlim kameralarında becərilən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında qvayakolproksidaza (QPO) fermentinin izoenzim tərkibi. 1 – Zirvə-85, 2 – Aran, 3 – Qızıl buğda, 4 – Murov-2; a – suvarılan variant, b – quraqlıq variant

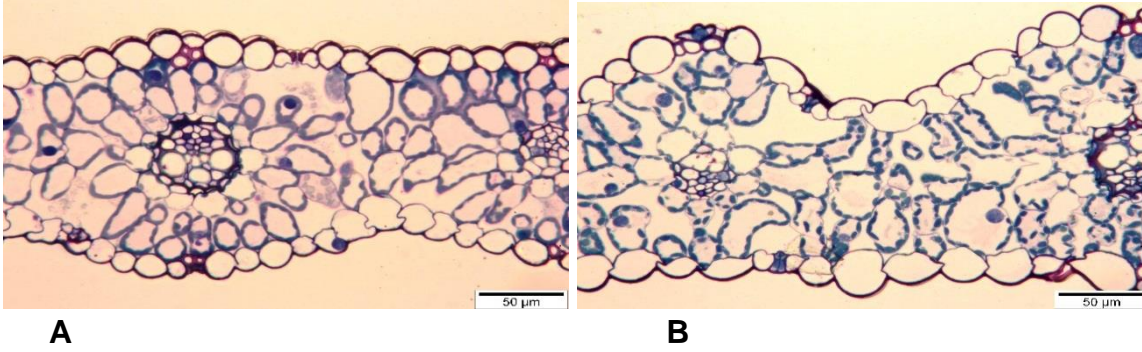
Yarpağın bioloji funksiyası onun quruluşundan, hüceyrə və orqanoidlərin ultrastrukturundan asılıdır. Bu istiqamətdə tədqiqatların aparılması bitkinin ümumi fotosintetik statusunu müəyyənləşdirmək üçün vacibdir. Subhüceyrə səviyyəsində quraqlığın təsiri xloroplastlarda baş verən modifikasiyalarla şərtlənir. Tədqiq olunan buğda yarpaqlarının işıq mikroskopunda analizi zamanı suvarılan Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında epidermis hüceyrələrinin turqor vəziyyəti və xloroplast dənəciklərinin nizamlı düzülüşü müşahidə edilmişdir. Müəyyən edilmişdir ki, Zirvə-85 genotipində quraqlığın təsirindən epidermis hüceyrələri qismən susuzlaşmış, xloroplastların nizamlı düzülüşü isə qismən pərakəndə düzülüşlə əvəz olunmuşdur. Eyni zamanda suvarılan variantların yarpaqlarında ağızcıqlar açıq, quraqlıq variantlarında isə qapalı olması müşahidə edilmişdir.



Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarının suvarılan (A) və quraqlıq (B) variantlarının işıq mikroskopunda görünüşü

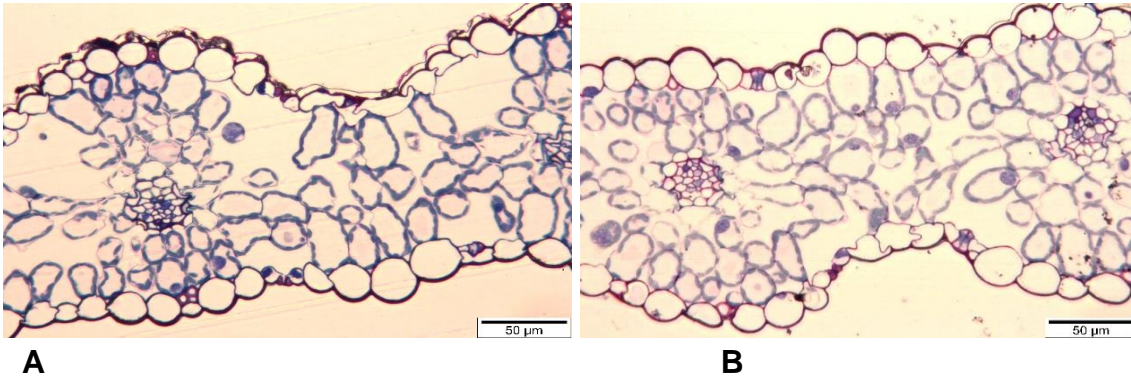
Murov-2 genotipinin yarpaqlarının en kəsiyini tədqiq edərkən su ilə təmin olunmuş yarpaqlarda ağızcıqların əksər hissəsinin açıq, şəffaf epidermis hüceyrələrinin turqor vəziyyəti izlənilmişdir. Quraqlıq variantında isə stresin təsirindən epidermis hüceyrələrinin turqoru itirməsi, ağızcıqların bağlanması və xloroplastların lokalizasiyasında isə qismən

dəyişikliyin olduğunu müşahidə edilir.



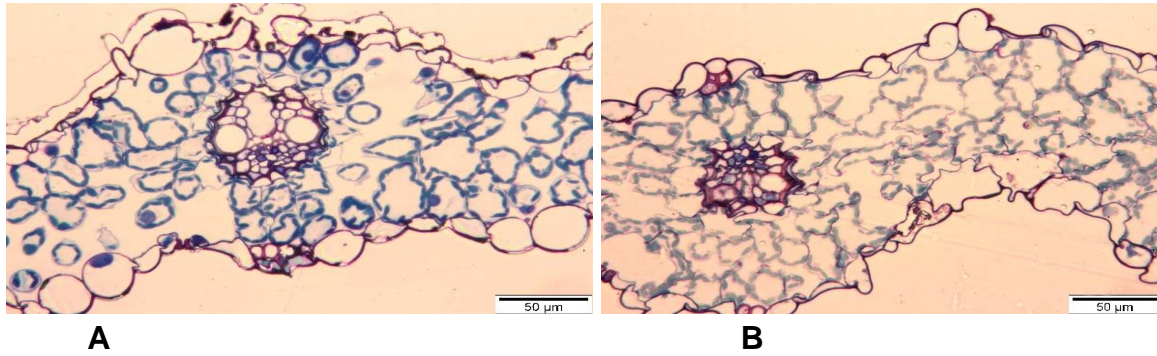
Murov-2 genotipinin yarpaqlarının suvarılan (A) və quraqlıq (B) variantlarının işıq mikroskopunda görünüşü

Suvarılan Aran genotipində epidermis hüceyrələrinin böyük qisminin turqor vəziyyəti, vahid yarpaq sahəsinə düşən azsaylı xloroplast dənəciklərinin nizamlı düzülüşü müşahidə edilmişdir. Quraqlığa məruz qalmış variantda quraqlığın təsirindən epidermis hüceyrələrinin susuzlaşması izlənmişdir. Bitkidən suyun buxarlanmasının qarşısını almaq üçün ağızcıqların böyük qismi bağlanmışdır. Fotosintez prosesinə cavabdeh olan xloroplastların yerləşməsi, sayı və rəngində dəyişikliklər baş vermişdir.



Aran genotipinin yarpaqlarının suvarılan (A) və quraqlıq (B) variantlarının işıq mikroskopunda görünüşü

Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarının suvarılan variantının işıq mikroskopu ilə analizi zamanı bu genotipin morfoloji cəhətdən digərlərindən zəif olduğu görünür. Belə ki, suvarılan variantın epidermis hüceyrələrində ardıcılığın pozulması, bəzi hüceyrələrdə isə turqorun itirilməsi müşahidə edilir. Xloroplastların lokalizasiyasında da digər genotiplərdə müşahidə olunan nizamlılığa rast gəlinmir. Quraqlığa məruz qalmış nümunələrin epidermis hüceyrələrində turqorun təmamilə itirilməsi və ağızcıqların yarı açıq və bağlı olması müşahidə edilir. Xloroplast hüceyrələrində də nizamlılıq və rəngin itirilməsi, həcmi kiçilməsi müşahidə edilir.



Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarının suvarılan (A) və quraqlıq (B) variantlarının işıq mikroskopunda görünüşü

Beləliklə, bitki orqanizmində eyni bir katalitik funksiyarı yerinə yetirən bir neçə fermentin olması çox əhəmiyyətli bir xüsusiyyət olub orqanizmin həyat fəaliyyəti üçün mühüm olan adaptiv imkanları genişləndirir. Tədqiq olunan buğda genotipləri quraqlıq stresinə antioksidant fermentlərin izoenzim tərkibinin keyfiyyət dəyişiklikləri ilə cavab verirlər. Stresin təsirindən bəzi izoformaların intensivliyinin artması onları kodlaşdıran genlərin ekspressiyasının güclənməsi ilə əlaqədar ola bilər. Ətraf mühitin qeyri-əlverişli şəraiti zamanı bitki yarpaqlarının ultrastrukturunda baş verən dəyişikliklər bitkilərin stressə cavab reaksiyaları ilə determinasiya olunur. Bu baxımdan ilkin mərhələdə işıq mikroskopu vasitəsilə genotiplərin həm suvarılan, həm də quraqlıq variantlarının tədqiq edilməsi sonrakı mərhələdə elektron mikroskopu vasitəsilə tədqiqatların davam etdirilməsi üçün zəmin yarada bilər.

NADF-MDH-nin fəallığı işıqla modulyasiya olunur. Fotosintetik elektron nəqlinin izafi elektronları NADF-in reduksiya olunmuş formasında NADF-dən asılı MDH vasitəsilə OA-ın malata reduksiyasında istifadə edilir və elektron akseptoru olan NADF regenerasiya olunur. NADF-MDH, şübhəsiz, redokstənzimlənən, işıqda aktivləşən və qaranlıqda qeyri-aktiv olan fermentdir.

Torpaq quraqlığında buğda genotiplərinin yarpaqlarda NADF-MDH aktivliyinin dəyişmə dinamikası

| Genotip | Variant | NADF-MDH aktivliyi, EU/mq zülal | | | | |
|----------|-----------|---------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| | | Quraqlığın günləri | | | | |
| | | 2 | 4 | 6 | 8 | 10 |
| Murov-2 | suvarılan | 15,69±1,4 | 16,71±1,7 | 17,9±2,0 | 18,71±1,7 | 18,9±2,0 |
| | quraqlıq | 13,04±1,3 | 18,3±2,0 | 20,5±2,1 | 21,7±2,3 | 16,9 ±1,8 |
| Zirvə-85 | suvarılan | 18,71±1,4 | 18,9±2,2 | 20,71±1,7 | 24,9±2,7 | 22,0±2,3 |
| | quraqlıq | 17,33±1,5 | 19,1±2,0 | 25,71±1,7 | 24,9±2,5 | 15,9±1,3 |
| Aran | suvarılan | 8,51±0,8 | 8,9±0,6 | 10,8±1,2 | 14,9±1,3 | 15,9±1,5 |
| | quraqlıq | 7,1±0,7 | 7,9±0,9 | 8,7±1,0 | 7,9±0,6 | 6,7±0,4 |

| | | | | | | |
|----------------|-----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| Qızıl buğda | suvarılan | 13,1±1,8 | 18,9±1,6 | 19,8±1,9 | 24,9±2,3 | 16,9±1,5 |
| | quraqlıq | 13,1±1,9 | 13,9±1,1 | 13,7±1,3 | 11,9±1,1 | 7,7±0,1 |

NADF-MDH ən yüksək aktivliyi Murov-2 və Zirvə-85 genotipində müşahidə edilmişdir. Murov-2 genotipində fermentin fəallığı suvarmadan 4 gün sonra 40,0%, suvarmadan 6 gün sonra 57,2% artmışdır. Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında NADF-MDH fermentinin aktivliyi suvarılan və təcrübə variantlarda oxşar dəyişmişdir. Tədqiq olunan buğda genotiplərində fermentin ən aşağı fəallığı i Aran genotipində müşahidə edilmişdir. Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarında quraqlıq variantda fermentin fəallığı quraqlığın təsirindən tədricən azalmışdır. Suvarmadan 10 gün sonra Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarında fermentin fəallığı təxminən 2 dəfə azlasa da, suvarılan variantda bunun əksinə olaraq fermentin fəallığı 1,3 dəfə yüksəlmişdir. Uzunmüddətli torpaq quraqlığının təsirindən fotosintezin piqmentlərinin miqdarca azalması xloroplast fermenti - işıqla tənzim olunan NADF-MDH fəallığının tədricən azalmasına gətirib çıxarmışdır.

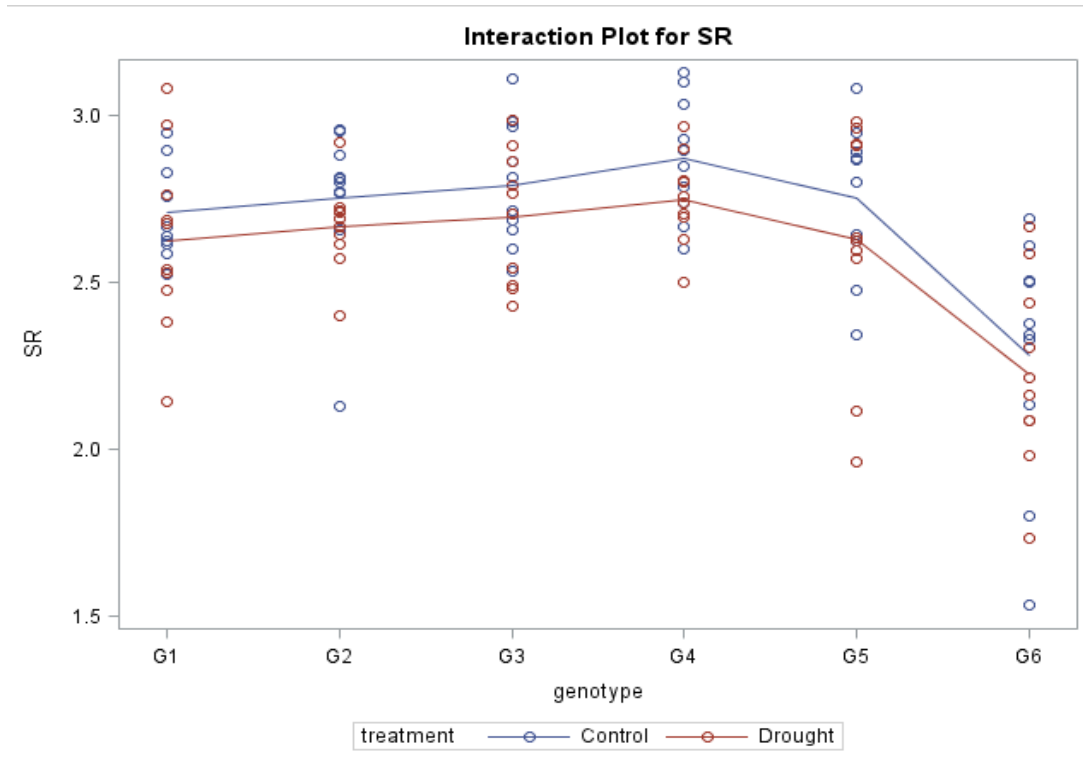
Torpaq quraqlığında buğda genotiplərinin yarpaqlarda NADF-ME fəallığının dəyişmə dinamikası

| Genotip | Variant | NADF-ME fəallığı, EU/mq zülal | | | | |
|----------------|-----------|-------------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| | | Quraqlığın günləri | | | | |
| | | 2 | 4 | 6 | 8 | 10 |
| Murov-2 | suvarılan | 1,38±0,12 | 1,76±0,18 | 1,88±0,12 | 2,27±0,12 | 2,68±0,12 |
| | quraqlıq | 1,24±0,14 | 1,54±0,16 | 1,68±0,19 | 2,54±0,25 | 1,14±0,36 |
| Zirvə-85 | suvarılan | 1,18±0,1 | 1,3±0,02 | 1,45±0,15 | 1,5±0,16 | 1,8±0,2 |
| | quraqlıq | 1,54±0,18 | 1,7±0,2 | 2,45±0,15 | 3,5±0,35 | 2,3±0,1 |
| Aran | suvarılan | 0,28±0,02 | 0,8±0,01 | 0,84±0,07 | 1,24±0,05 | 1,36±0,15 |
| | quraqlıq | 0,24±0,02 | 0,44±0,02 | 0,52±0,02 | 0,4±0,05 | 0,76±0,09 |
| Qızıl buğda | suvarılan | 0,31±0,04 | 0,34±0,04 | 0,44±0,04 | 0,74±0,06 | 1,48±0,17 |
| | quraqlıq | 0,24±0,03 | 0,36±0,03 | 0,59±0,05 | 0,27±0,03 | 0,16±0,05 |

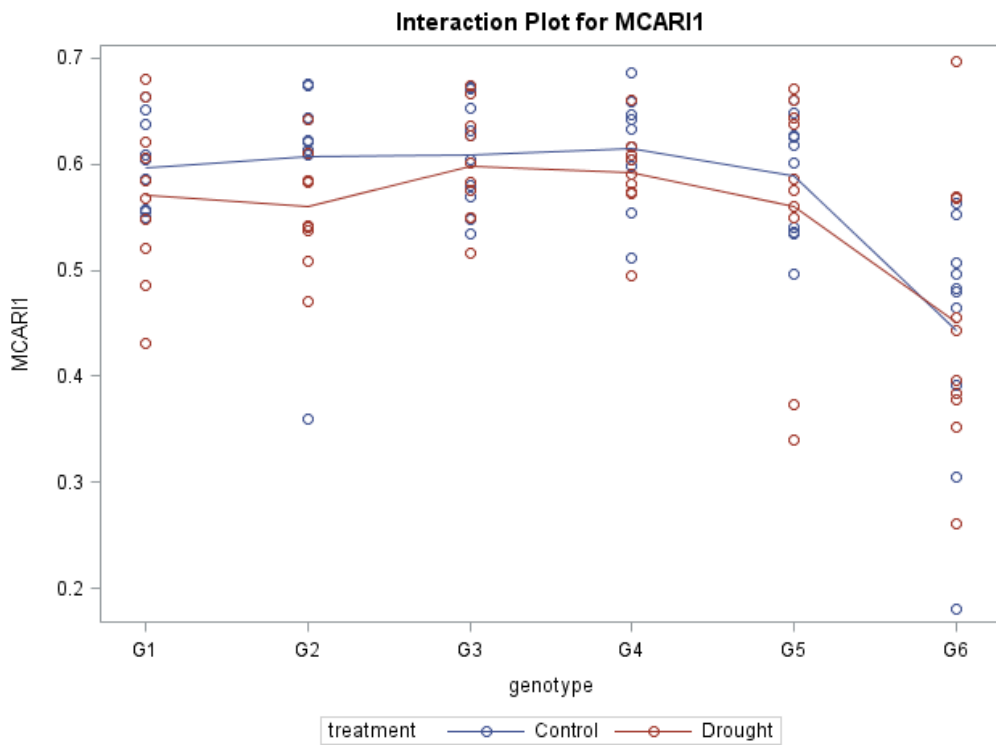
NADF-ME fermentinin ən yüksək fəallığı Zirvə-85 genotiplərinin yarpaqlarında suvarılmadan 8 gün sonra müşahidə edilmişdir (3,5±0,35 EU/mq zülal). Murov-2 genotipinin suvarılan variantından götürülmüş nümunələrdə fermentin fəallığı tədricən yüksəlmişdir. Bunun əksinə olaraq quraqlıq variantlarda fermentin fəallığı yüksəlsə də, suvarılmadan 10 gün sonra yenidən kəskin azalmışdır (1,14±0,36 EU/mq zülal). Aran və Qızıl buğda genotiplərinin yarpaqlarında Murov-2 və Zirvə genotipi ilə müqayisədə əhəmiyyətli dərəcədə aşağı fəallıq müşahidə edilmişdir. Tədqiqatın nəticələrinə əsasən Murov-2 və Zirvə-85 genotiplərinin quraqlığa nisbətən davamlı olduğunu demək olar. NADF-ME fermenti bitkilərin stresə qarşı metabolizm səviyyəsində cavab reaksiyaları ilə bağlı bir çox proseslərdə iştirak edir. NADF-ME ilə kataliz olunan reaksiyanın məhsulu olmaqla hüceyrənin detoksikasiyasının və proliferasiyasının inkişafını şərtləndirən əsas amillərdən biridir. O, prolin, mannoza-6-fosfat,

mannitol kimi osmotik aktiv maddələrin biosintezində istifadə olunur. Şiddətli stres su balansına təsir etməklə turqorun yox olmasına və membranın dağılmasına gətirib çıxarır. Bitki hüceyrəsində şiddətli stresin təsirindən yaranan bu vəziyyət membran lipidlərinin regenerasiyasını tələb edir. NADF-ME piruvatı və NADFH-ı yağ turşularının biosintezinə yönəlməklə regenerasiya prosesində iştirak edir. Su balansına təsir edən stres amilləri oksigenin aktiv radikallarının təkrar əmələ gəlməsini induksiya etməklə də oksidləşdirici stres yaradırlar.

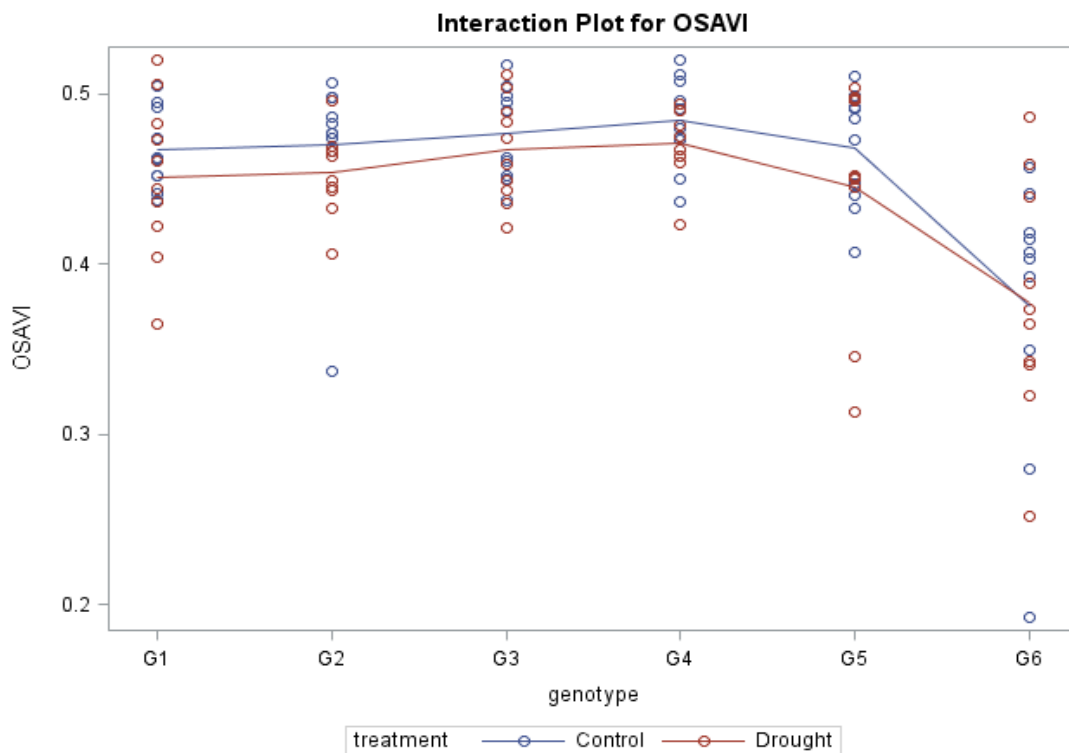
Rəqəmsal fenotipləmə texnologiyasından (RFT) istifadə etməklə bitkinin fizoloji vəziyyəti qeyri-invaziv olaraq (25 parametrin hesablanması əsasında) qiymətləndirilmişdir:



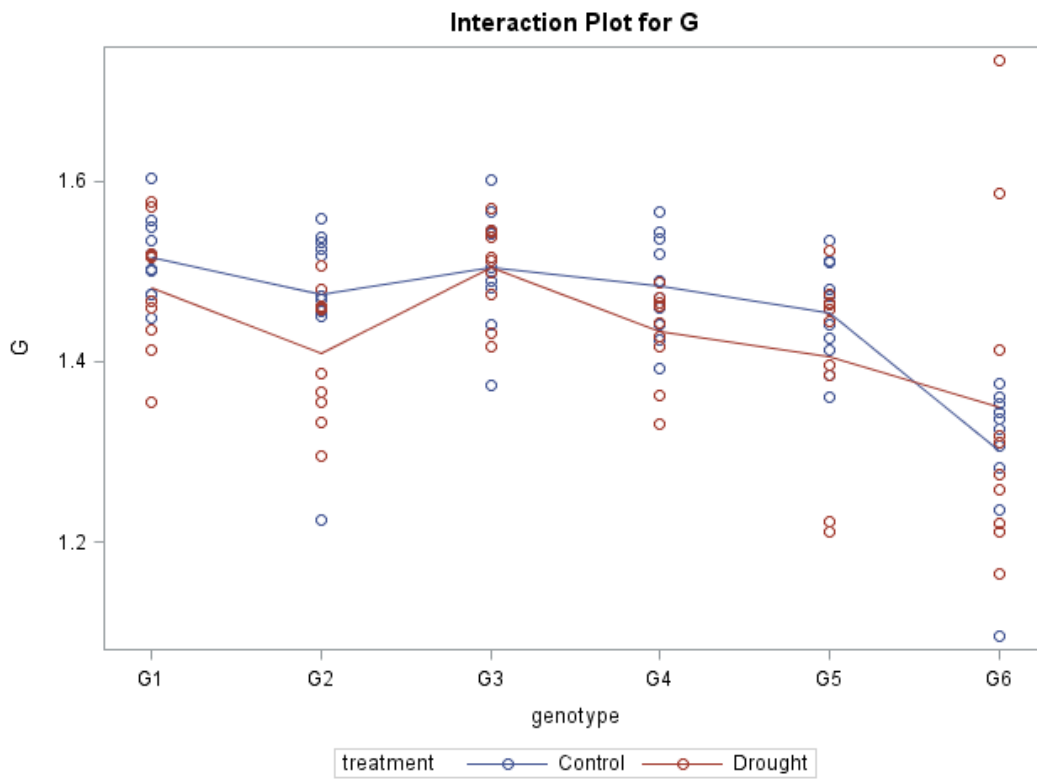
Simple Ratio Index (SR) $SR = RNIR / RRED$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



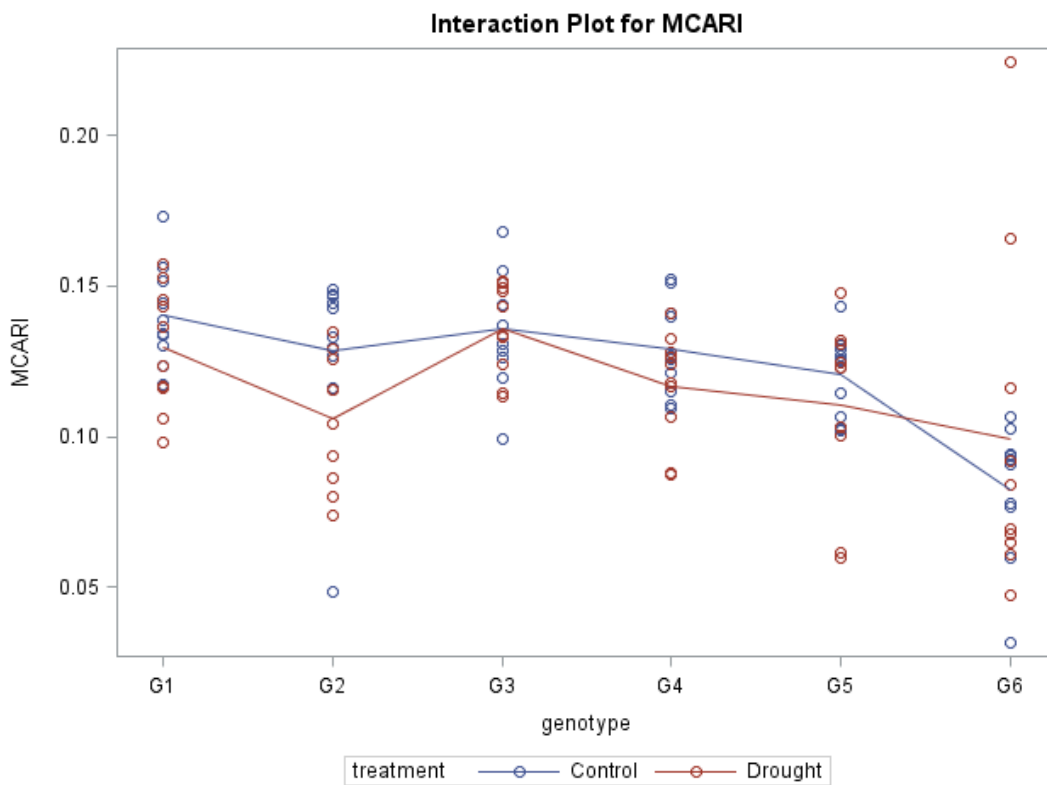
Modified Chlorophyll Absorption in Reflectance Index (MCARI1) $MCARI1 = 1.2 * [2.5 * (R790 - R670) - 1.3 * (R790 - R550)]$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



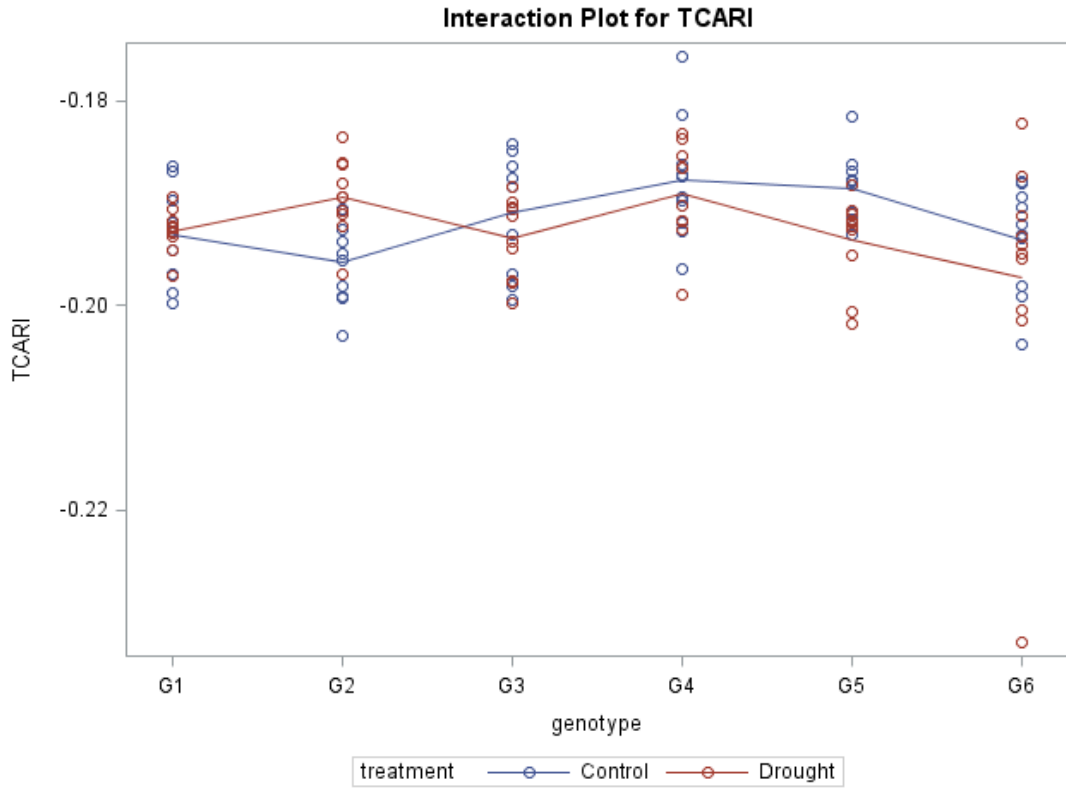
Optimized Soil-Adjusted Vegetation Index (OSAVI) $OSAVI = (1 + 0.16) * (R790 - R670) / (R790 - R670 + 0.16)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



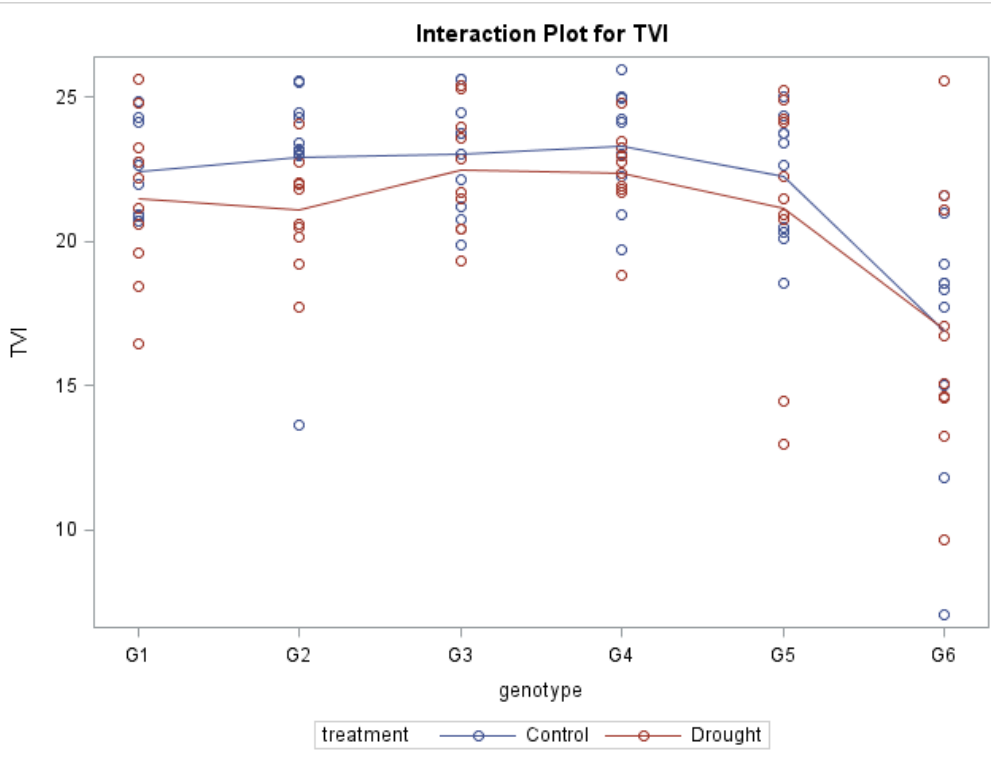
Greenness Index (G) $G = R554 / R677$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



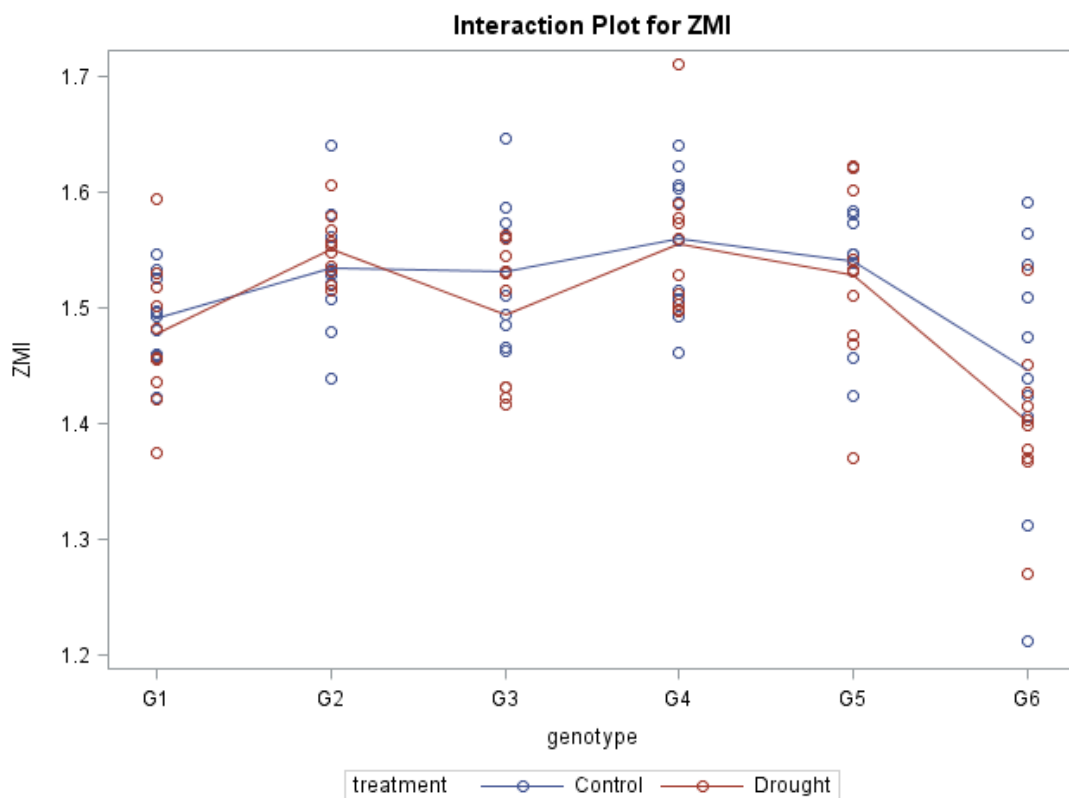
Modified Chlorophyll Absorption in Reflectance Index (MCARI) $MCARI = [(R700 - R670) - 0.2 * (R700 - R550)] * (R700 / R670)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



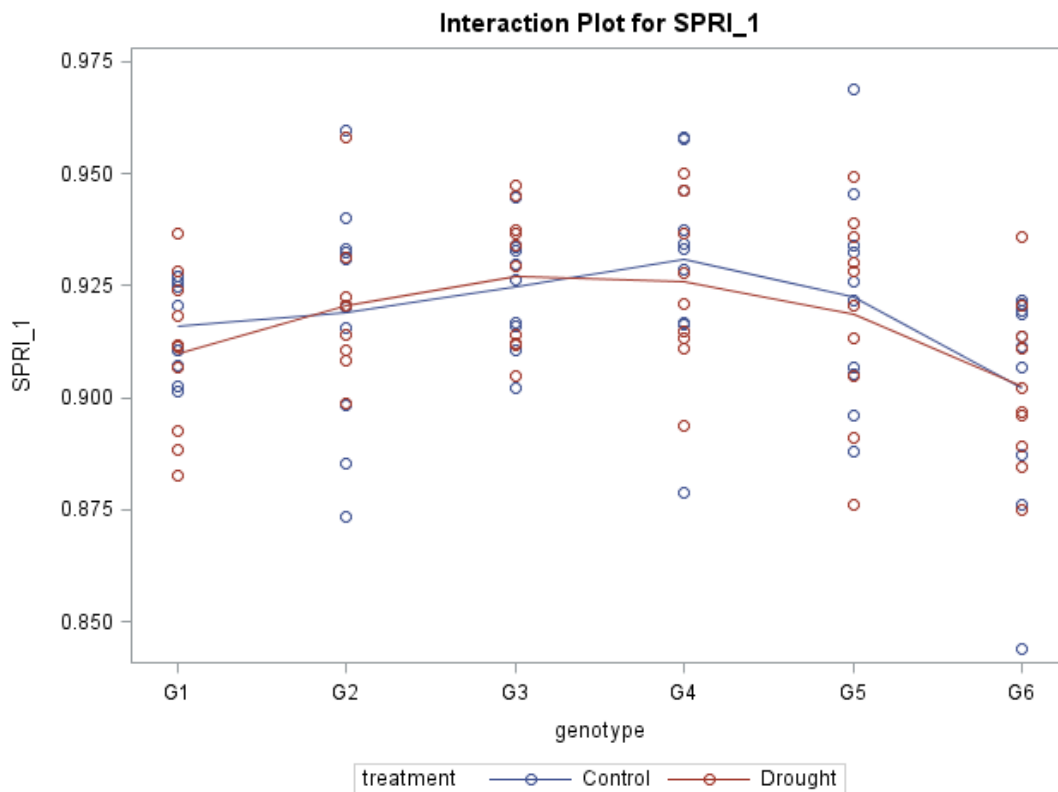
Transformed CAR Index (TCARI) $TSARI = 3 * [(R700 - R670) - 0.2 * (R700 - R550) * (R700 / R670)]$ parametrisinin tress və tress şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



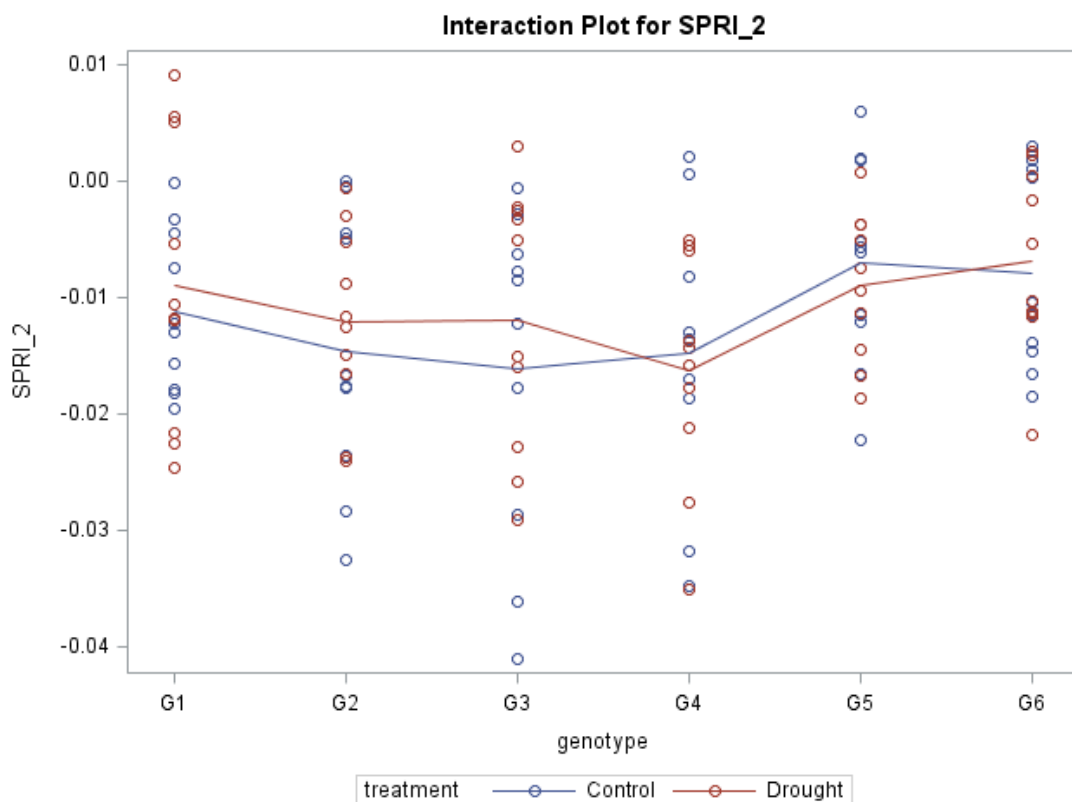
Triangular Vegetation Index (TVI) $TVI = 0.5 * [120 * (R750 - R550) - 200 * (R670 - R550)]$ parametrisinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



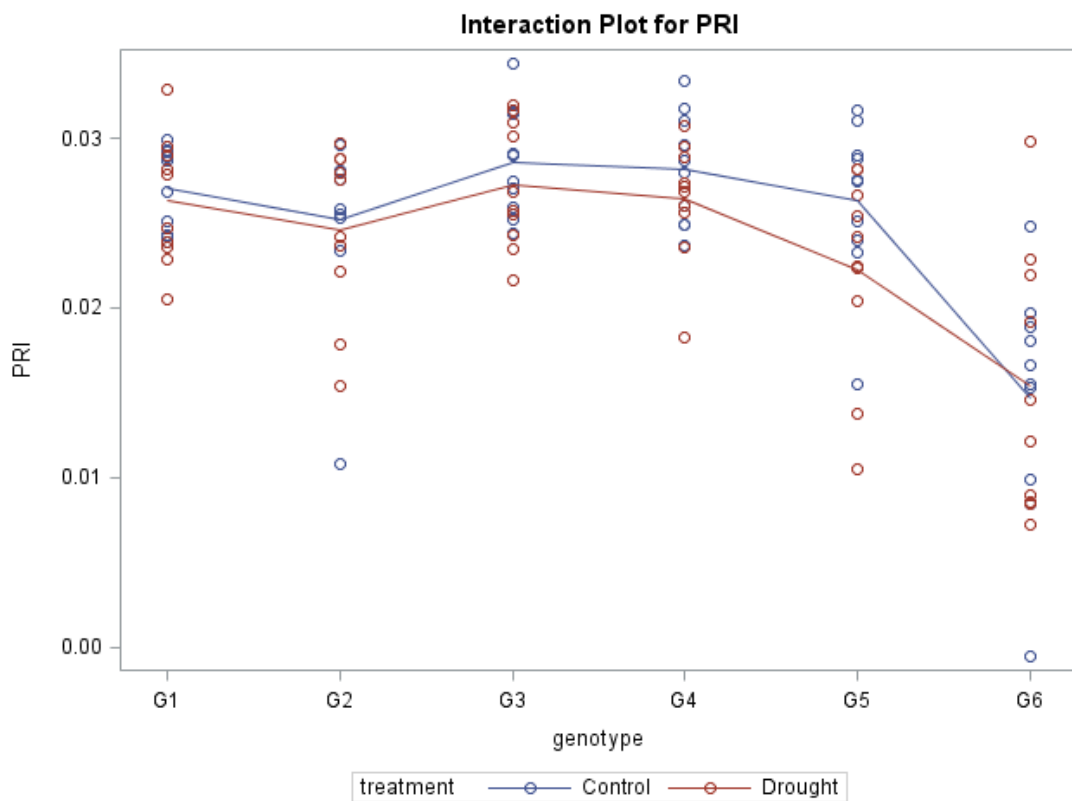
Zarco-Tejada & Miller Index (ZMI)• $ZMI = R750 / R710$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



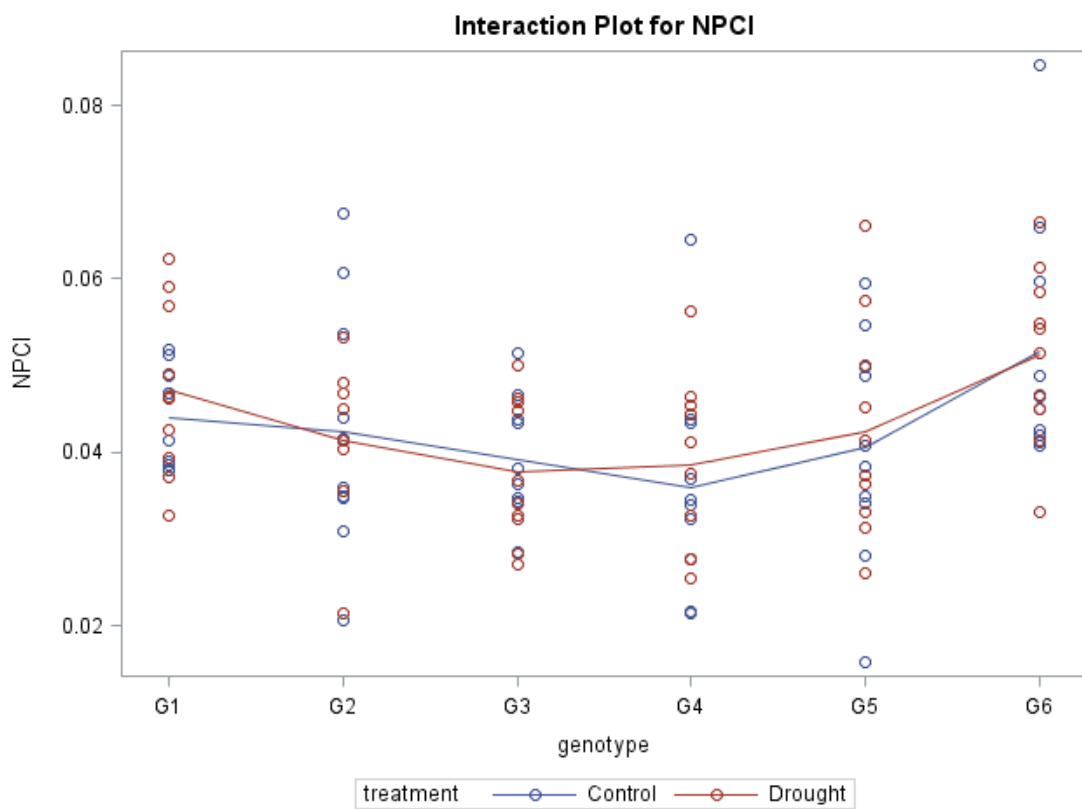
Simple Ratio Pigment Index 1 (SRPI) parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



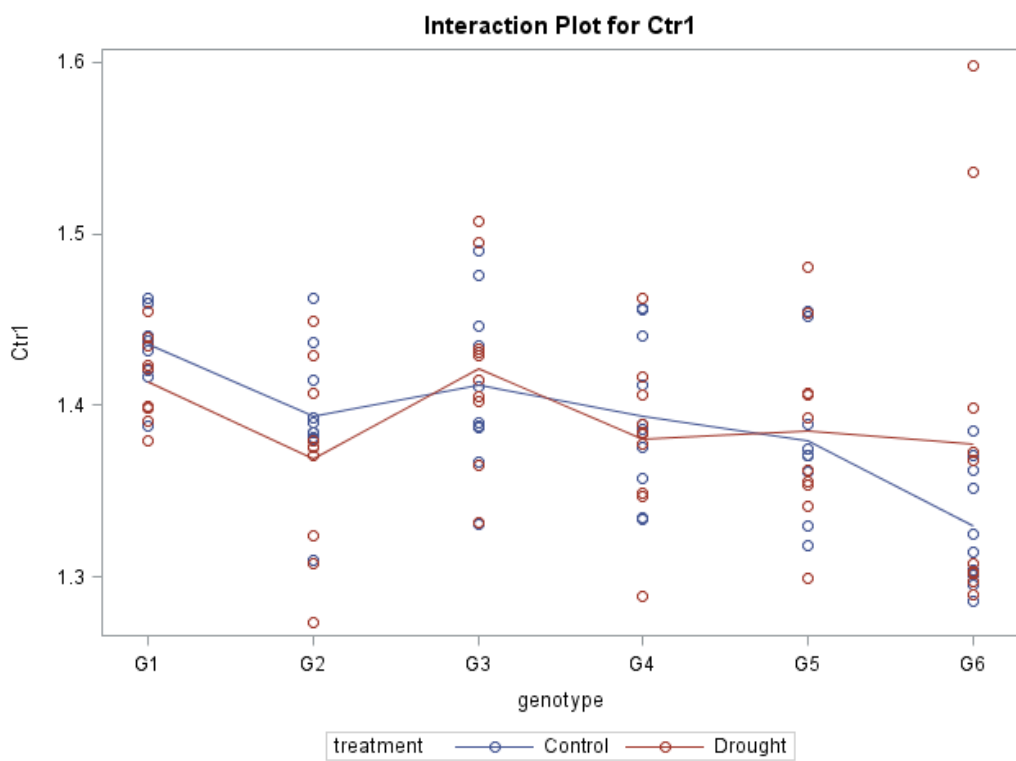
Simple Ratio Pigment Index 2 (SRPI) parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



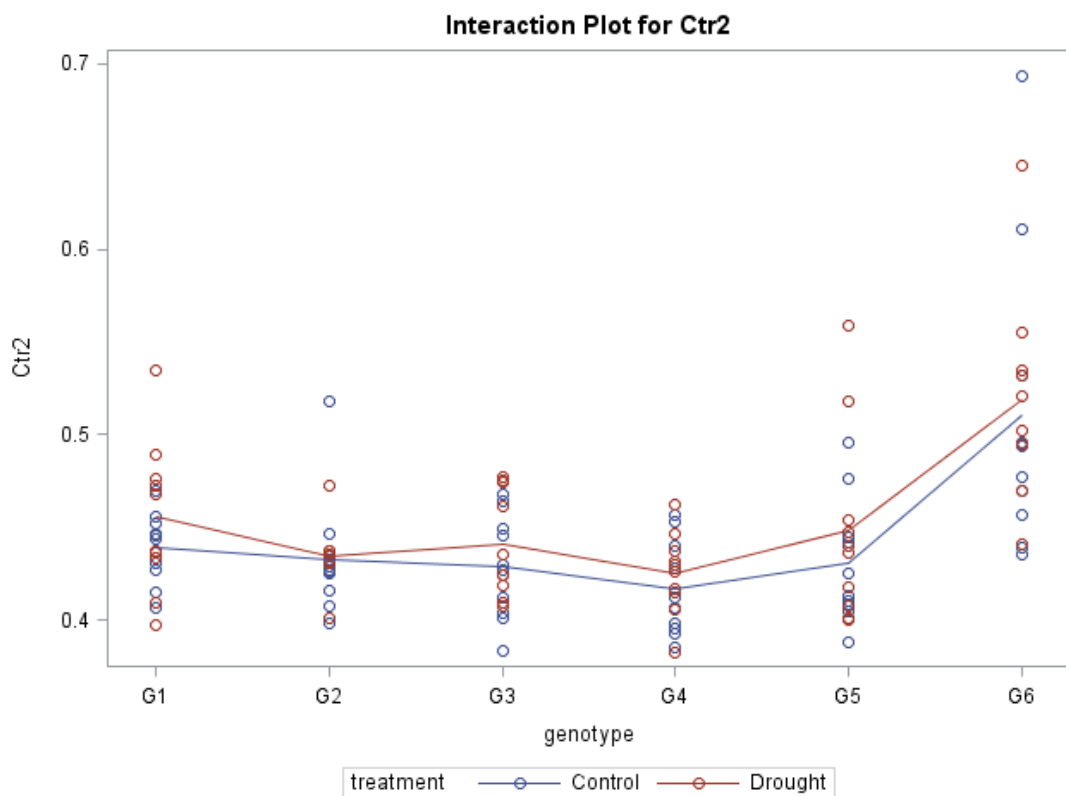
Photochemical Reflectance Index (PRI) $PRI = (R531 - R570) / (R531 + R570)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



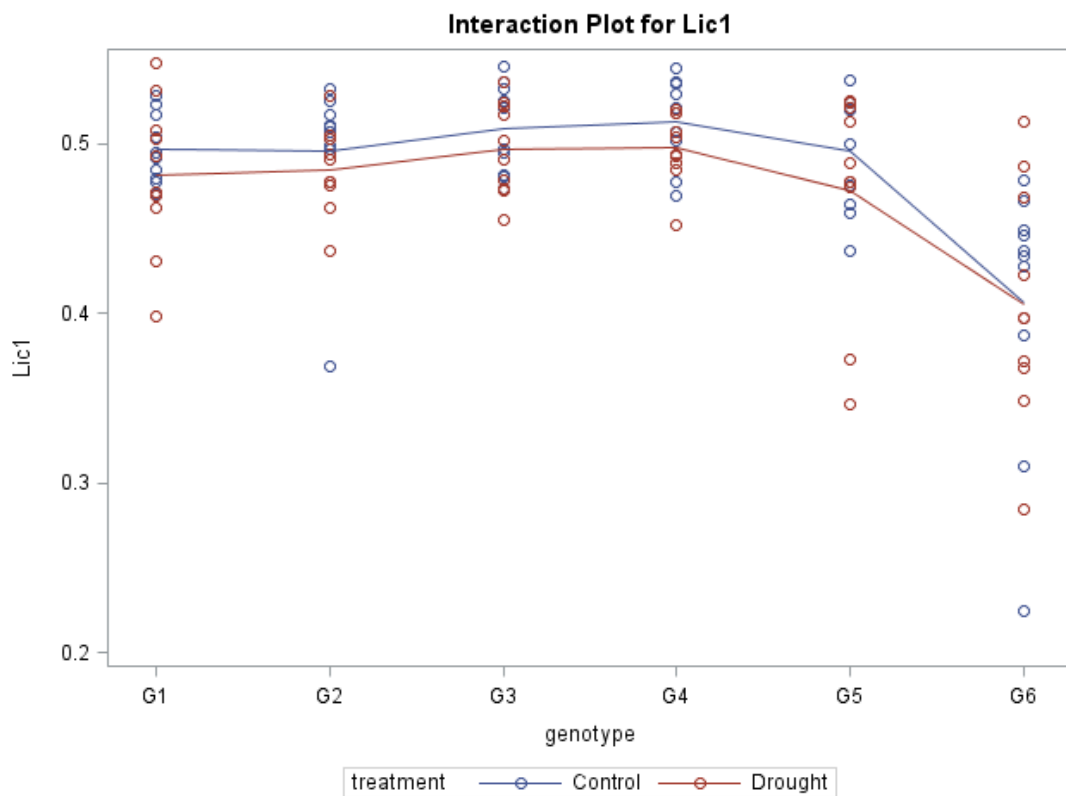
Normalized Pigment Chlorophyll Index (NPCI) $NPCI = (R680 - R430) / (R680 + R430)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



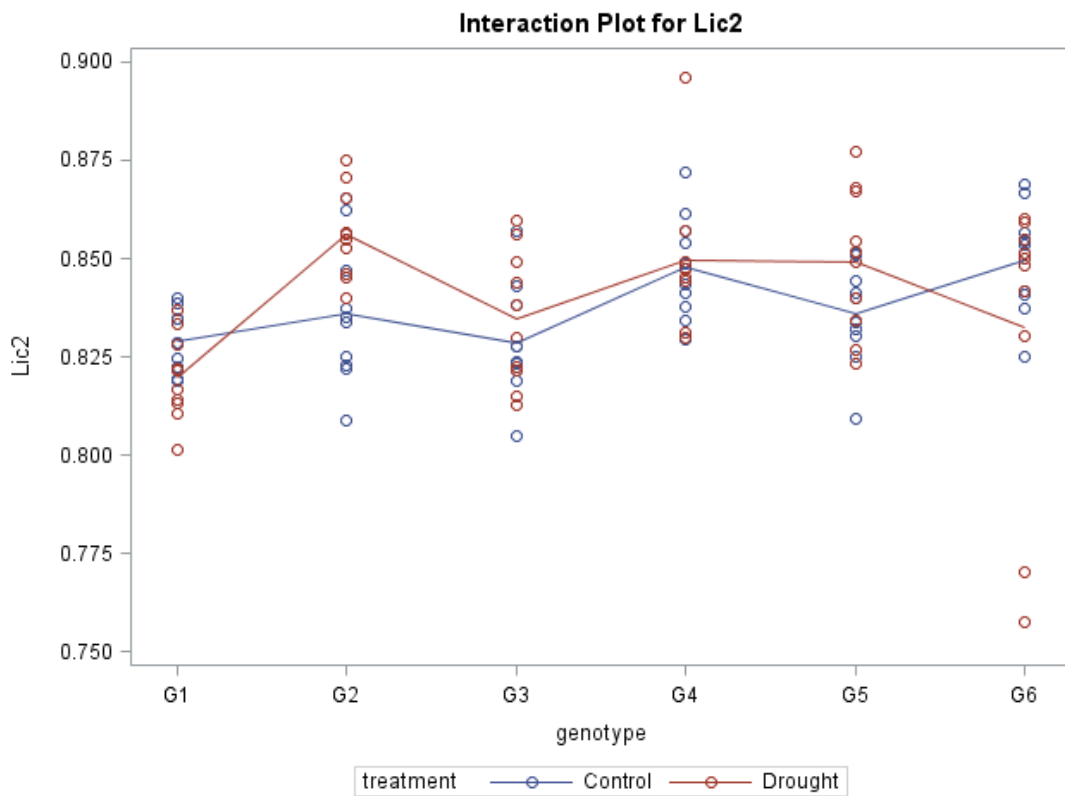
Carter Indices 2 Ctr1 $Ctrl = R695 / R420$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



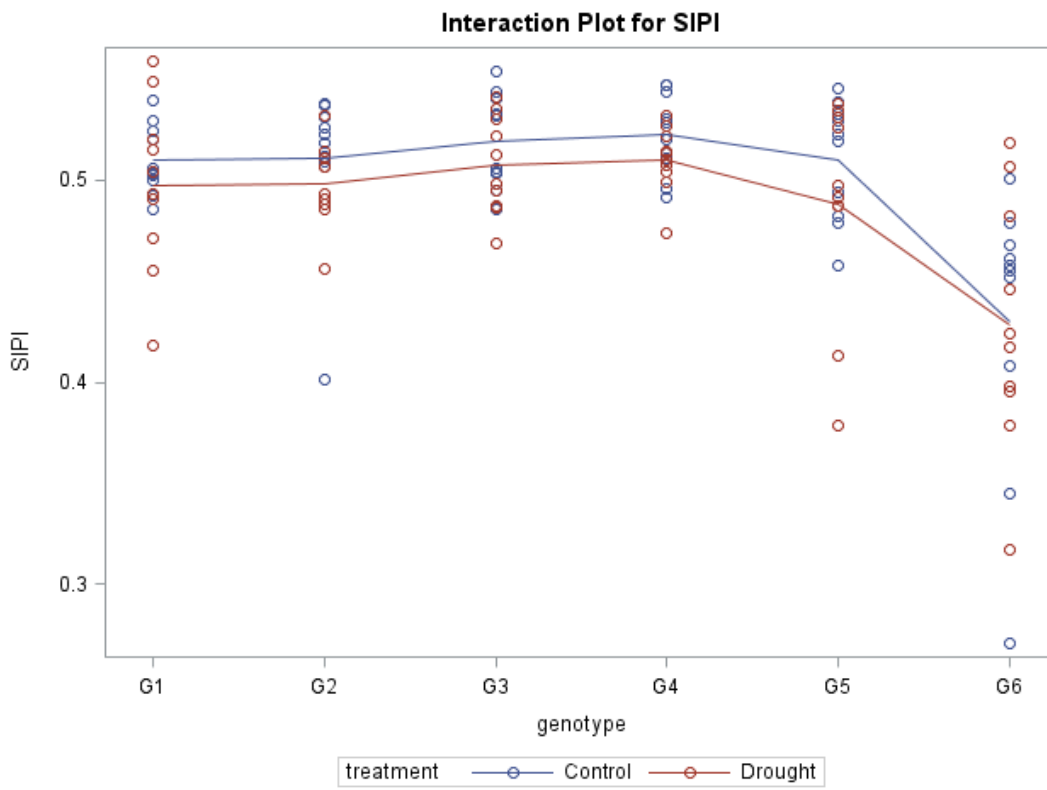
Carter Indices 2 $Ctr2 = R695 / R760$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



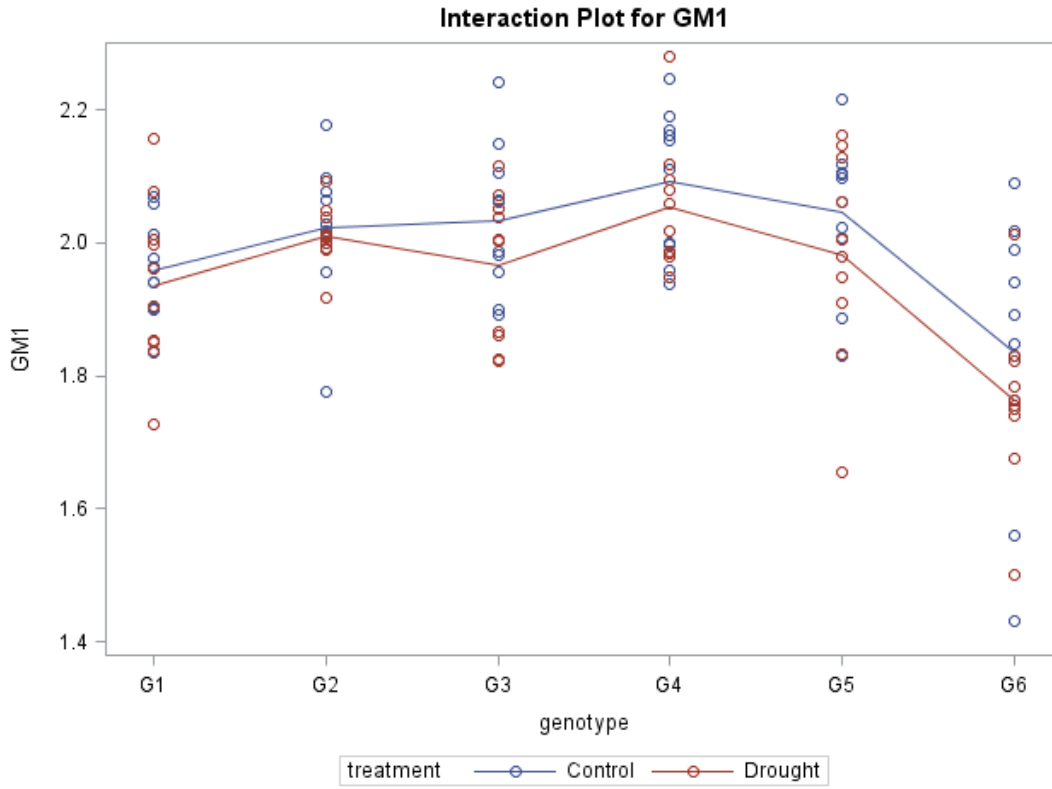
Lichtenthaler Indices $Lic1 = (R790 - R680) / (R790 + R680)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



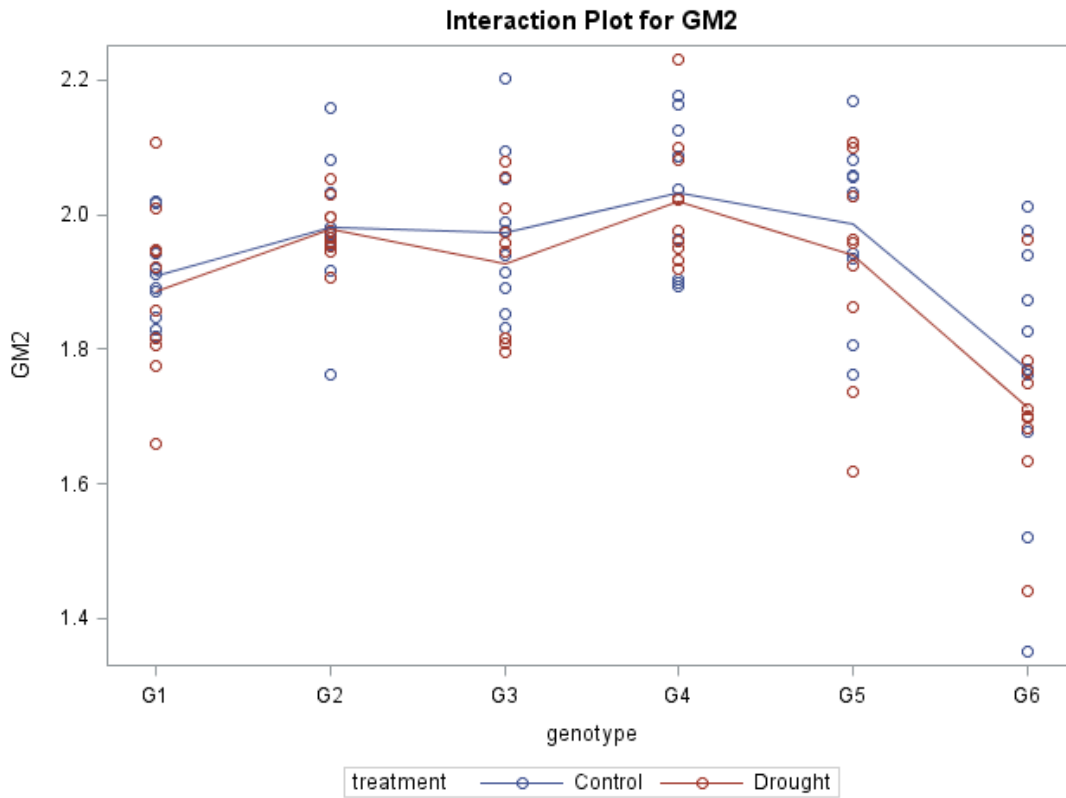
Lichtenthaler Indices Lic2 = R440 / R690 parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



Structure Intensive Pigment Index (SIPI) SIPI = (R790- R450) / (R790+ R650) parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası

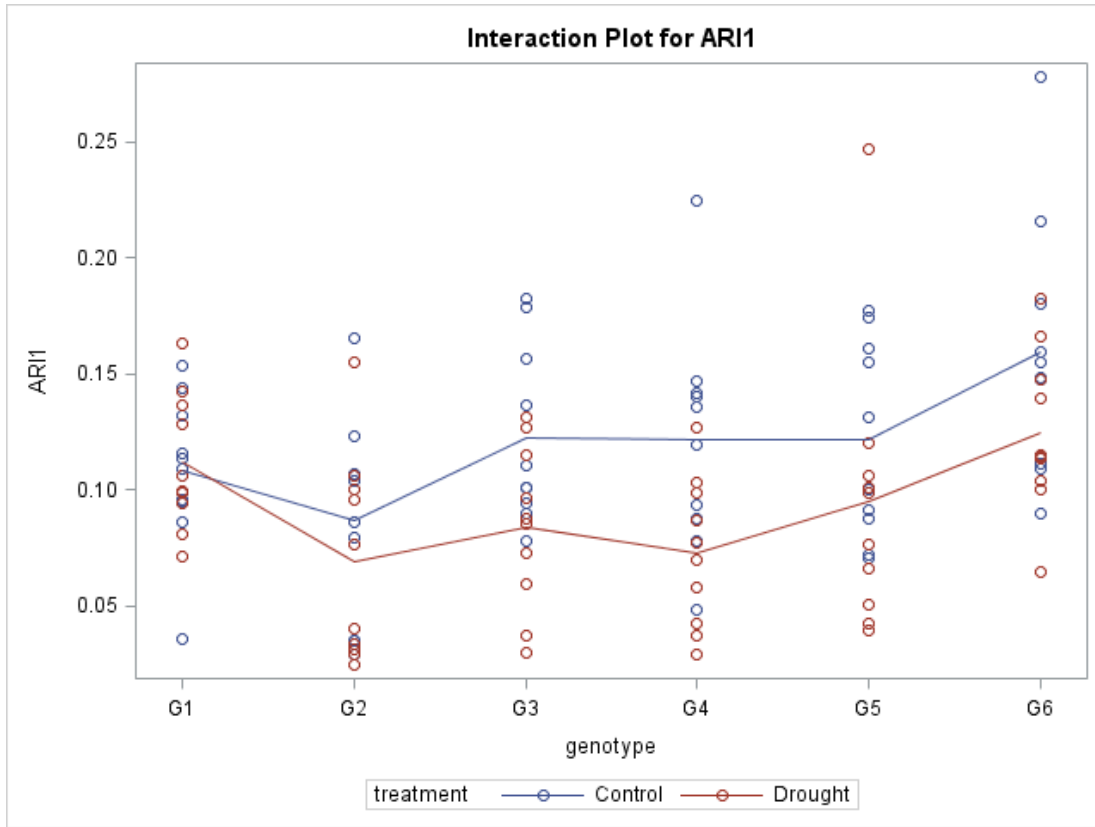


Gitelson and Merzlyak Indices GM1 = $R750 / R550$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası

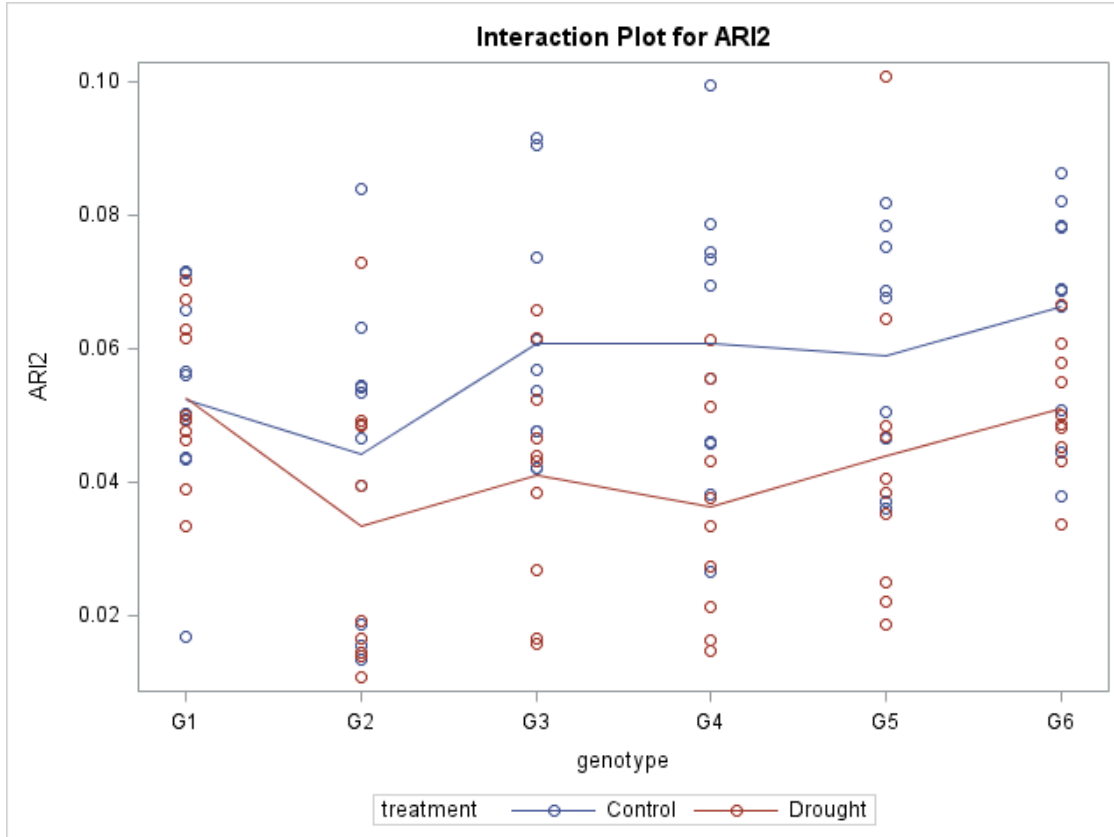


Gitelson and Merzlyak Indices GM2 = $R750 / R700$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə

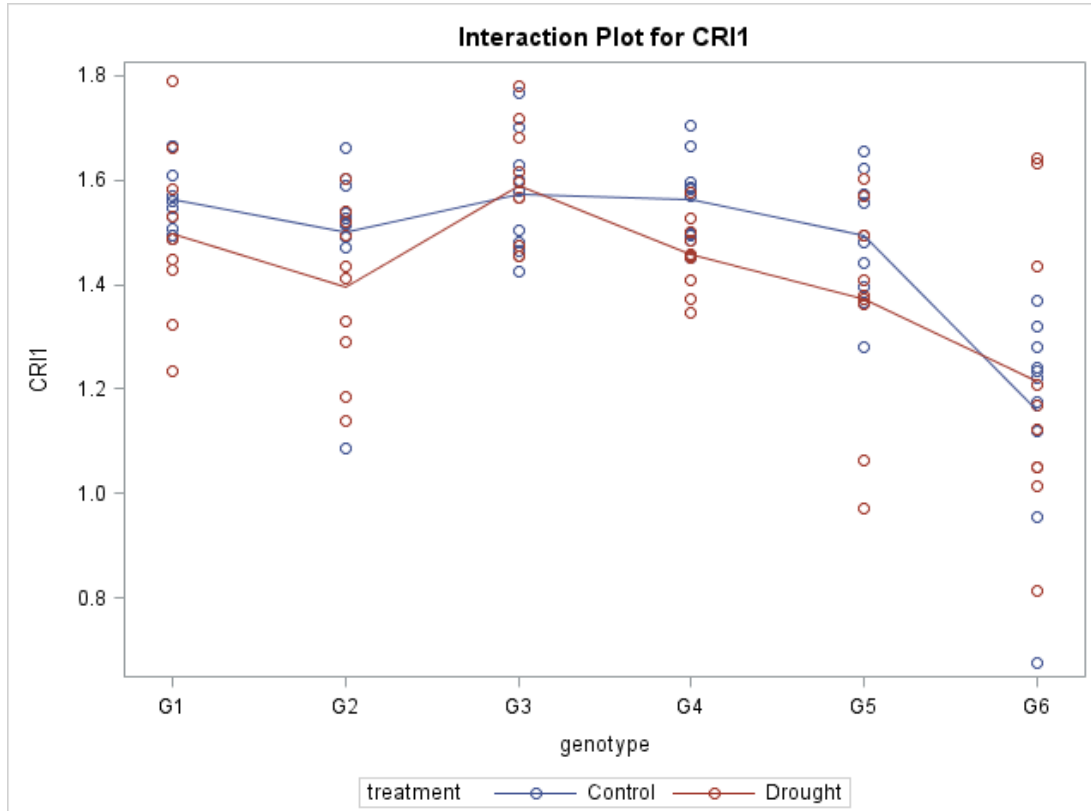
dinamikası



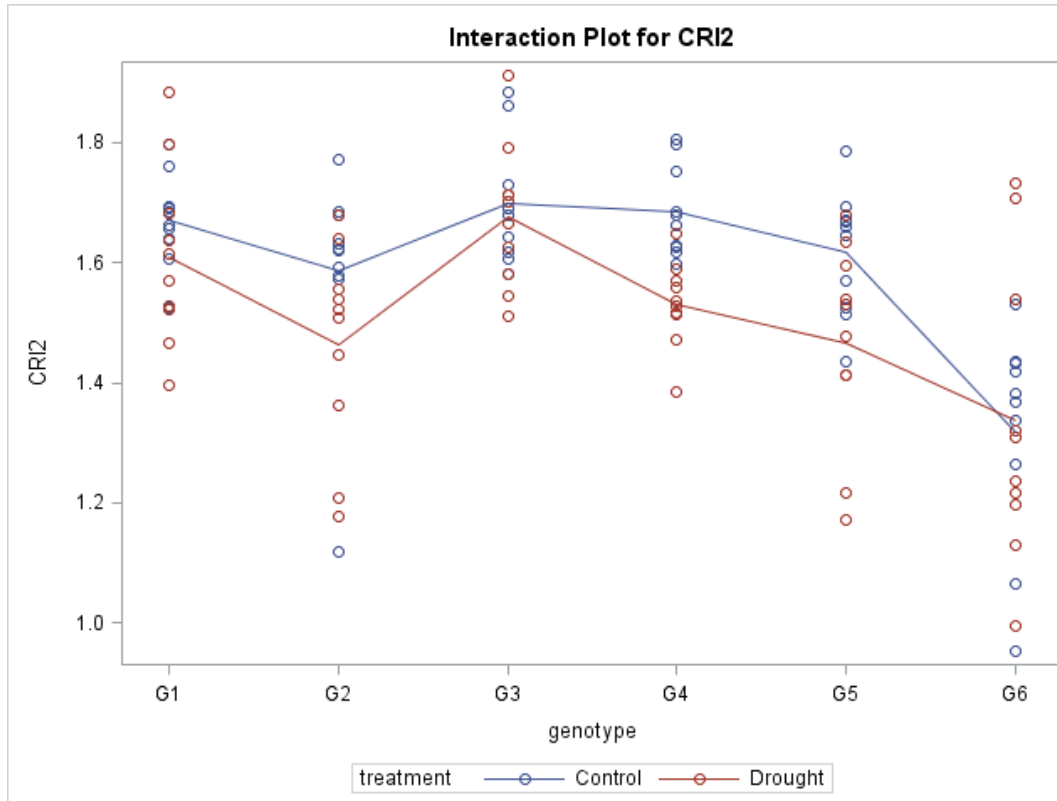
Anthocyanin Reflectance Indices 1 (ARI 1) parametrinin kontrol və stress şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



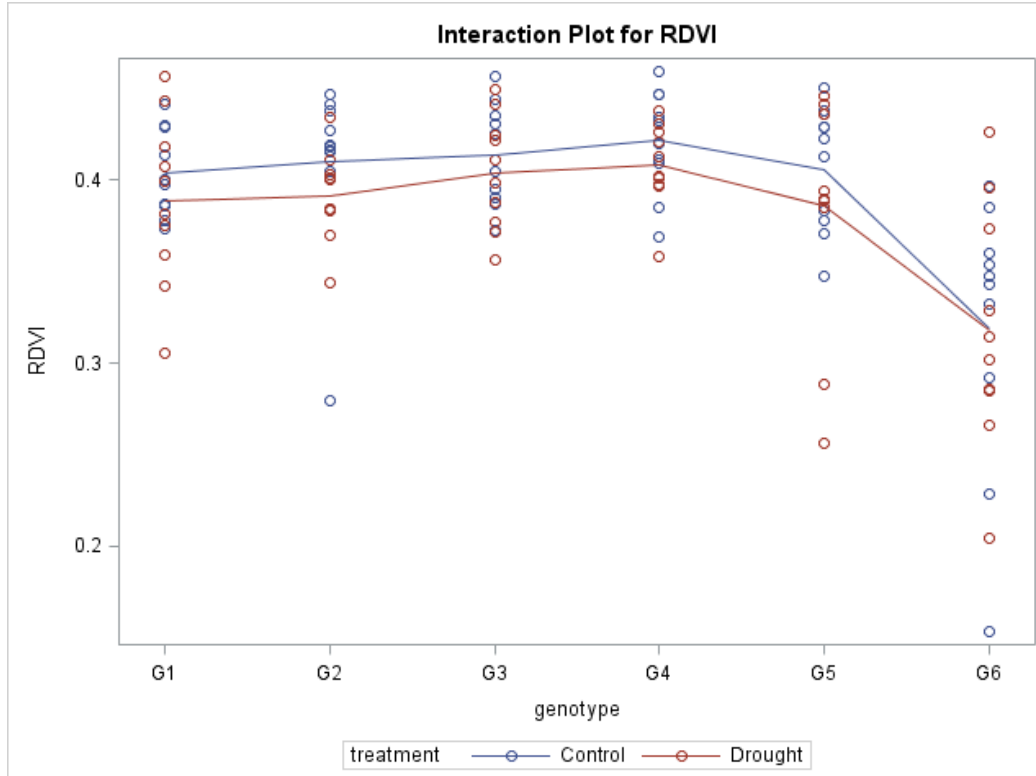
Anthocyanin Reflectance Indices 2 (ARI 2) parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası



Carotenoid Reflectance Indices 1 parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası

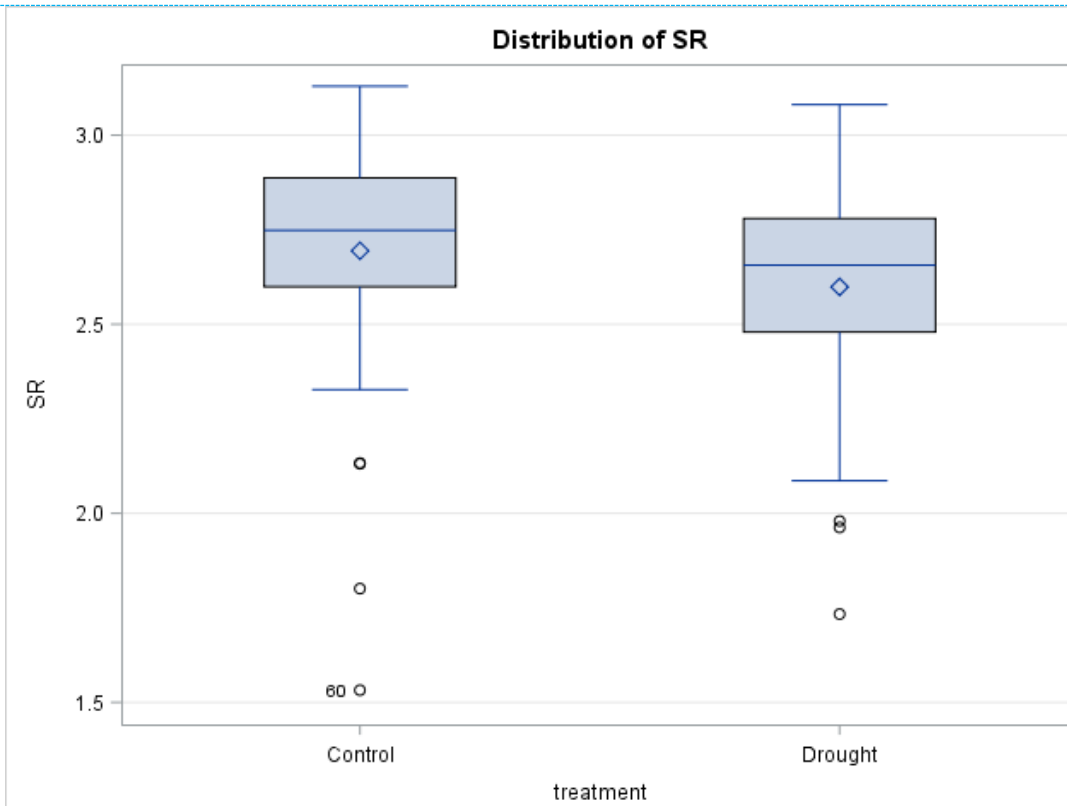


Carotenoid Reflectance Indices 1 parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası

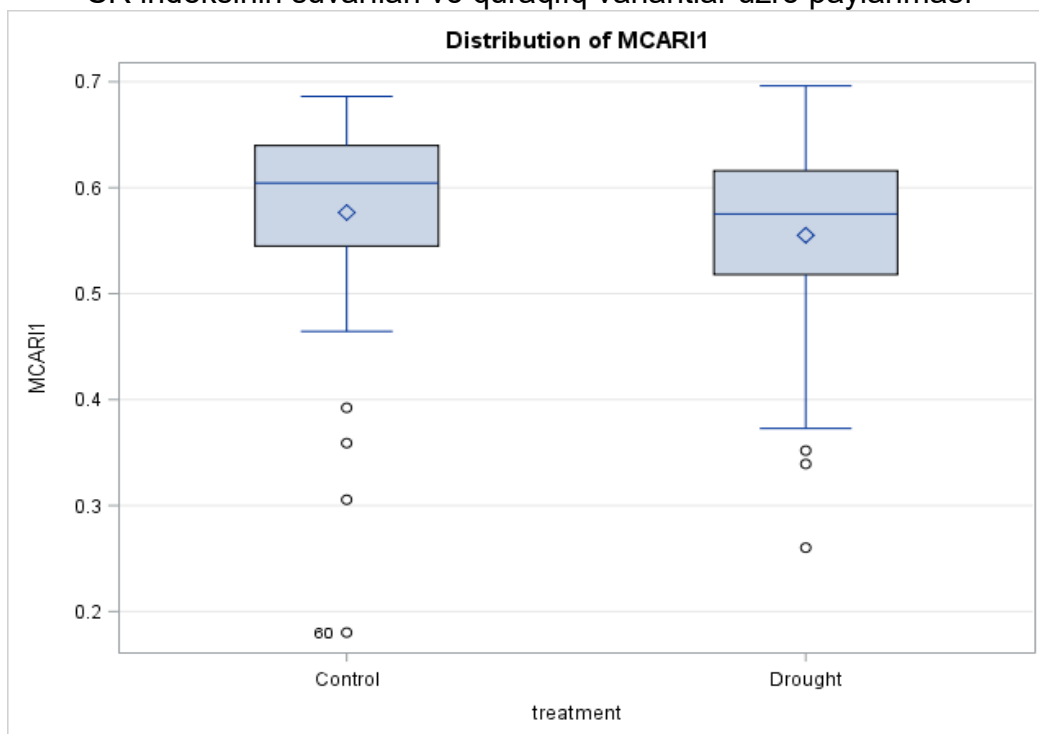


Renormalized Difference Vegetation Index (RDVI) $RDVI = (RNIR - RRED) / (RNIR + RRED)$ parametrinin kontrol və stres şəraitində genotiplər üzrə dəyişmə dinamikası

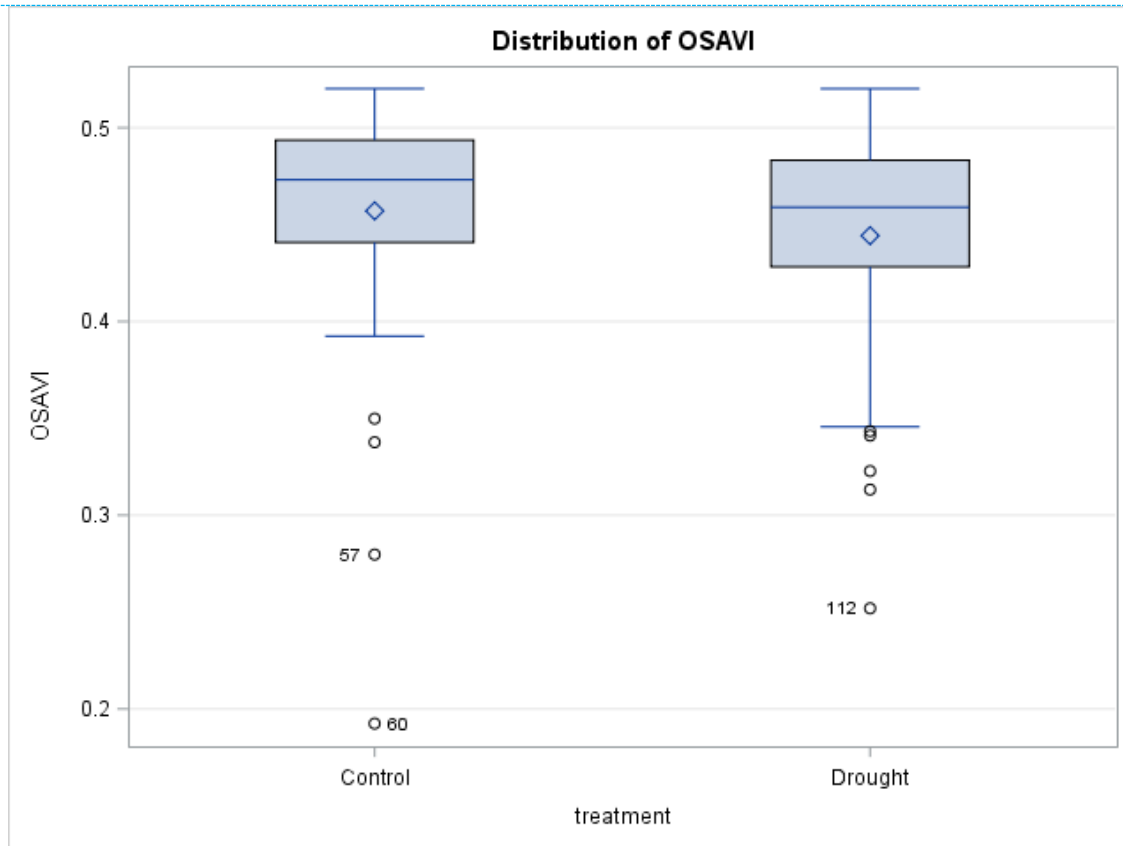
Eyni zamanda vegetativ indekslərin ayrıca kontrol və quraqlıq variantlar üzrə paylanması da yoxlanılmışdır:



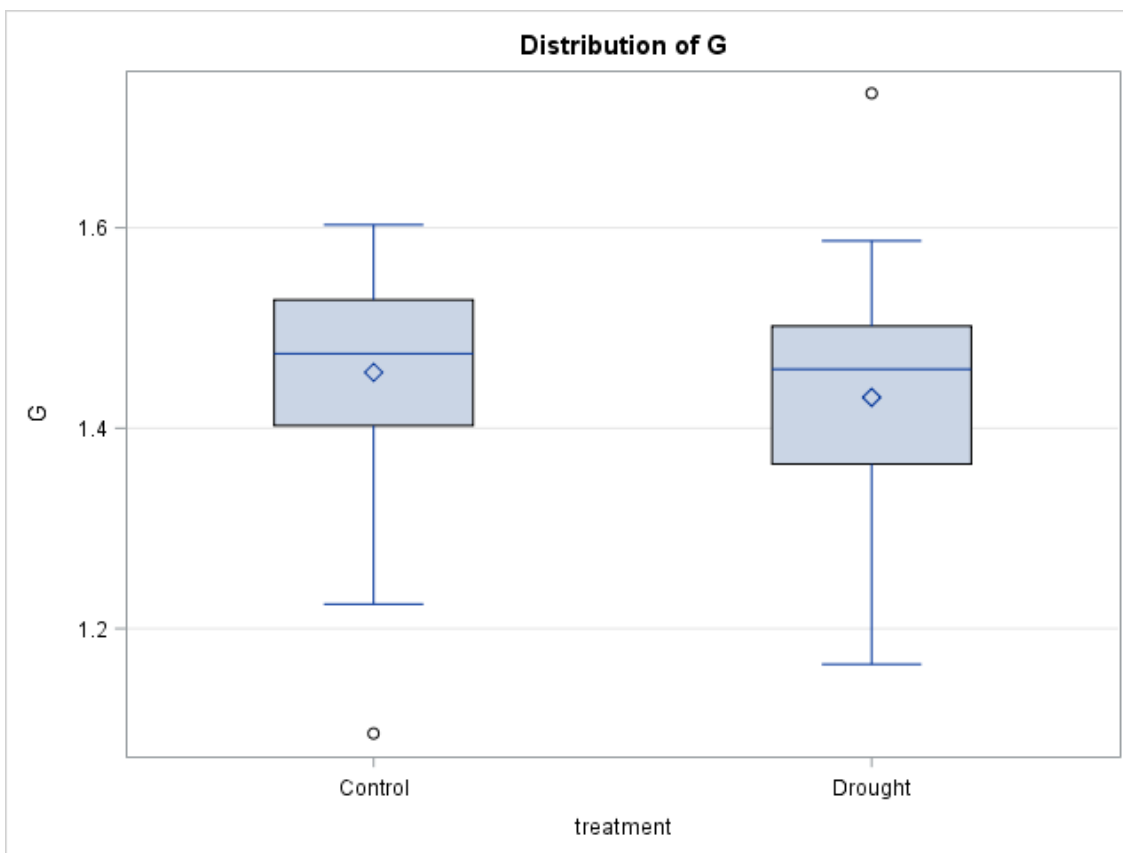
SR indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



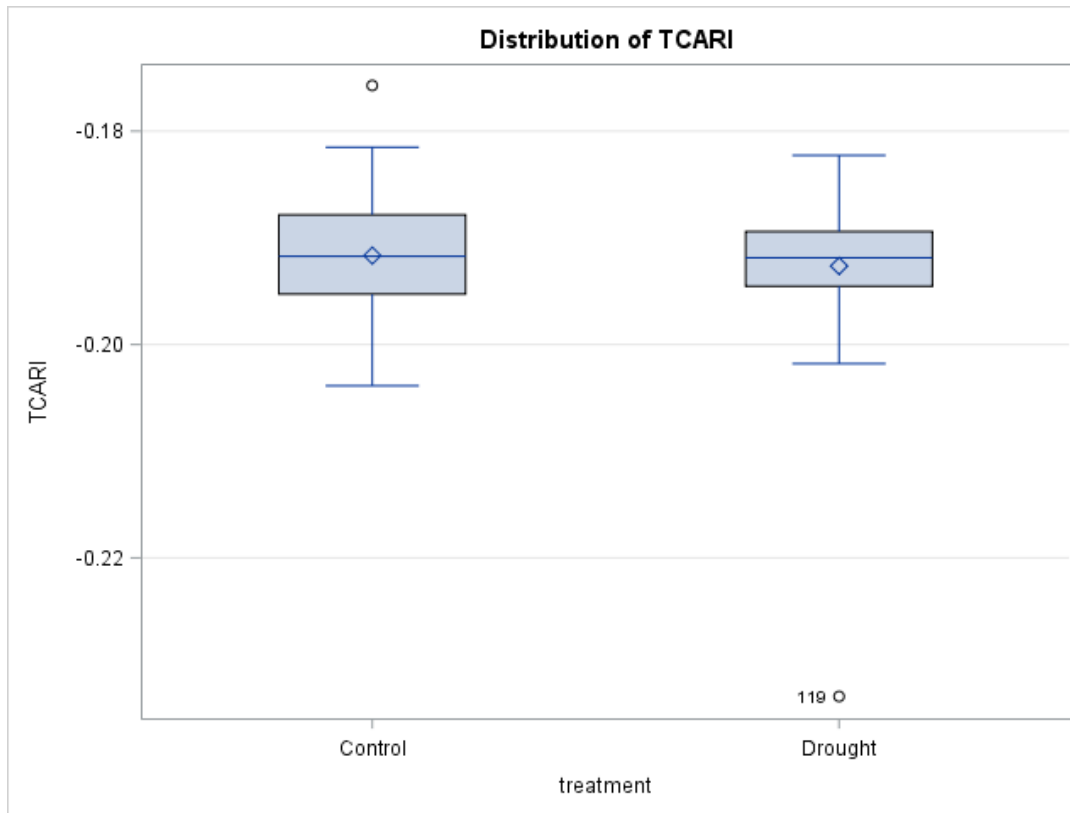
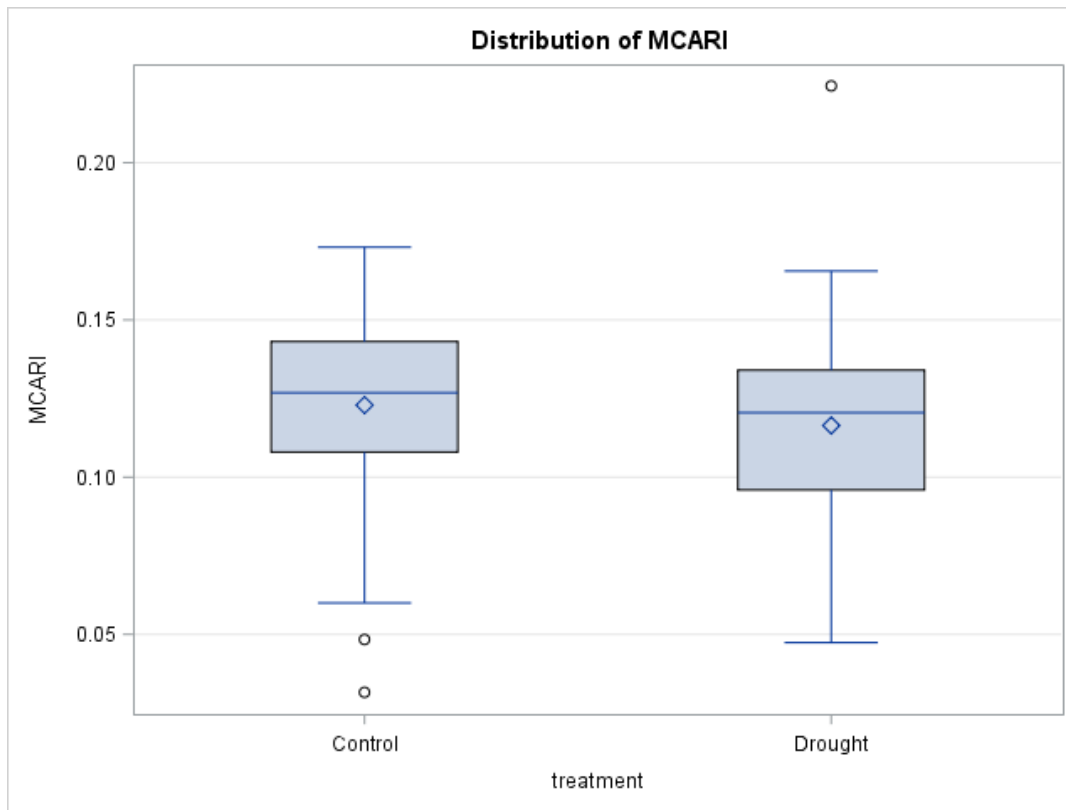
MCARI1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



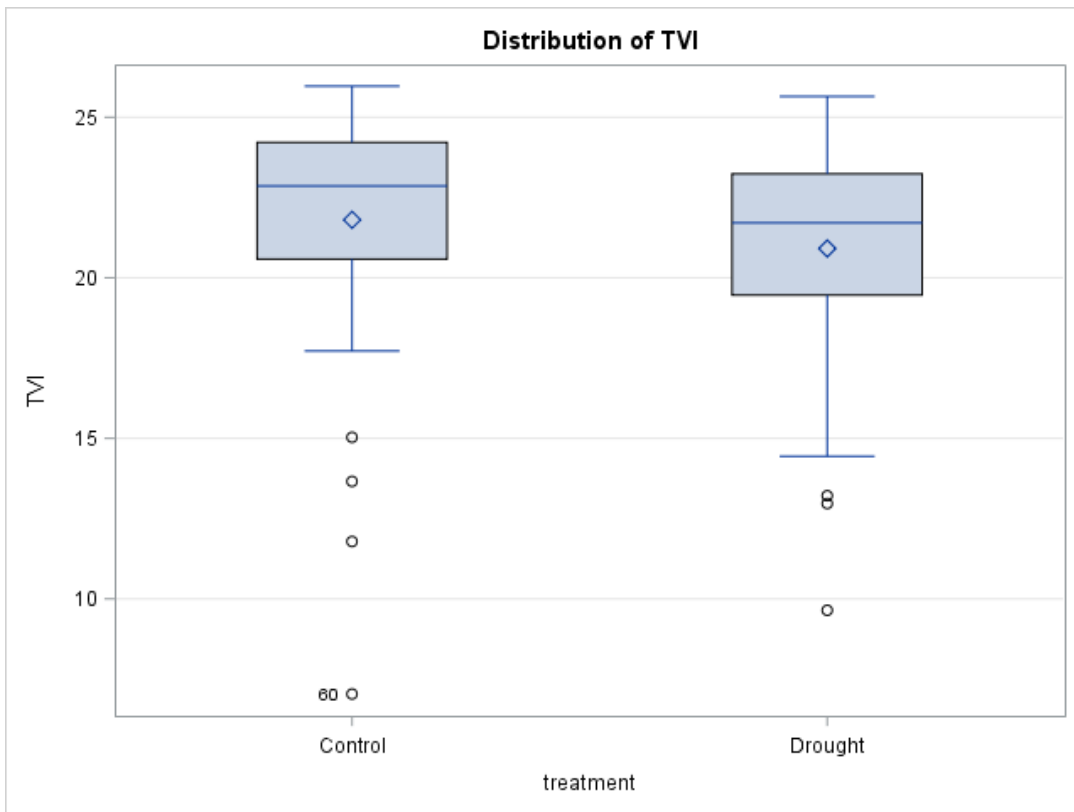
OSAVİ indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



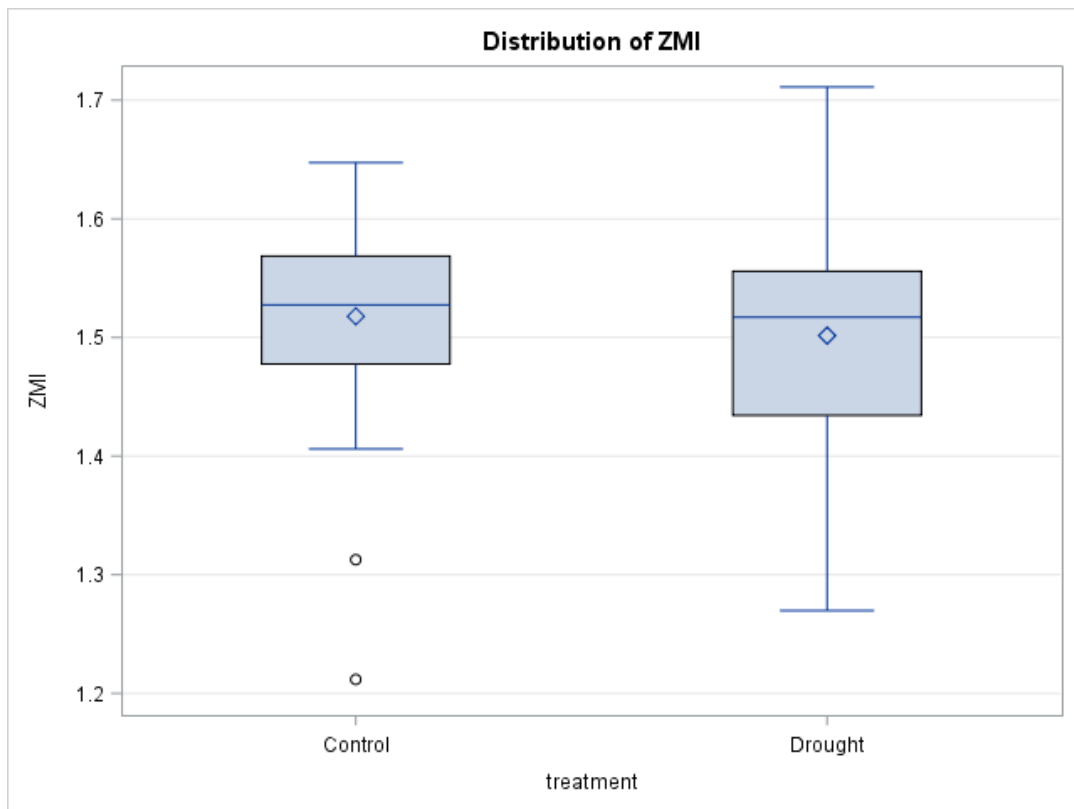
G indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



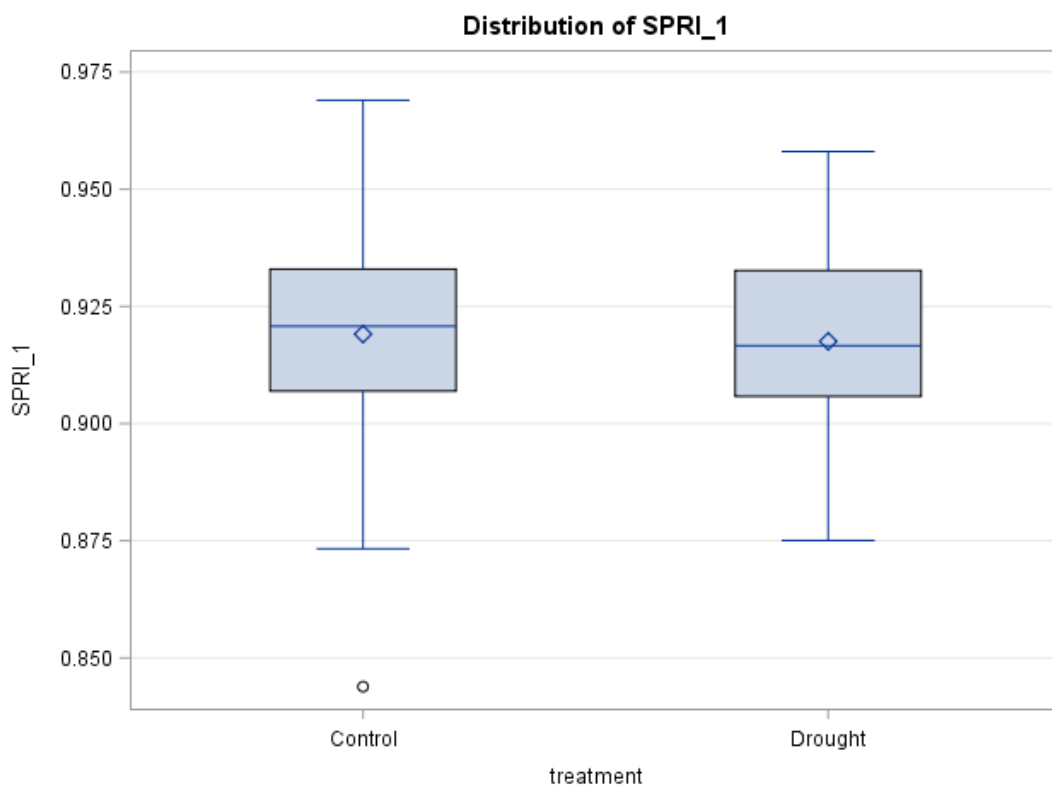
TCARI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



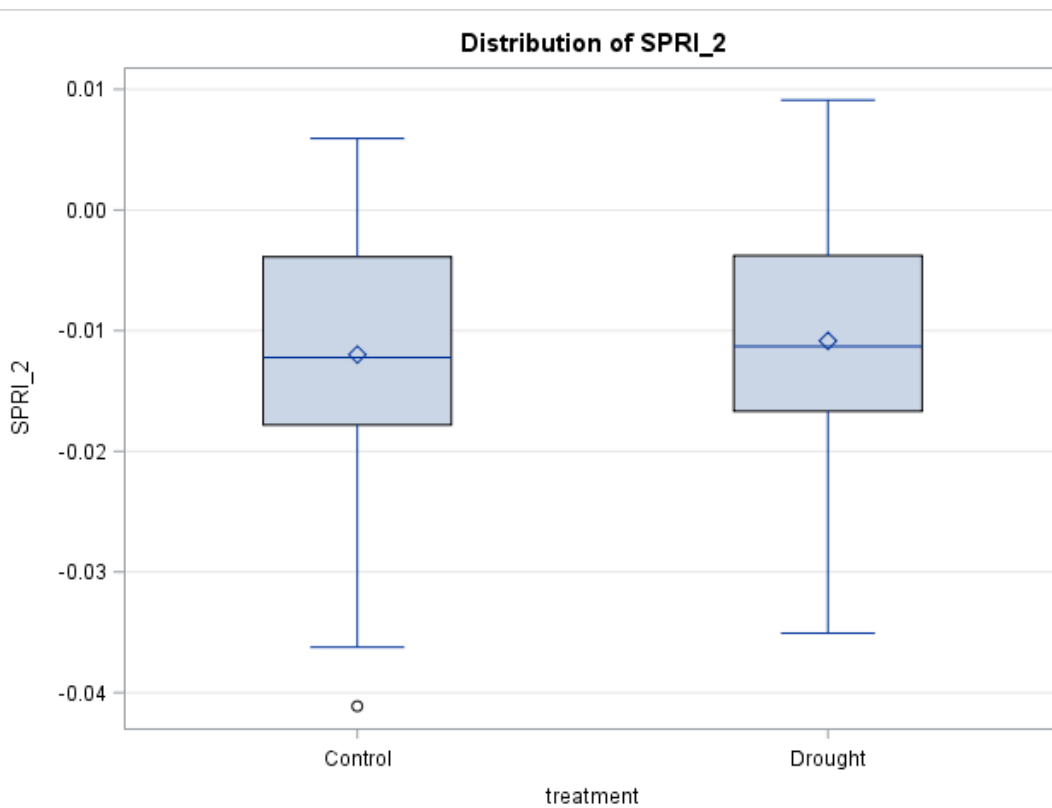
TVI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



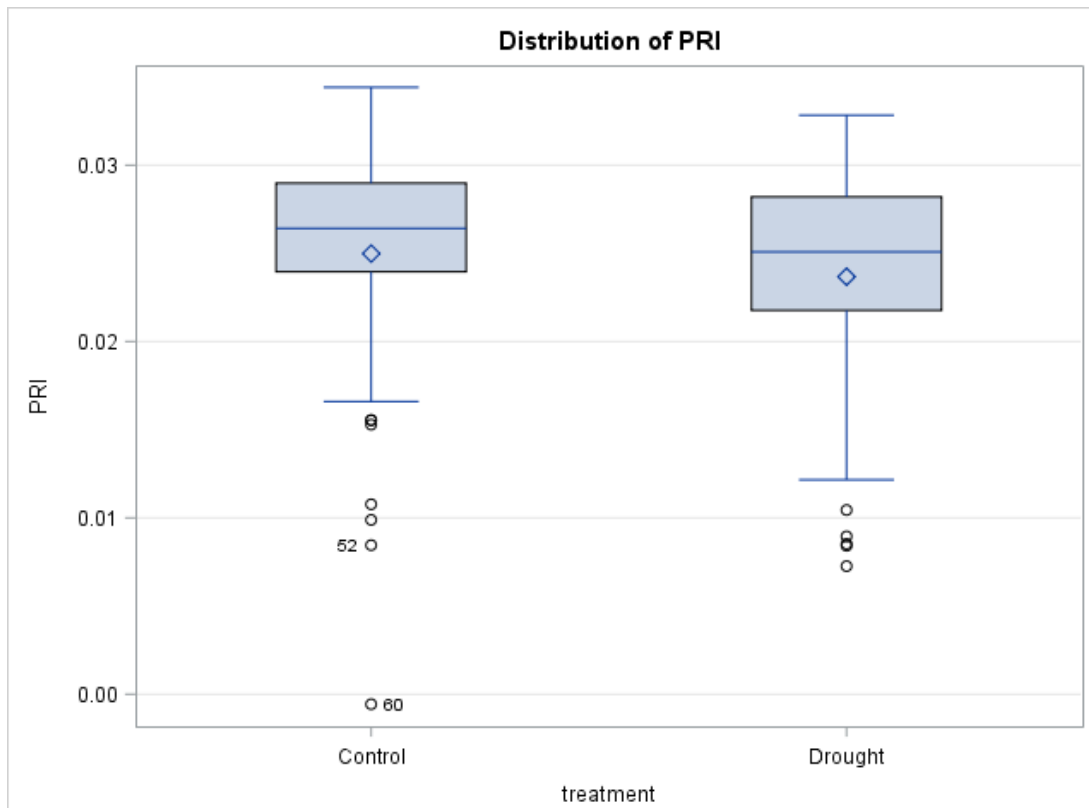
ZMI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



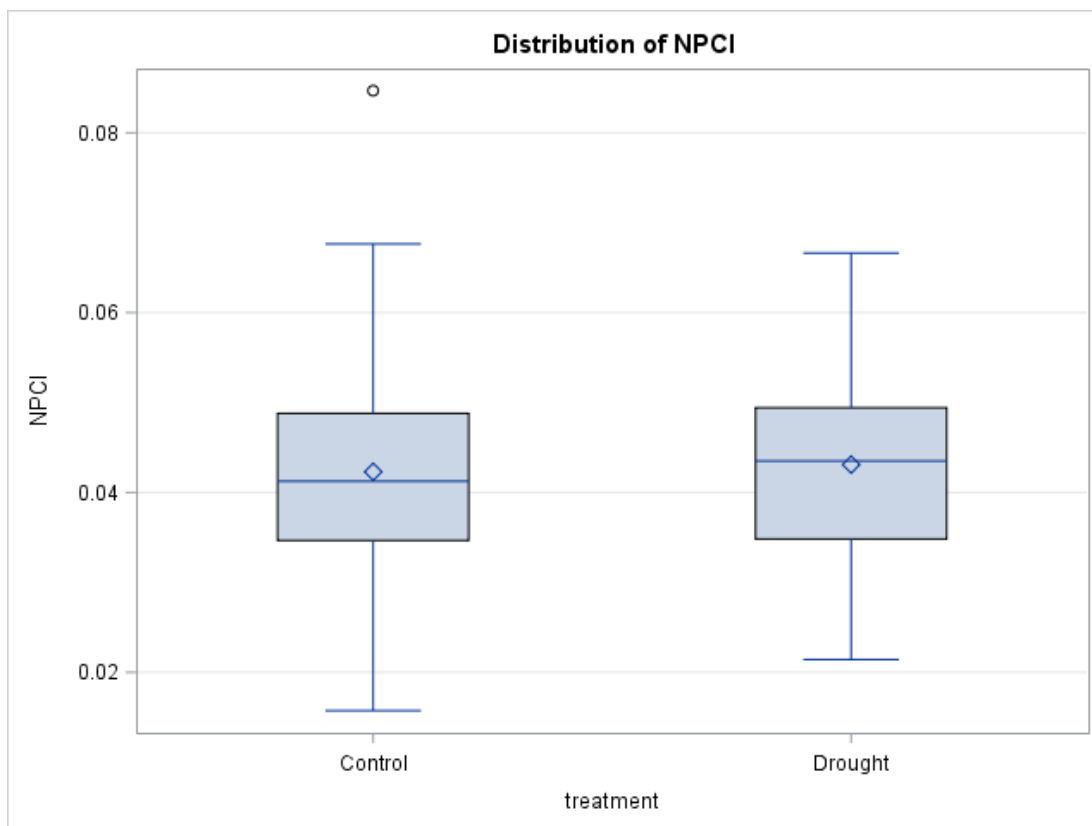
SPRI_1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



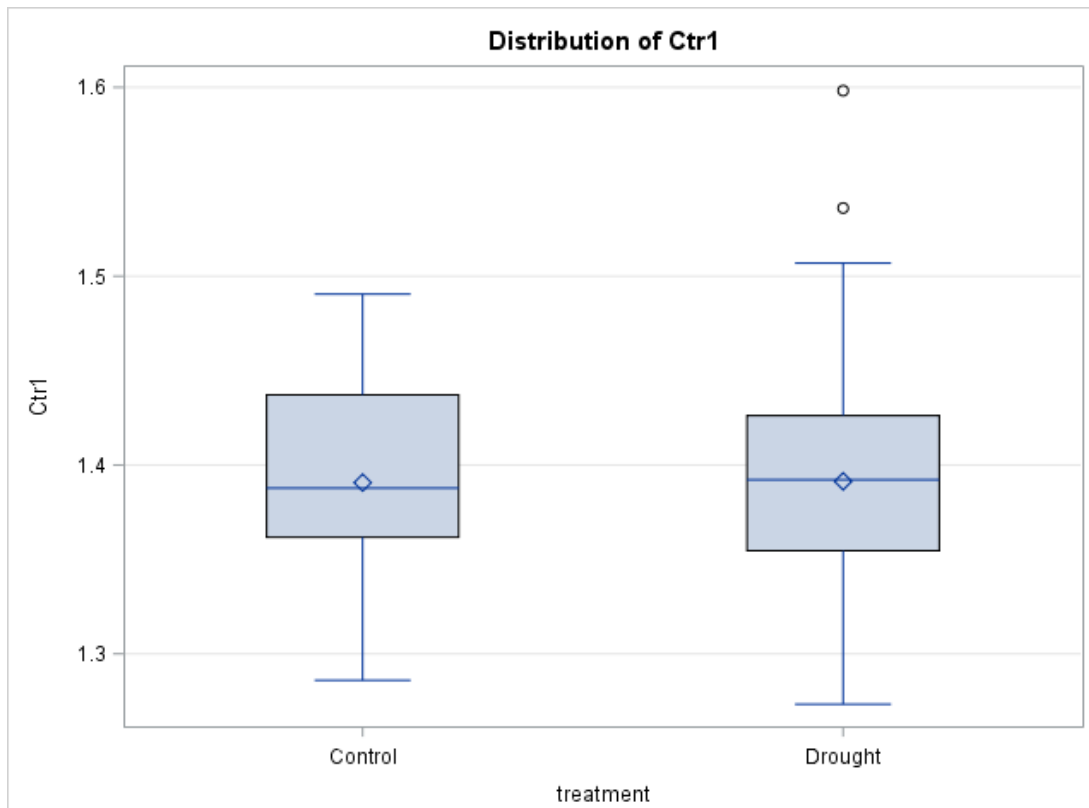
SPRI_2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



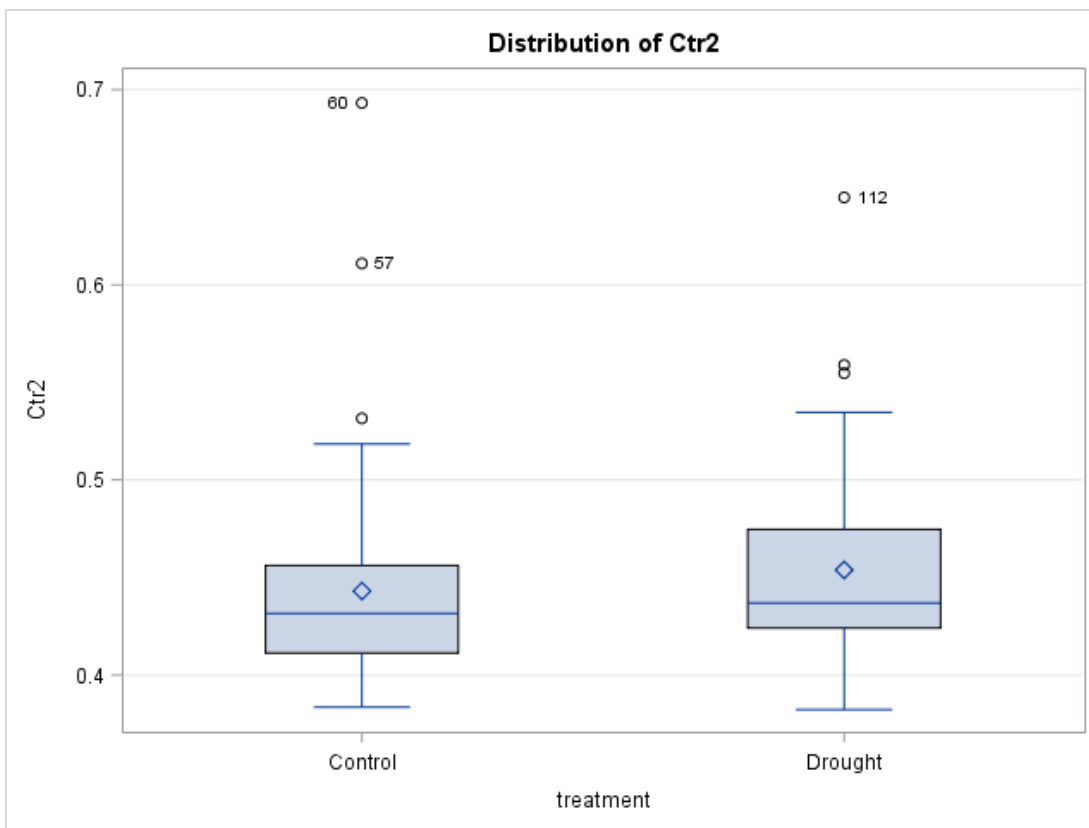
PRI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



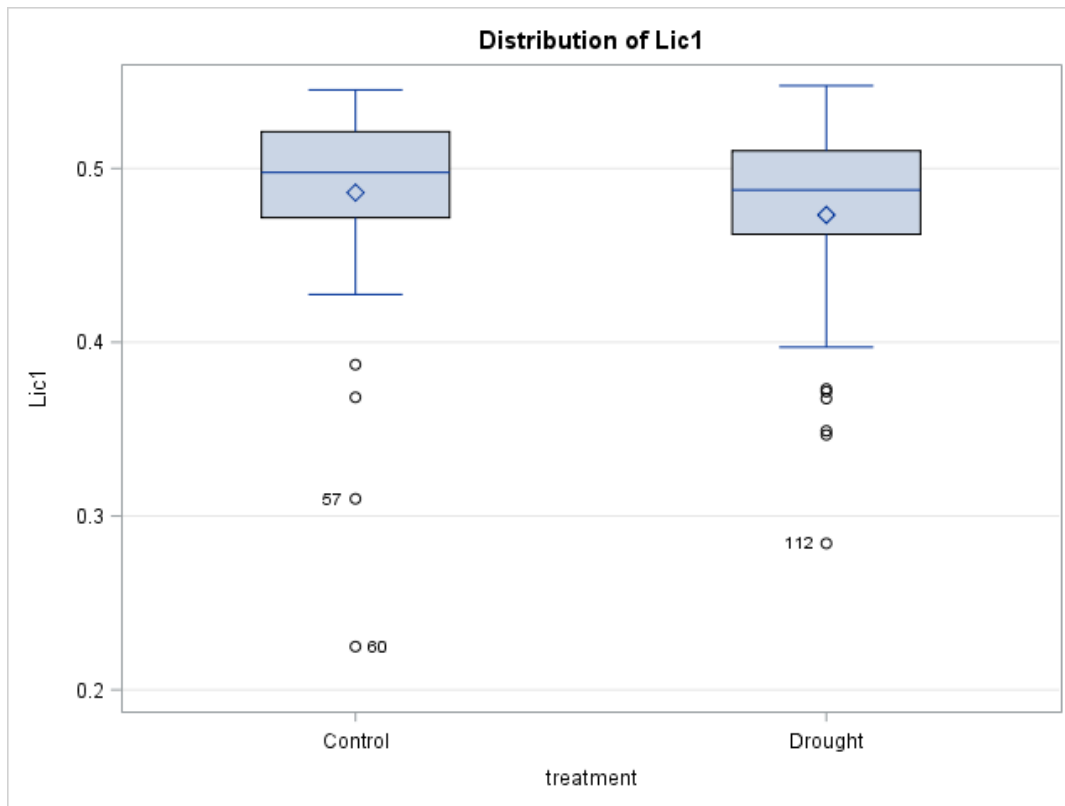
NPCI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



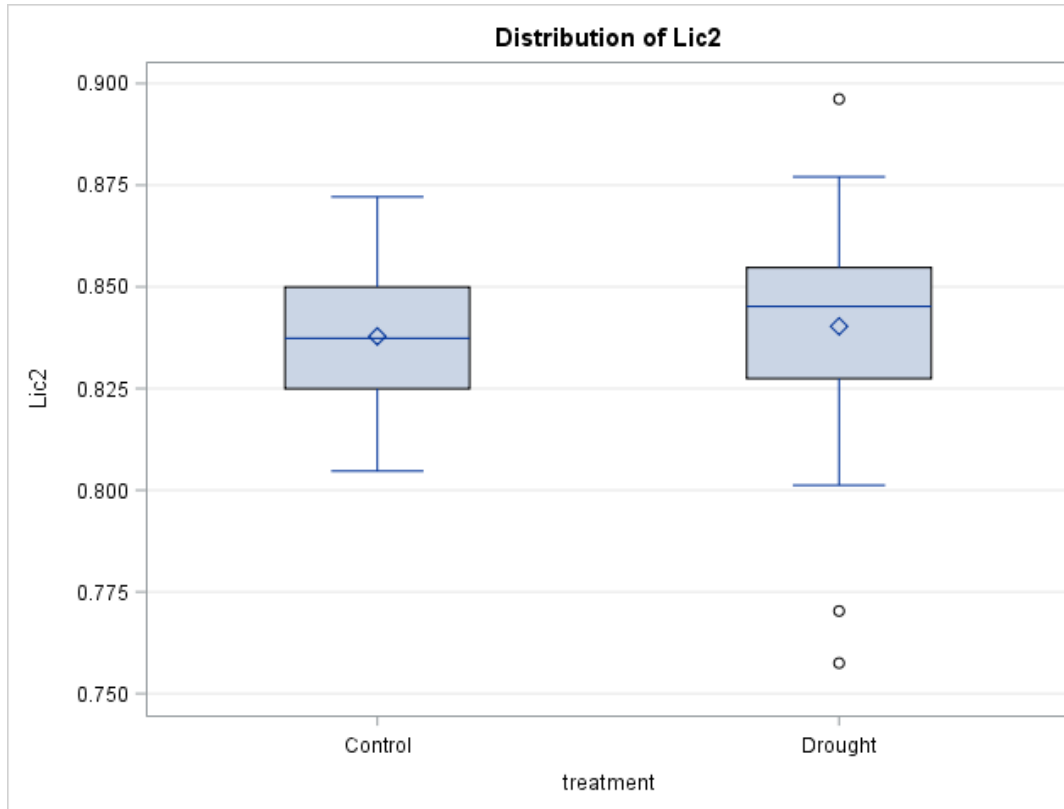
Ctr1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



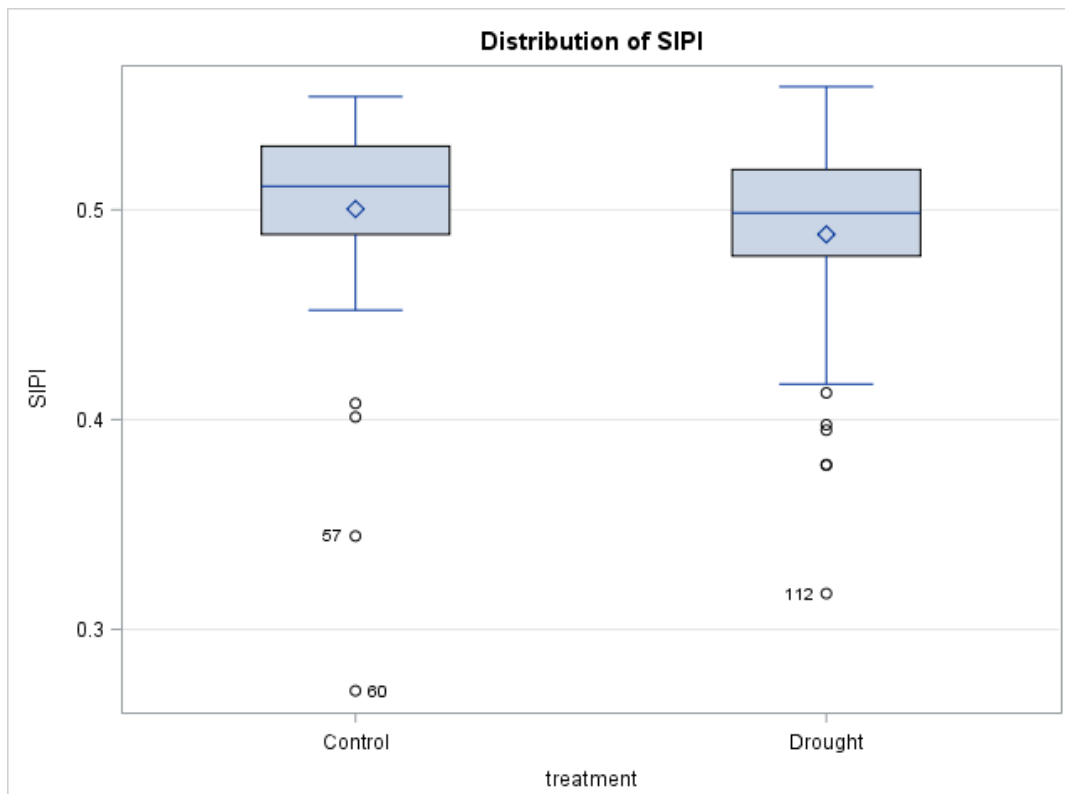
Ctr2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



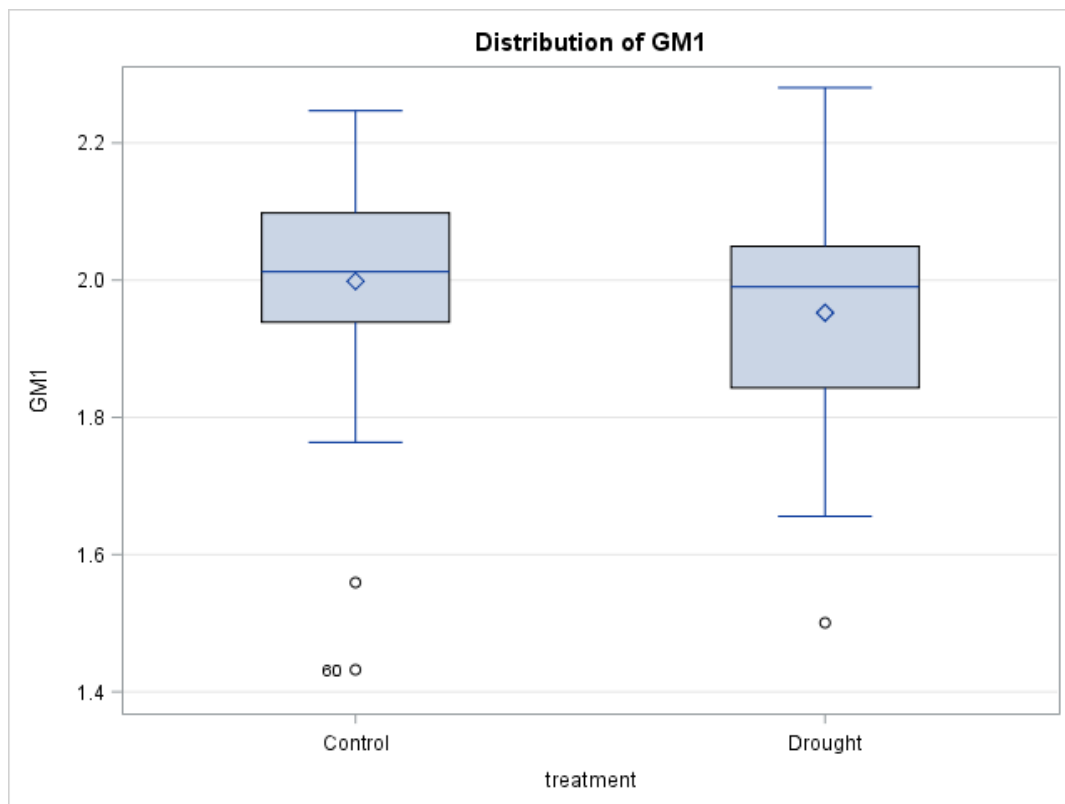
Lic1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



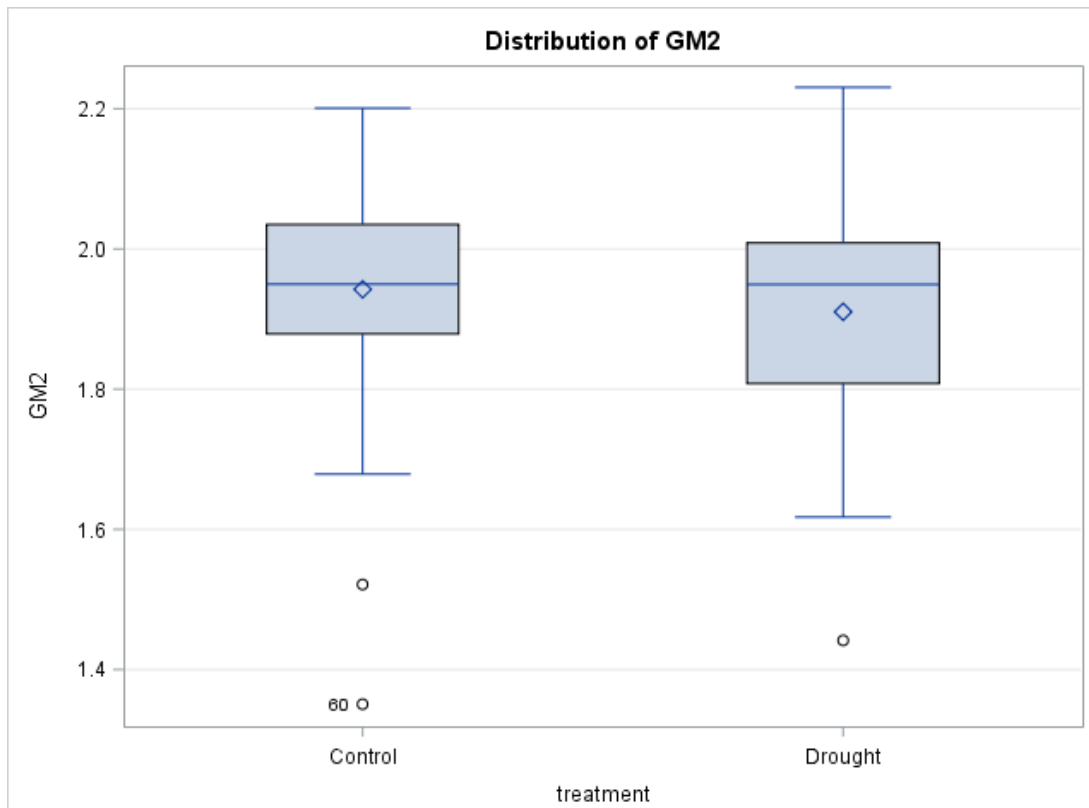
Lic2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



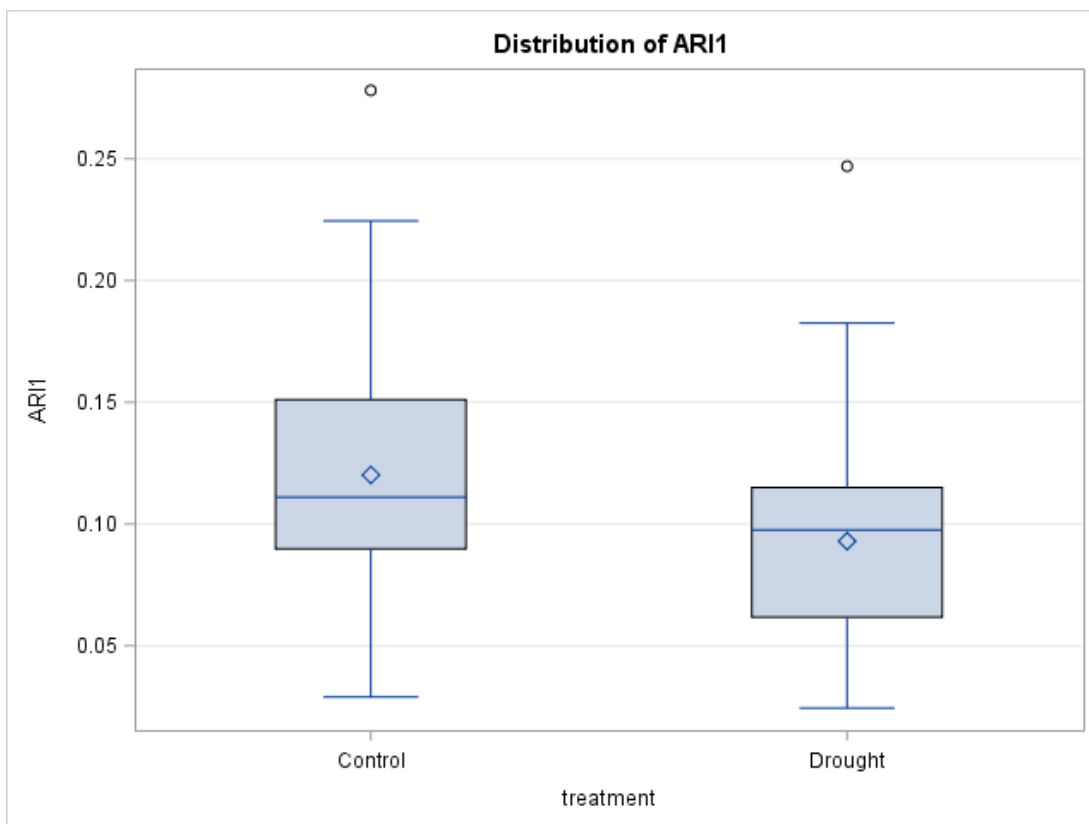
SIPI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



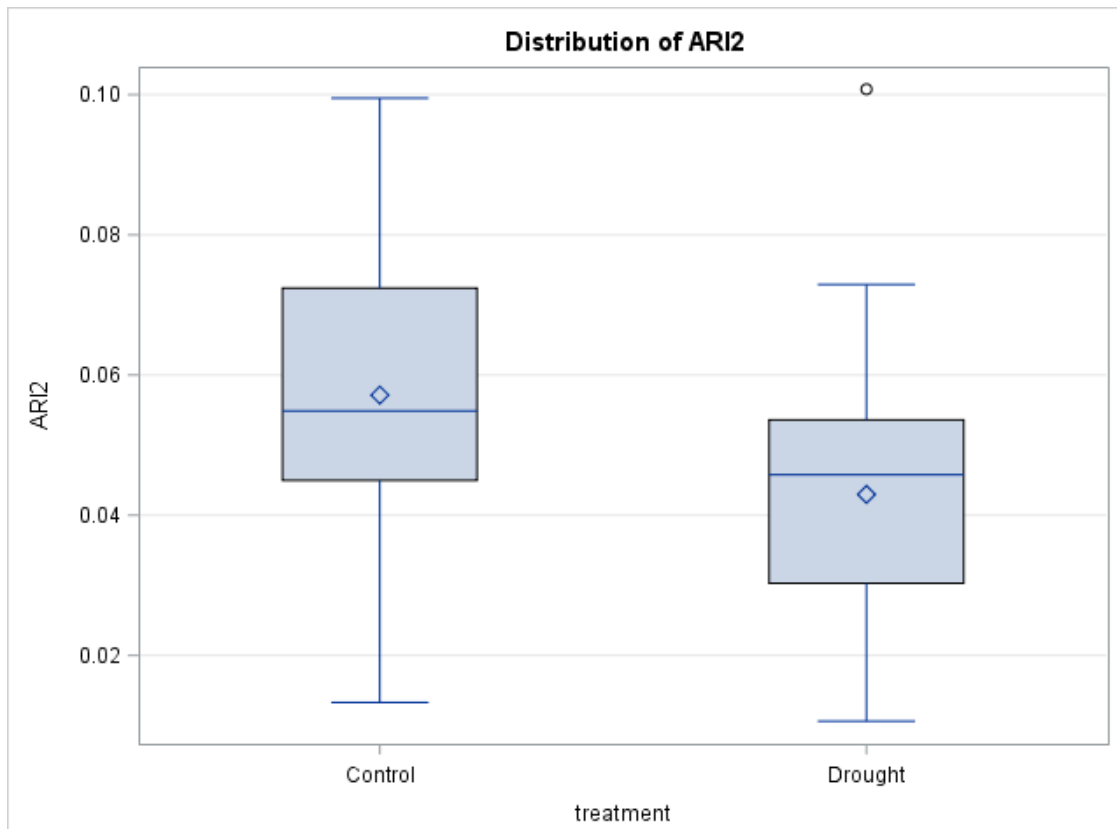
GM1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



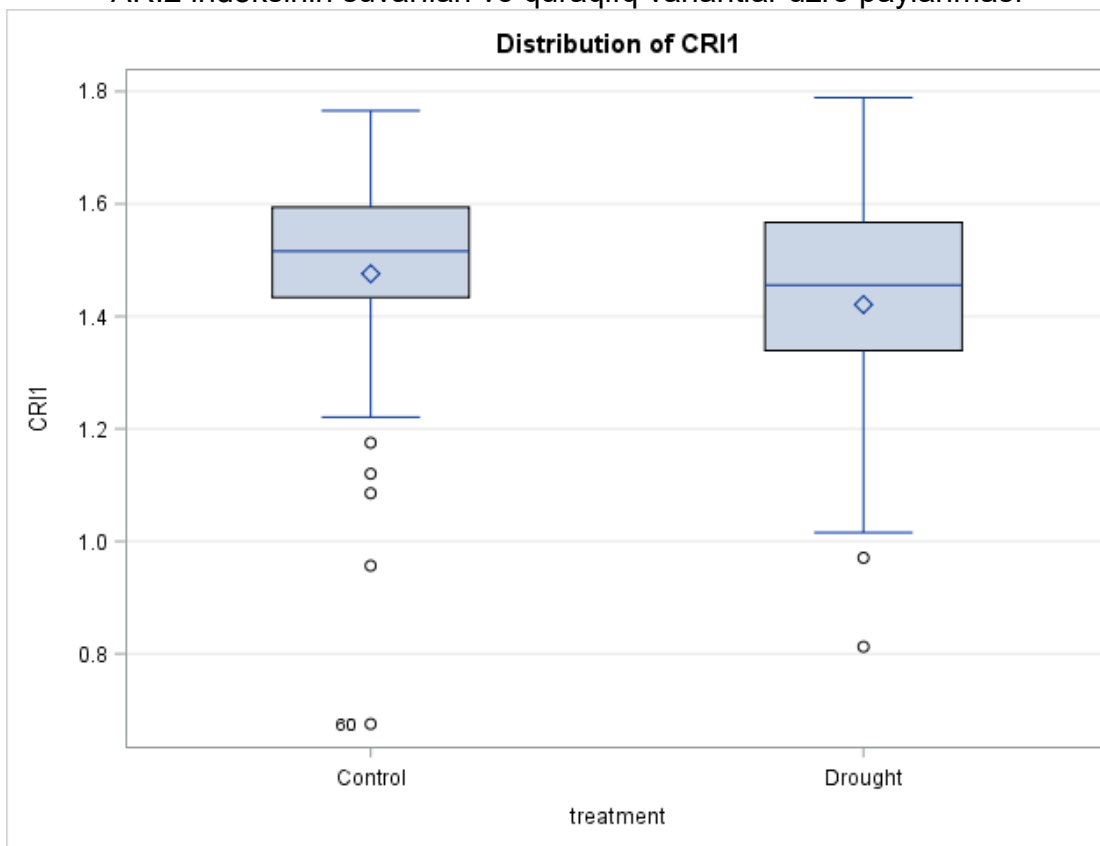
GM2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



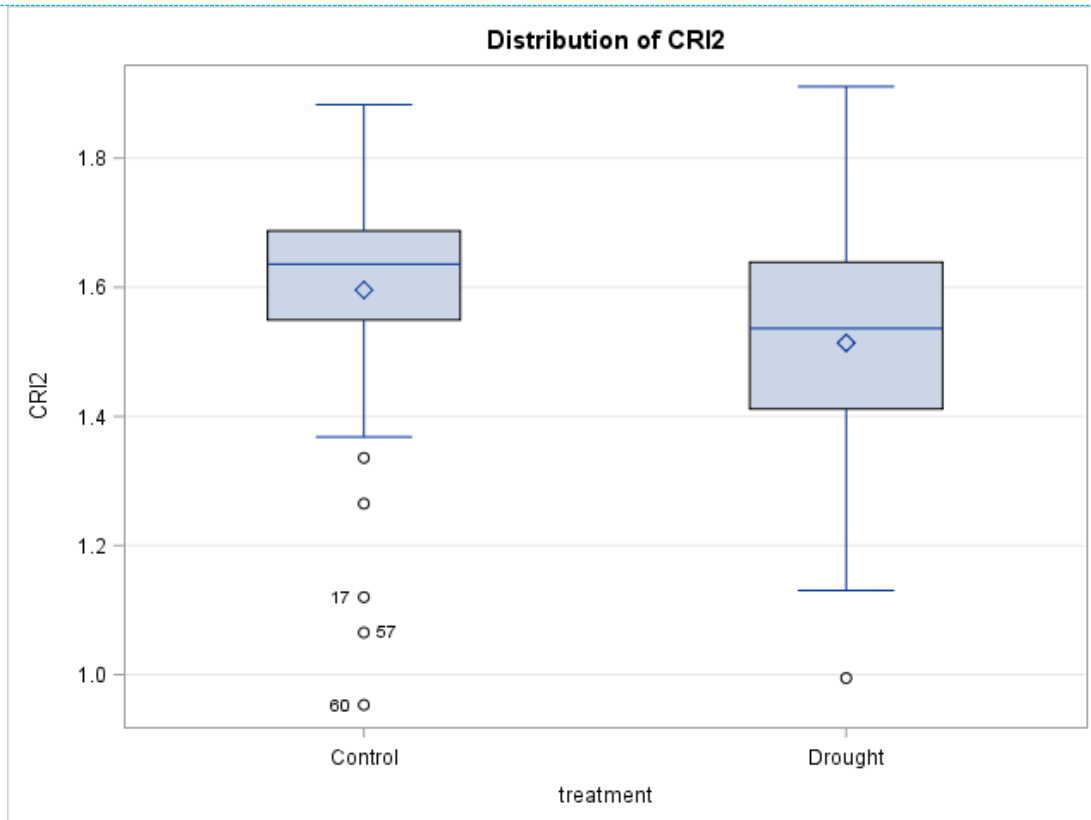
ARI1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



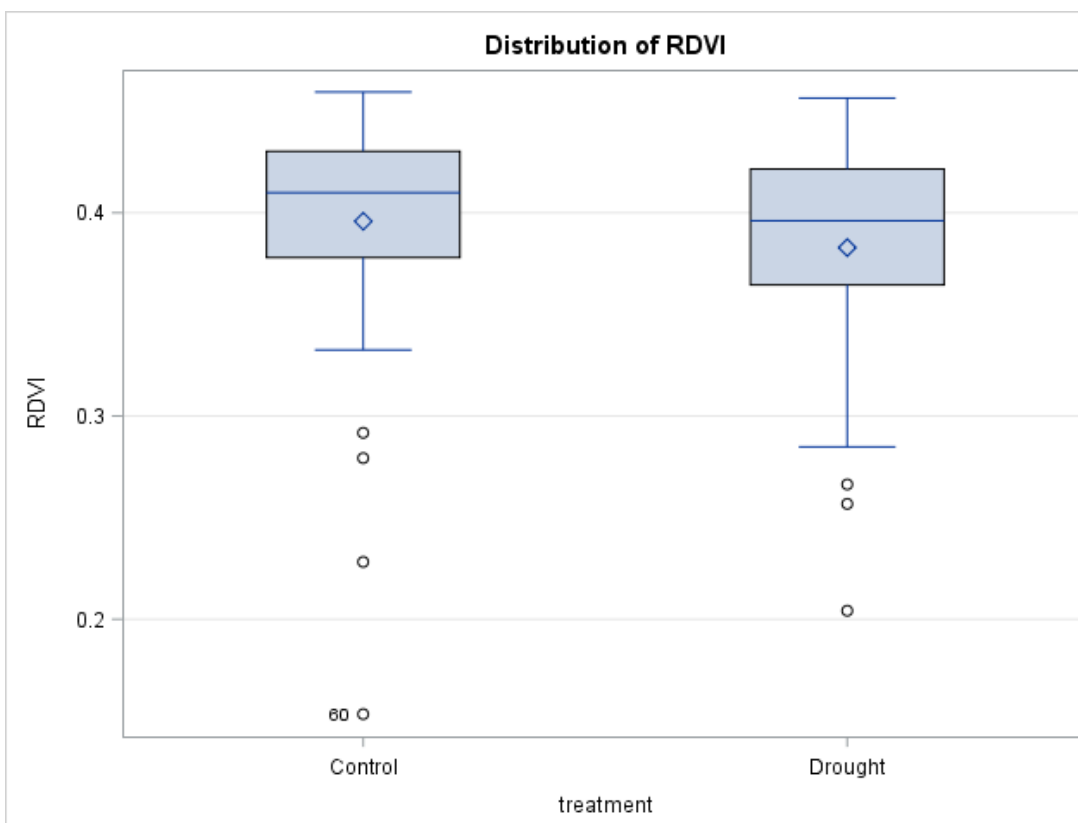
ARI2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



CRI1 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması



CRI2 indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması

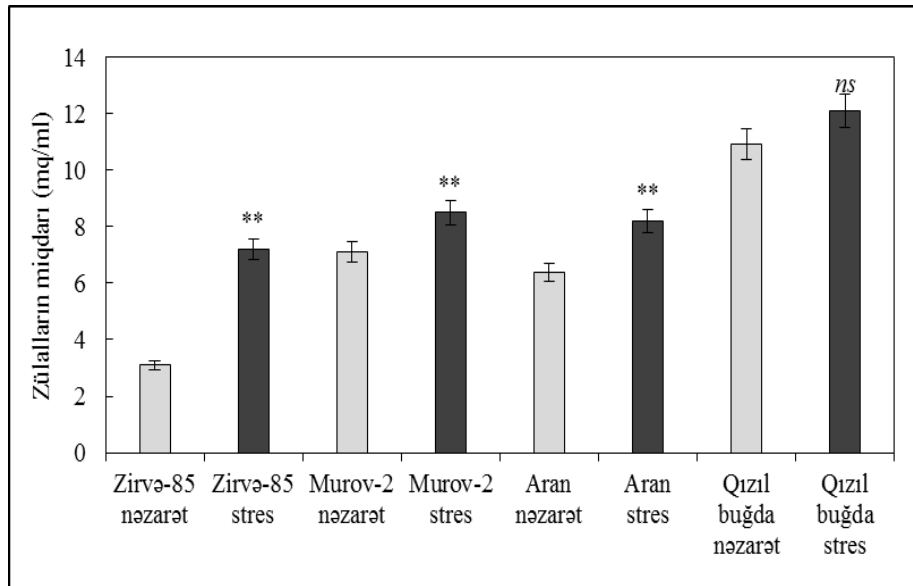


RDVI indeksinin suvarılan və quraqlıq variantlar üzrə paylanması

Buğda cücətilərində normal suvama və quraqlıq stresi şəraitində həll olan **zülalların ümumi miqdarı ölçülmüş, antioksidant müdafiə sisteminin fermentativ komponentlərindən olana qlütationreduktaza (QR) və superoksiddismutaza (SOD) fermentlərinin aktivliyi** təyin olunmuş və izoenzim tərkibi tədqiq olunmuşdur.

Quraqlıq hüceyrə homeostazının pozulmasına və hüceyrələrdə oksigenin fəal formalarının (OFF) generasiyasının artmasına səbəb olur. Hüceyrədə OFF-nin səviyyəsi hüceyrənin özünü müdafiə mexanizmlərinin potensialından artıq olduqda hüceyrələr oksidləşdirici stressə məruz qalırlar. Bu zaman hüceyrədə toplanan OFF-lər bitkinin antioksidant müdafiə sistemi tərəfindən utilizasiya edirlər. Abiotik stres şəraitində davamlı genotiplərdə antioksidant fermentlərin aktivliyi yüksək səviyyədə qalır. Bitkinin stressə cavab reaksiyaları stresin gücündən, davamlılığından və bitkinin növündən asılı olur.

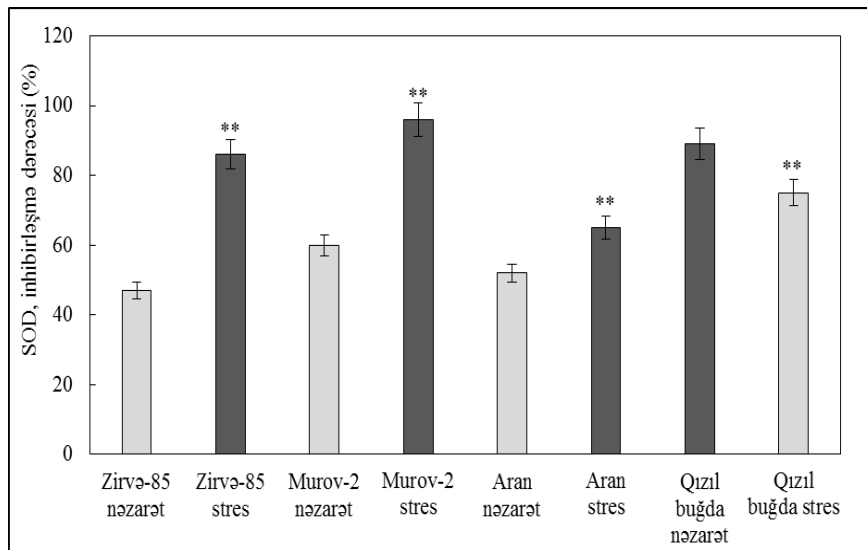
Tədqiq olunan buğda genotiplərinin yarpaqlarında quraqlığın təsirindən həll olan zülalların ümumi miqdarında artım müşahidə olunmuşdur. Bu artımın quraqlıq şəraitində stresslə induksiya olunan zülalların sintezi və stresslə əlaqəli zülalları kodlaşdıran genlərin ekspressiyasının güclənməsi hesabına baş verdiyi ehtimal olunur. Suvarılan variantla müqayisədə quraqlıq variantlarında həll olan zülalların ümumi miqdarı Zirvə-85 genotipində 2.3 dəfə, Murov-2-də 1.2 dəfə, Aran-da 1.3 dəfə, Qızıl buğdada isə 1.1 dəfə artmışdır. Qızıl buğda genotipində statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə olunmamışdır.



Quraqlığa davamlılığına görə fərqlənən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında həll olan zülalların miqdarı

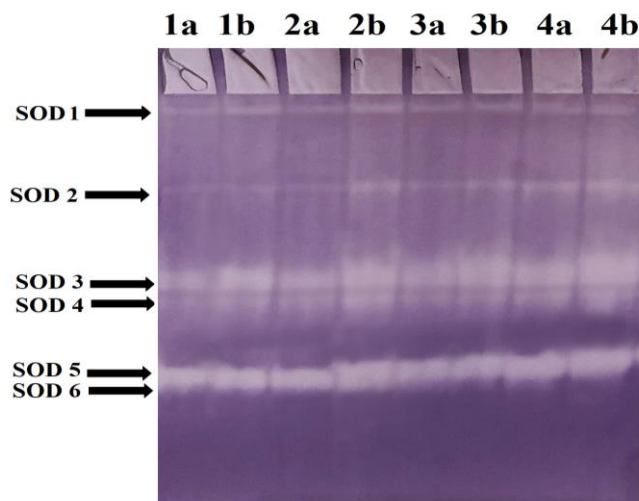
Metalferment ailəsinə mənsub olan superoksiddismutaza (SOD) OFF-nin yaratdığı oksidləşdirici stresi aradan qaldıran ilkin müdafiə xəttini əmələ gətirir və fəal oksigen yaranan əksər hüceyrə kompartimentlərində mövcuddur. SOD superoksid radikalının hidrogen peroksiddə və sərbəst oksigenə çevrilməsini kataliz edir. Bizim analizlər göstərmişdir ki, quraqlıq zamanı tədqiq olunan genotiplərdə superoksiddismutazanın fəallığında statistik əhəmiyyətli dəyişikliklər müşahidə olunmuşdur. Belə ki, 3 genotipdə inhibirləşmə dərəcəsinə

görə fermentin fəallığı artmış (Zirvə-85 – 39%, Murov-2 –36%, Aran – 13%), 1 genotipdə isə əksinə nəzarətlə müqayisədə azalma (Qızıl buğda – 14%) müşahidə olunmuşdur.



Quraqlığa davamlılığına görə fərqlənən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında superoksiddismutaza (SOD) fermentinin fəallığı

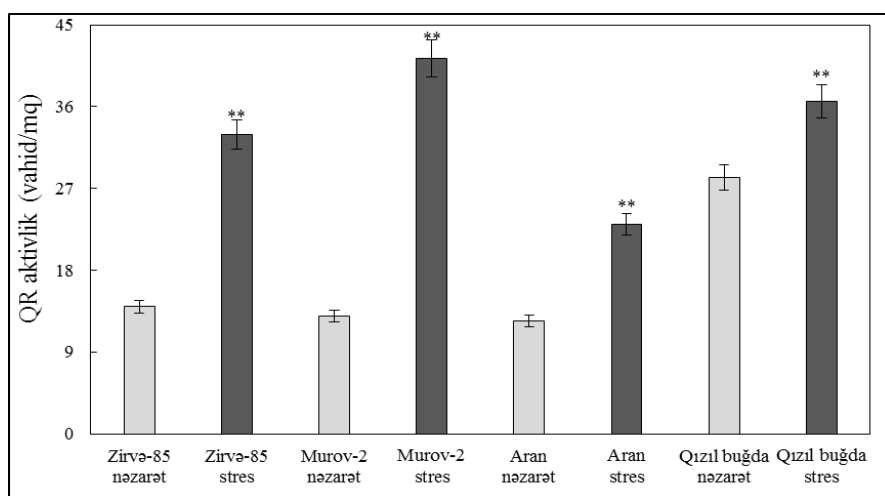
Superoksiddismutazain izoenzim tərkibinin elektroforetik analizi zamanı elektroforeqramda fermentin 6 izoformas - ağır molekul kütləli 1 izoforma (SOD1), orta molekul kütləli 1 izoforma (SOD2), yüngül molekul kütləli 4 izoforma (SOD3, SOD4, SOD5, SOD6) müşahidə olunmuşdur. Quraqlıq zamanı yüngül molekul kütləli izoformaların (SOD3, SOD5, SOD6) intensivliyində artım müşahidə olunmuşdur.



Süni iqlim kameralarında becərilən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında superoksiddismutaza fermentinin izoenzim tərkibi. 1 – Zirvə-85, 2 – Murov-2, 3 – Aran; 4 – Qızıl buğda; a – suvarılan variant, b – quraqlıq variant

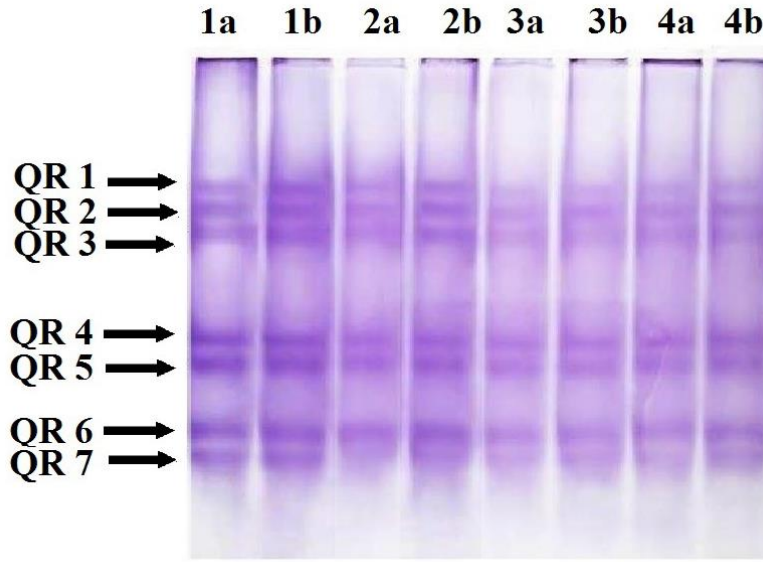
Qlütationreduktaza fermenti reduksiyaedici kimi NADPH-dan istifadə edərək qlütationun

oksidləşmiş formasını (GSSG) reduksiya olunmuş formaya (GSH) çevirən və tərkibində disulfid qrupu saxlayan flavoproteid oksidoreduktazalar sinfinə mənsub fermentdir. Askorbat-qlütation tsiklinin əsas fermenti olan QR GSSG-də disulfid əlaqələrin yaranmasını kataliz edərək, hüceyrədə GSH/GSSG nisbətinin qorunmasında mühüm rol oynayır. Ətraf mühitin əlverişsiz şəraiti və xüsusən də quraqlıq zamanı qlütationreduktaza yüksək fəallıq göstərir. Bizim analizlərdə quraqlığın təsirindən fermentin fəallığı kontrol variantla (normal suvarılan) müqayisədə 3 genotipdə statistik əhəmiyyətli dərəcədə artmışdır (Zirvə-85 – 2,4 dəfə, Murov-2 – 3,2 dəfə, Aran – 1,9 dəfə), 1 genotipdə isə artım cüzi (Qızıl buğda – 1,3 dəfə) olmuşdur.



Quraqlığa davamlılığına görə fərqlənən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında qlütationreduktaza fermentinin fəallığı

Qlütationreduktazanın izoenzim tərkibinin elektroforetik analizi zamanı elektroforeqramda fermentin 7 izoformasını müşahidə olunmuşdur: orta molekullu 3 izoforma (QR1, QR2, QR3) və yüngül molekullu 4 izoforma (QR4, QR5, QR6, QR7). Quraqlıq zamanı orta molekullu izoformaların intensivliyində artım müşahidə olunmuşdur ki, bu da quraqlığın təsirindən bu zülalları kodlaşdıran genlərin ekspressiyasının güclənməsi ilə əlaqədar ola bilər.



Süni iqlim kameralarında becərilən yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında qlütationreduktaza fermentinin izoenzim tərkibi. 1 – Zirvə-85, 2 – Murov-2, 3 – Aran; 4 – Qızıl buğda; a – suvarılan variant, b – quraqlıq variant

Beləliklə, bitkinin antioksidant müdafiə sisteminin stresə cavab reaksiyalarının analizinə əsasən tədqiq olunan bitkilərdən Zirvə-85, Murov-2 sortları davamlı, Aran sortu orta davamlı, Qızıl buğda isə quraqlığa həssas sort kimi xarakterizə olunmuşdur.

Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarından **aspartataminotransferaza (ASAT) və alaninaminotransferaza (ALAT) fermentlərinin fəallığının subhüceyrə fraksiyalarında paylanması** tədqiq edilmişdir. Götürülən yumşaq buğda genotiplərində ASAT-ın ən yüksək fəallığı mitoxondri fraksiyasında müşahidə edilmişdir. Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin quraqlıq variantlarında bütün subhüceyrə fraksiyalarında ASAT-nın fəallığı yüksək olmuşdur. Zirvə-85 genotipinin mitoxondri fraksiyalarında ASAT-ın fəallığının faizlə nisbətində quraqlığın təsirindən heç bir dəyişkənlik baş verməyə də, stresə məruz qalmış bitkilərin sitozol fraksiyasında fermentin faizlə nisbəti azalmış, xloroplast fraksiyasında isə əksinə olaraq, yüksəlmişdir. Zirvə-85 və Aran genotiplərinin quraqlıq stresinə məruz qalmış nümunələrin sitozol fraksiyasında ASAT-ın fəallığı suvarılan variantla eyni, Murov -2 sortunda isə 1,3 dəfə yüksək olmuşdur. Sitozol ASAT fermenti bir sıra məlik mexanizmlərdə, substratların və reduksiyaedici ekvivalentlərin sitoplazma ilə digər hüceyrə orqanoidləri arasında mübadiləsində iştirak edir. Zirvə-85 genotipinin xloroplast fraksiyasında ASAT fəallığı ~1,7 dəfə, Murov-2 genotipində isə ~2,0 dəfə yüksəlmişdir. Aran və Qızıl buğda genotiplərinin quraqlıq stresinin təsirinə məruz qalmış bitki nümunələrindən ayrılmış bütün subhüceyrə fraksiyalarında fermentlərin fəallığında azalma müşahidə edilmişdir. Belə ki, Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarından ayrılmış xloroplast və sitozol fraksiyalarında ASAT-ın fəallığı ~0,7 dəfə, mitoxondri fraksiyasında isə ~0,9 dəfə azalmışdır. Murov-2 genotipinin quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarında fermentin subhüceyrə paylanması xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında 13,7%, 33,7% və 52,6%-ə bərabər olmuşdur.

Buğda yarpaqlarının subhüceyrə fraksiyalarında ASAT fəallığının subhüceyrə paylanması

| Genotiplər | Variant Variant | Subhüceyrə fraksiyaları | | | | | |
|-------------|--------------------|-------------------------|------|-------------|------|-------------|------|
| | | Xloroplast | | Sitozol | | Mitoxondri | |
| | | EU/mg zülal | % | EU/mg zülal | % | EU/mg zülal | % |
| Zirvə-85 | K | 0,34±0,05 | 9,9 | 1,269±0,1 | 37,0 | 1,82±0,3 | 53,1 |
| | Q | 0,57±0,06 | 13,8 | 1,322±0,2 | 32,0 | 2,24±0,7 | 54,2 |
| Murov-2 | K | 0,46±0,01 | 8,7 | 1,72±0,15 | 32,8 | 3,07±0,6 | 58,5 |
| | Q | 0,94±0,08 | 13,7 | 2,30±0,2 | 33,7 | 3,58±0,6 | 52,6 |
| Aran | K | 0,121±0,01 | 2,3 | 1,72±0,1 | 32,5 | 3,45±0,5 | 65,2 |
| | Q | 0,103±0,01 | 2,5 | 1,59±0,15 | 40,4 | 2,25±0,3 | 57,1 |
| Qızıl buğda | K | 0,32±0,03 | 5,91 | 1,72±0,19 | 31,8 | 3,37±0,5 | 62,3 |
| | Q | 0,24±0,04 | 6,1 | 1,14±0,12 | 29,2 | 2,53±0,3 | 64,7 |

Qeyd: K-kontrol, Q-quraqlıq.

Xloroplastlarda lokalizə olunmuş ASAT stres şəraitində əvəz olunmayan aminturşularının, o cümlədən argininin səlfi olan argininsuksinatın və pirimidin nukleotidlərinin sintezində əsas rol oynayır. ASAT hüceyrənin müxtəlif kompartmentləri - sitozol, xloroplast, mitoxondri və peroksisomlar arasında karbon və azot mübadiləsinin tənzimlənməsində mühüm rola malikdir.

Tədqiq edilmiş yumşaq buğda genotiplərinin xloroplast və sitozol fraksiyalarında ALAT fermentinin fəallığının faizlə nisbəti bir-birinə yaxın olmuşdur. Zirvə-85 genotipinin xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında ALAT-nın paylanması uyğun olaraq 12,7%, 5,7% və 81,6% olmuşdur. Quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarda isə fermentin subhüceyrə paylanması xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında 10,9%, 7,0% və 82,1%-ə bərabər qiymət göstərmişdir. Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında fermentin subhüceyrə paylanmasında əsaslı fərqlər olmasa da, quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarda fermentin fəallığı xloroplast fraksiyasında ~1,7 dəfə, sitozol fraksiyasında ~2,5 dəfə, mitoxondri fraksiyasında isə ~2,0 dəfə yüksəlmişdir. Eyni tendensiya Murov-2 genotipində də müşahidə edilmişdir. Quraqlığa həssas genotiplərdə isə fərqli mənzərə müşahidə edilmişdir. Belə ki, Aran və Qızıl buğda genotiplərinin quraqlıq variantların xloroplast fraksiyalarında fermentin fəallığı ~0,7 dəfə, mitoxondri fraksiyalarında isə Aran genotipində ~0,9 dəfə, Qızıl buğdadada isə ~0,5 dəfə azalmışdır.

Buğda yarpaqlarının subhüceyrə fraksiyalarında ALAT fəallığının subhüceyrə paylanması

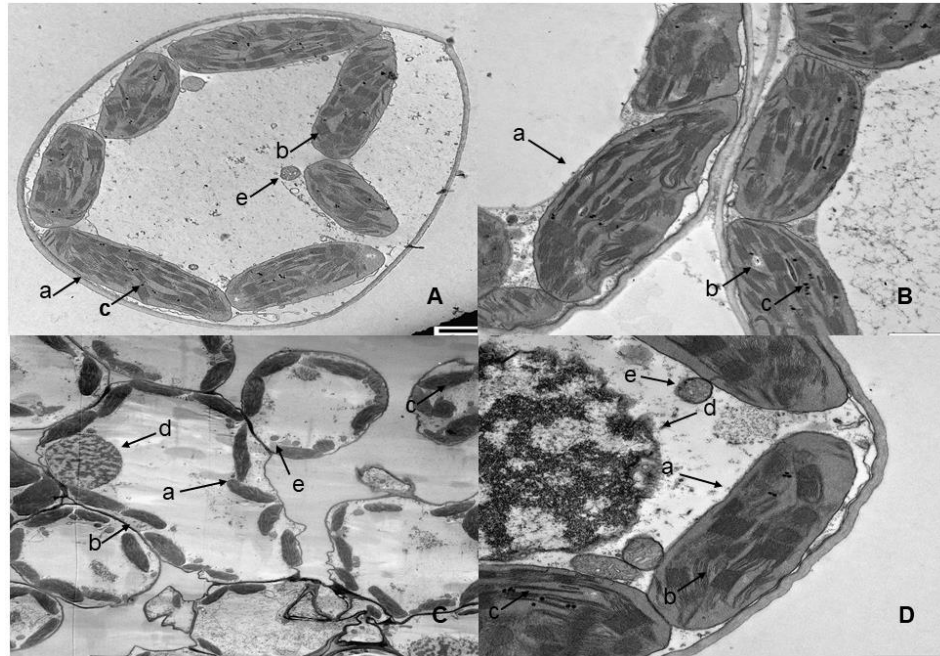
| Genotiplər | Variant | Subhüceyrə fraksiyaları | | | | | |
|------------|---------|-------------------------|------|-------------|-----|-------------|------|
| | | Xloroplast | | Sitozol | | Mitoxondri | |
| | | EU/mg zülal | % | EU/mg zülal | % | EU/mg zülal | % |
| Zirvə-85 | K | 0,201±0,02 | 12,7 | 0,090±0,01 | 5,7 | 1,291±0,2 | 81,6 |
| | Q | 0,346±0,05 | 10,9 | 0,221±0,03 | 7,0 | 2,60±0,1 | 82,1 |
| Murov-2 | K | 0,290±0,02 | 11,2 | 0,14±0,01 | 5,4 | 2,15±0,3 | 83,4 |
| | Q | 0,372±0,05 | 9,8 | 0,293±0,03 | 7,7 | 3,10±0,4 | 82,5 |
| Aran | K | 0,209±0,03 | 14,1 | 0,140±0,02 | 9,5 | 1,13±0,1 | 76,4 |

| | | | | | | | |
|-------------|---|------------|------|------------|------|-----------|------|
| | Q | 0,145±0,02 | 13,2 | 0,127±0,01 | 11,5 | 0,84±0,09 | 75,3 |
| Qızıl buğda | K | 0,231±0,04 | 17,8 | 0,181±0,02 | 13,0 | 0,90±0,06 | 69,2 |
| | Q | 0,168±0,02 | 20,0 | 0,096±0,01 | 1,4 | 0,58±0,05 | 68,6 |

Qeyd: K-kontrol, Q-quraqlıq

Beləliklə, ALAT fəallığının buğda genotiplərinin yarpaqlarının subhüceyrə fraksiyalarında normal suvarma və quraqlıq zamanı lokalizasiyasının analizinə əsasən belə bir nəticəyə gəlmək olar ki, ferment mitoxondri fraksiyasında ən yüksək fəallığa malikdir. Sitozol fraksiyada isə bu ferment ümumi fəallığın təxminən 5-15%-ni təşkil edir. Beləliklə, buğda genotiplərində tədqiq olunan fermentlər mürəkkəb izoferment spektrinə malik olub müxtəlif metabolik proseslərdə, o cümlədən adaptasiya proseslərində, karbonun və enerjinin paylanmasında mühüm rola malikdir.

Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaq mezofil hüceyrələrinin transmissiya elektron mikroqrafiyasının müqayisəli təhlili: On səkkiz günlük yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) cücərtiləri 5 gün müddətinə suvarmanın dayandırılması yolu ilə quraqlığa məruz qalmışdır. Tədqiqat üçün ikiyarpaq mərhələsində olan cücərtilərin tam inkişaf etmiş ilk yarpağı mezofil hüceyrələrinin ultrastruktur analizi üçün istifadə olunmuşdur. Tədqiq edilən dörd genotipin suvarılan variantlarının xloroplastları uzunsov, oval ölçüyə malik olduğu müşahidə edilmişdir.

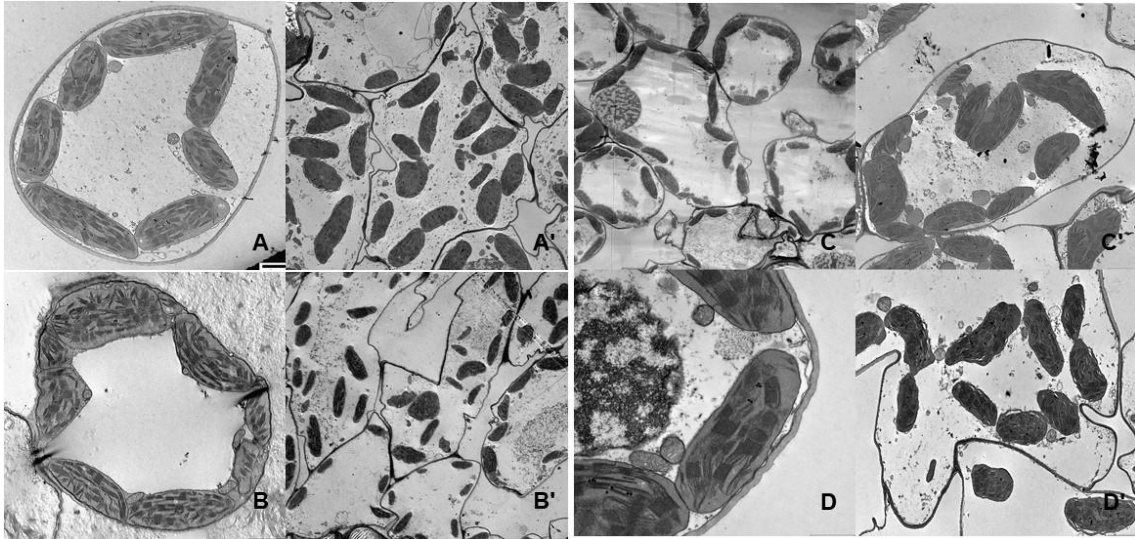


Normal suvarma şəraitində yetişdirilən Zirvə-85 – A, Murov-2 – B, Aran – C, Qızıl buğda – D genotiplərinin yarpaq mezofil hüceyrələrinin transmissiya elektron mikroqrafiyası. A-xloroplastlar, b-tilakoidlər, c-plastoqlobulinlər, d-nüvə, e-mitoxondri

Şəkildən də görüldüyü kimi, xloroplastlar aydın görünən, nisbətən hamar qranal və uzun stromal tilakoidlərdən ibarət yaxşı inkişaf etmiş daxili membran sistemində malikdirlər.

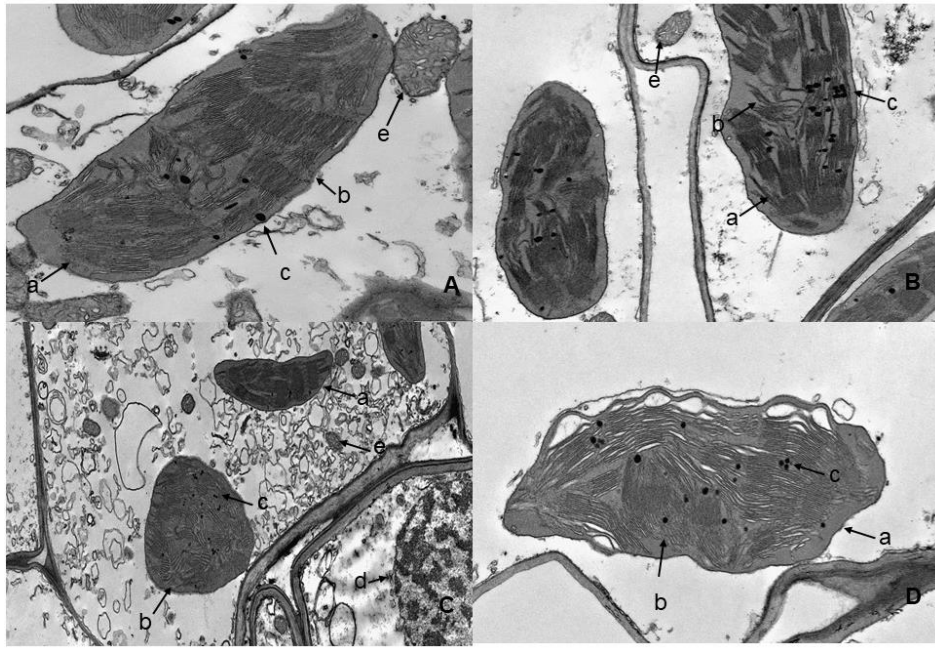
Həmçinin plastoqlobulinlərə nisbətən az rast gəlinir. Xloroplastlar iki lipoproteid membrandan ibarət zərif qatla əhatələnmişdir. Daxilində nisbətən eynicinsli stroma lamellərlə bölünmüş vəziyyətdədir. Lamellər isə öz növbəsində bir-biri ilə birləşərək qabarcıqlar – tilakoidlər əmələ gətirirlər. Onlar isə öz növbəsində bir-birinə sıxlaşaraq qranlar yaradırlar ki, onları işıq mikroskopu altında da görmək mümkündür. Qranlar bir və ya bir neçə yerdən bir-biri ilə qranlar arası saplarla yaxud stroma tilakoidləri vasitəsilə birləşir.

Güclü quraqlıq səbəbindən mezofil hüceyrələrinin ultrastrukturunu dağılır və bu xloroplastların membran sistemlərinin dağılması, qranların şişməsi, bir-birinin arasında əlaqənin itməsi ilə nəticələnir. Quraqlığın təsirindən xloroplastların daxilindəki mütəşəkillik itir.



Normal suvarma və quraqlıq şəraitində yetişdirilən Zirvə-85 – **A-A'**, Murov-2 – **B-B'**, Aran – **C-C'**, Qızıl buğda – **D-D'** genotiplərinin yarpaq mezofil hüceyrələrinin müqayisəli transmissiya elektron mikroqrafiyası

Bir çox ədəbiyyatlarda yarpaq hüceyrə orqanoidlərinin quraqlığa davamlı genotiplərdə daha stabil olması qeyd olunur. Bizim apardığımız tədqiqatlar zamanı quraqlığın təsirindən yarpaq hüceyrələrinin daxilində mütəşəkillik pozulur, Aran (A, A') və Qızıl buğda (D, D') genotiplərində hətta membranların tamlığının pozulması, mitoxondrilərin parçalanması, plastoqlobulinlərin sayının suvarılan variantla müqayisədə artması müşahidə olunur.



Quraqlıq şəraitində yetişdirilən Zirvə-85 – **A**, Murov-2 – **B**, Aran – **C**, Qızıl buğda – **D** genotiplərinin yarpaq mezofil hüceyrələrinin transmissiya elektron mikroqrafiyası. A-xloroplastlar, b-tilakoidlər, c-plastoqlobulinlər, d-nüvə, e-mitoxondri

Beləliklə, elektron mikroskopunun nəticələrinin təhlili göstərir ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin fotosintetik aparatı quraqlığın təsirindən digər iki genotipe nisbətən daha az təsire məruz qalır.

Stresə davamlılığına görə fərqlənən buğda genotiplərindən 3D xromosomunda yerləşən DREB geni sekvens edilərək *in silico* analizlər aparılmışdır. Buğdanın quraqlığa davamlılığa daha cavabdeh hesab olunan D genomu üçün spesifik SNP-ləri aşkar etmək məqsədilə EnsemblGenomes Verilənlər Bazasında BLASTn komandası həyata keçirilməklə ChinesSpring yumşaq buğdanın (*Assembly IWGSC*) A, B və D genomlarında lokalizasiya olunmuş DREB geninin FASTA formatında məlumatları yüklənmiş və MAFFT version 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) multi alignment proqramının köməyiylə müqayisəli analiz edilmişdir. Yalnız D genomu üçün spesifik olan SNP-lər təyin edilərək sekvens üçün praymerlər dəstinin dizayn edilməsində istifadə edilmişdir.

SeqBuilder Pro - [Genomic_DREB.sbd]

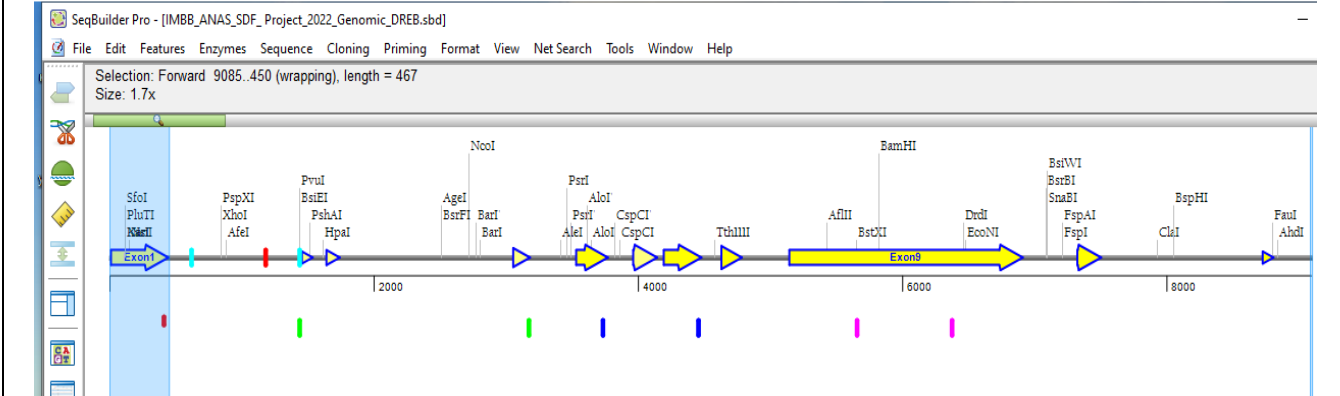
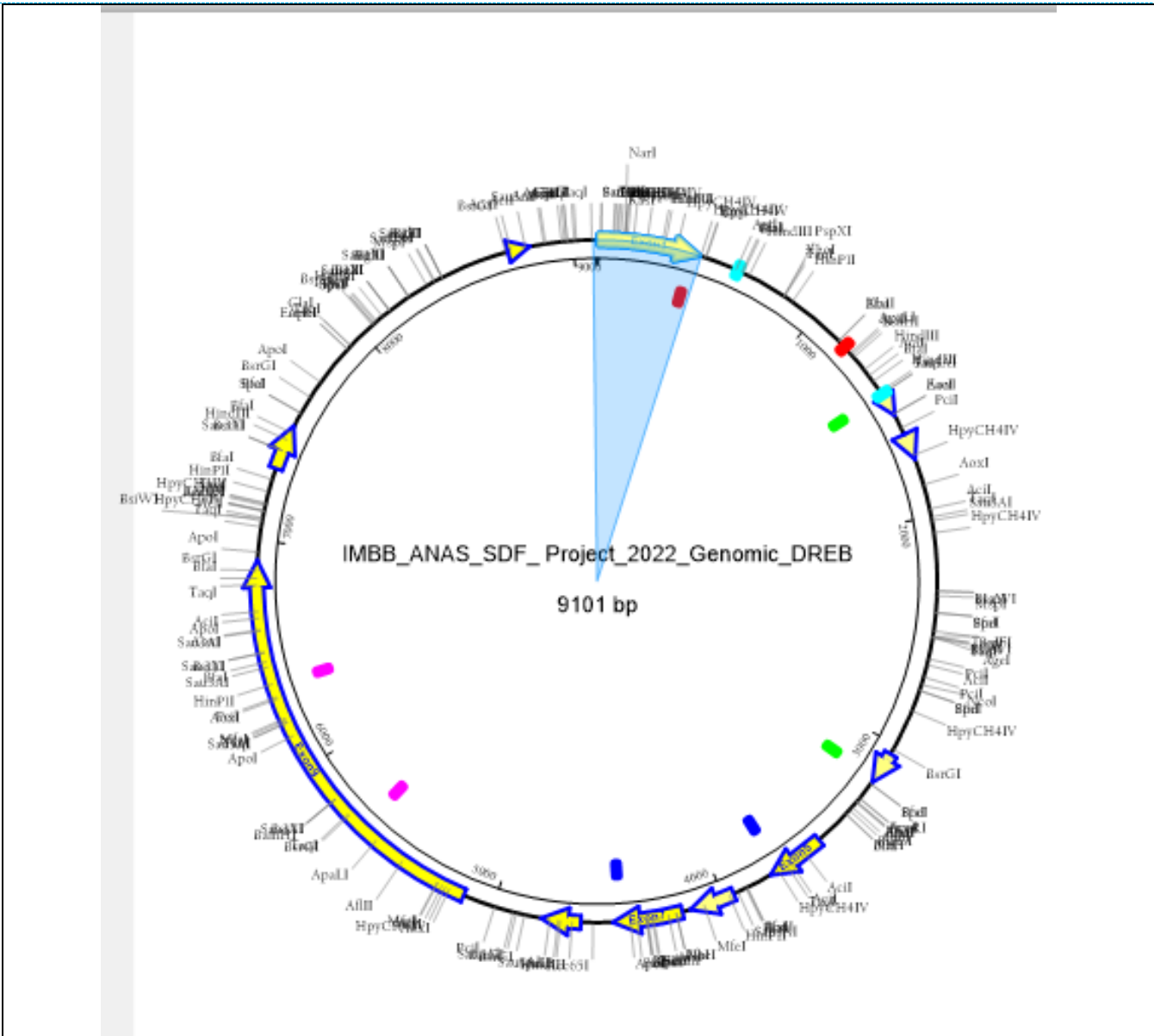
File Edit Features Enzymes Sequence Cloning Priming Format View Net Search Tools Window Help

| Show | Type | Name | Range | Strand | Length | Description |
|------|--------------|---------------------------|------------|--------|--------|---------------------------|
| ✓ | misc_feature | Exon 10 | 7314..7509 | ▶ | 196 | Exon 10 |
| ✓ | misc_feature | Exon 11 | 8717..8813 | ▶ | 97 | Exon 11 |
| ✓ | misc_feature | Exon1 | 1..450 | ▶ | 450 | Exon1 |
| ✓ | misc_feature | Exon2 | 1447..1542 | ▶ | 96 | Exon2 |
| ✓ | misc_feature | Exon3 | 1632..1747 | ▶ | 116 | Exon3 |
| ✓ | misc_feature | Exon4 | 3045..3187 | ▶ | 143 | Exon4 |
| ✓ | misc_feature | Exon5 | 3522..3776 | ▶ | 255 | Exon5 |
| ✓ | misc_feature | Exon6 | 3953..4149 | ▶ | 197 | Exon6 |
| ✓ | misc_feature | Exon7 | 4185..4484 | ▶ | 300 | Exon7 |
| ✓ | misc_feature | Exon8 | 4621..4790 | ▶ | 170 | Exon8 |
| ✓ | misc_feature | Exon9 | 5135..6916 | ▶ | 1782 | Exon9 |
| ✓ | misc_feature | P1F_ACCCTGGAAGTATCCAACC | 400..419 | ▶ | 20 | P1F_ACCCTGGAAGTATCCAACC |
| ✓ | misc_feature | P1R_CCGTGAAGCACTCAGAATGA | 1170..1189 | ▶ | 20 | P1R_CCGTGAAGCACTCAGAATGA |
| ✓ | misc_feature | P2F_TGCGGAGCAATAGGGATAAC | 609..628 | ▶ | 20 | P2F_TGCGGAGCAATAGGGATAAC |
| ✓ | misc_feature | P2R_CTGCAACGATCGACAAGAAA | 1427..1446 | ▶ | 20 | P2R_CTGCAACGATCGACAAGAAA |
| ✓ | misc_feature | P3F_CCAAAACCTTCTGAGCAAGC | 1427..1446 | ▶ | 20 | P3F_CCAAAACCTTCTGAGCAAGC |
| ✓ | misc_feature | P3R_CAACAAGAACAGAGCCGTGA | 3162..3181 | ▶ | 20 | P3R_CAACAAGAACAGAGCCGTGA |
| ✓ | misc_feature | P4F_AACGGAAGCCACATAACGTC | 3722..3741 | ▶ | 20 | P4F_AACGGAAGCCACATAACGTC |
| ✓ | misc_feature | P4R_TCCCGAAGAGCTTCAACACT | 4445..4464 | ▶ | 20 | P4R_TCCCGAAGAGCTTCAACACT |
| ✓ | misc_feature | P5F_GGGCACCAATTTATGGATG | 5645..5664 | ▶ | 20 | P5F_GGGCACCAATTTATGGATG |
| ✓ | misc_feature | P5R_GCCCAAGTATACCTCCCCATT | 6364..6383 | ▶ | 20 | P5R_GCCCAAGTATACCTCCCCATT |

Linear RCG Sequence RCGT Primer Design Comment Minimap Site Summary History Primers

SeqBuilder Pro proqramında dizayn edilmiş praymerlərin bir hissəsi və onların lokalizasiyası haqqında məlumat

Əldə olunan praymerlərin effektivliyi nəzəri və təcrübi olaraq yoxlanılmış, preparativ PZR aparılmışdır. Müvafiq ölçülərdə olan amplikonlar gədən təmizlənərək sekvensə göndərilmişdir. Sekvens məlumatları DNASTAR Lasergene bioinformatik proqram təminatının SeqMan Pro və SeqBuilder Pro proqramları ilə analiz edilmişdir. Yerli genotiplərdə DREB transkripsiya faktoru geni üçün genetik xəritənin mini modeli qurulmuşdur.



DREB transkripsiya faktoru geni üçün tertib edilmiş genetik xəritənin mini modeli

İstifadə olunmuş üsul və yanaşmalar

***In silico* analizlər**

Bu analizlərin həyata keçirilməsi üçün aşağıdakı bioinformatik proqramlardan istifadə edilmişdir:

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore> NCBI (*The National Center for Biotechnology Information*)

<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/> *CLUSTAL format alignment by MAFFT v7.427*

<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi> **Primer3Plus** software

Rəqəmsal fenotipləmə

Bitkinin fizoloji vəziyyətinin qeyri-invaziv olaraq qiymətləndirilməsi üçün PSI PolyPen RP 410/UVİS cihazından istifadə etməklə aşağıdakı vegetasiya indeksləri hesablanmışdır:

Normalized Difference Vegetation Index (NDVI)

$$NDVI = (RNIR - RRED) / (RNIR + RRED)$$

Simple Ratio Index (SR)

$$SR = RNIR / RRED$$

Modified Chlorophyll Absorption in Reflectance Index (MCARI1)

$$MCARI1 = 1.2 * [2.5 * (R790- R670) - 1.3 * (R790- R550)]$$

Optimized Soil-Adjusted Vegetation Index (OSAVI)

$$OSAVI = (1 + 0.16) * (R790- R670) / (R790- R670 + 0.16)$$

Greenness Index (G)

$$G = R554 / R677$$

Modified Chlorophyll Absorption in Reflectance Index (MCARI)

$$MCARI = [(R700- R670) - 0.2 * (R700- R550)] * (R700/ R670)$$

Transformed CAR Index (TCARI)

$$TSARI = 3 * [(R700- R670) - 0.2 * (R700- R550)] * (R700/ R670)$$

Triangular Vegetation Index (TVI)

$$TVI = 0.5 * [120 * (R750- R550) - 200 * (R670- R550)]$$

Zarco-Tejada & Miller Index (ZMI)

$$ZMI = R750 / R710$$

Simple Ratio Pigment Index (SRPI)

$$SRPI = R430 / R680$$

Normalized Phaeophytinization Index (NPQI)

$$NPQI = (R415- R435) / (R415+ R435)$$

Photochemical Reflectance Index (PRI)

$$PRI = (R531- R570) / (R531+ R570)$$

Normalized Pigment Chlorophyll Index (NPCI)

$$NPCI = (R680- R430) / (R680+ R430)$$

Carter Indices

$$Ctr1 = R695 / R420; Ctr2 = R695 / R760$$

Lichtenthaler Indices

$$\text{Lic1} = (R790 - R680) / (R790 + R680); \text{Lic2} = R440 / R690$$

Structure Intensive Pigment Index (SIPI)

$$\text{SIPI} = (R790 - R450) / (R790 + R650)$$

Gitelson and Merzlyak Indices

$$\text{GM1} = R750 / R550; \text{GM2} = R750 / R700$$

Hidrogen peroksidin miqdarının histokimyəvi üsulla təyini

Hidrogen peroksidin histokimyəvi təyini üçün 2-4 ədəd yarpaq nümunələri Petri kasalarına yerləşdirilərək üzərinə tərkibində 10 mM MES (pH 3,8) və 5 mM DAB (diamino benzidin) məhlulu əlavə edilmiş, qaranlıqda 12 saat ərzində inkubasiya olunmuşdur. Reaksiya 1:4 nisbətində qliserin məhlulu ilə dayandırılmış, xlorofildən azad olmaq məqsədilə yarpaq nümunələri 5 dəqiqə müddətində distillə suyunda qaynadılmış və 50%-li etanolda saxlanmışdır. Xarakter əlamətləri olan yarpaq nümunələrinin şəkilləri çəkilmişdir.

Hidrogen peroksidin miqdarının spektrofotometrik üsulla təyini

Hidrogen peroksidin (H_2O_2) miqdarı spektrofotometrik üsulla ksilen narıncısı ilə Fe^{+2} ionlarının Fe^{+3} ionlarına oksidləşməsinə əsasən təyin edilmişdir. 0,2-0,3 q yarpaq nümunələri maye N_2 -də dondurulduqdan sonra saxsı həvəngdəstədə 1,0-1,5 ml soyuq aseton əlavə olunaraq əzilmişdir. Alınmış homogenat sentrifuqada 10 dəq müddətində 12000 g sürətlə çökdürülmüşdür. Çöküntüdən ayrılmış 0,5 ml supernatantın üzərinə 0,5 ml ksilen narıncısı əlavə edilmiş, nümunələr 45 dəq otaq temperaturunda saxlandıqdan sonra optik sıxlıqları spektrofotometrik yolla (Thermo Scientific Evolution 350 UV-Vis Spectrophotometer (UK, England)) 560 nm dalğa uzunluğunda ölçülmüşdür. Hidrogen peroksidin miqdarı aşağıdakı düsturla hesablanmışdır:

$$C = ((K \cdot V) / (m \cdot \Delta m)) / 880,$$

burada: C – hidrogen peroksidin miqdarı (mkmol/q), K – kalibr əyrisinə əsasən H_2O_2 -nin miqdarı (nq/ml), V – ekstraktın ümumi həcmi (ml), m – yaş çəki (q), Δm – yaş çəkinin quru biokütləyə nisbəti, 880 –sabit əmsal.

Kalibr əyrisini qurmaq üçün H_2O_2 -nin asetonda hazırlanmış müxtəlif qatılıqlı məhlullarından istifadə olunmuşdur.

Fotosintetik piqmentlərin təyini

Xlorofil a və xlorofil b yarpaq nümunələrini 80%-li aseton-Tris (pH 7,8) məhlulu ilə (80:20) ekstraksiya etməklə, karotinoidlər isə 100%-li aseton məhlulu ilə ekstraksiya etməklə ayrılmış və spektrofotometrik (Thermo Scientific Evolution 350 UV-Vis Spectrophotometer (UK, England)) üsulla optik sıxlığı ölçülərək aşağıdakı düsturlara görə hesablanma aparılmışdır:

$$\text{XI } a \text{ } (\mu\text{mol/ml}) = 0,01373 A_{663} - 0,000897 A_{537} - 0,003046 A_{647}$$

$$\text{XI } b \text{ } (\mu\text{mol/ml}) = 0,02405 A_{647} - 0,004305 A_{537} - 0,005507 A_{663}$$

$$\text{Karotinoidlər (mq/l)} = 4,695 \cdot A_{440.5} - 0,268 \text{ XI } (a+b).$$

Nisbi su tutumunun təyini

Yarpaqlarda nisbi su tutumu (NST) Turner [271, c.58, s. 341] tərəfindən təklif olunan metoda əsasən ölçülmüşdür. Orta ölçülü təzə yarpaqların çəkisi təyin olunduqdan sonra 24

saat müddətində distillə suyunda saxlanmış, yarpaqların turqor vəziyyətindəki çəkisi təyin edildikdən sonra 80°S termostatda sabit çəki alınana qədər qurudularaq yenidən çəkili ölçülmüş və NST aşağıdakı düsturla hesablanmışdır:

$$NST = [(İÇ - QÇ) / (YÇ - QÇ)] * 100,$$

burada: İÇ- yarpağın ilkin çəkisi, YÇ- yaş çəki, QÇ- quru çəkidir.

Quru biokütlənin təyini

Buğda yarpaqlarında quru biokütlənin miqdarını təyin etmək üçün əvvəlcə nəzarət, quraqlıq və təkrar suvarılmış bitkilərin yarpaq nümunələrindən eyni ölçülərdə kəsiklər hazırlanmış və elektron tərəzidə kütləsi təyin edilmişdir. Hazırlanmış yarpaq nümunələri sabit çəkiyə gələnə qədər termostatda 80°C temperaturda saxlandıqdan sonra onların quru biokütləsi təyin olunmuşdur. Quru biokütləni hesablamaq üçün aşağıdakı düsturdan istifadə edilmişdir:

$$C (\%) = m2 / m1 \times 100\%.$$

burada: C - kütləyə nəzərən quru maddə tərkibinin %-lə ifadəsi; m1-nümunənin yaş çəkisi; m2-nümunənin quru çəkisi.

Malondialdehidinin miqdarının təyini

Bitkilərdə lipidlərin peroksidləşməsi prosesinin intensivliyi yarpaq nümunələrində MDA-nın miqdarına əsasən müəyyən olunmuşdur. MDA-nın miqdarı spektrofotometrik metodla 532 və 600 nm dalğa uzunluqlarında tiabarbitur turşusu ilə aparılan reaksiyaya əsasən təyin olunmuş (Heath and Packer, 1968) və aşağıdakı düsturla hesablanmışdır:

$$A = (D_{532} - D_{600}) / (E \cdot m),$$

burada: A - MDA-nın miqdarı, D - optik sıxlıq, m - bitkinin yaş biokütləsi, E – sabit əmsal.

Antioksidant fermentlərin təyini üçün ekstraktın alınması

Normal suvarılan və quraqlığa məruz qalmış bitkilərin hər birindən 0,5 q yarpaq nümunəsi götürülərək maye azotda əzilmiş, tərkibində 1 mM EDTA, 2 mM FMSF, 1% PVP, 0,1% Triton X-100 olan 100 mM Na-fosfat (pH 7,8) buferində homogenizə edildikdən sonra 4°C temperaturda 20 dəq ərzində 15000 g sürətlə çökdürülmüşdür. Alınan supernatantdan askorbat peroksidaza, katalaza və qvayakol peroksidaza fermentlərinin analizində istifadə edilmişdir.

Fermentlərin fəallığı aşağıdakı düstura əsasən hesablanmışdır:

$$A = OP \cdot V / \epsilon \cdot b \cdot \tau$$

A – beynəlxalq sistemdə aktivlik,

OP-optiki sıxlığın bir dəqiqə ərzində dəyişməsidir,

V – reaksiya mühitinin həcmi (ml),

τ -reaksiyanın gedişinə sərf olunan zamandır,

ϵ – ekstinksiyanın millimolyar ekvivalentidir.

b – reaksiya mühitinə əlavə olunan ferment ekstraktının həcmidir (μ l).

Katalazanın aktivliyinin təyini

Katalazanın (CAT, EC 1.11.1.6) fəallığı spektrofotometrik metodla 240 nm dalğa uzunluğunda 1 dəq müddətində hidrogen peroksidin parçalanma sürətinə əsasən təyin edilmişdir (Kumar and Knowles, 1993). Reaksiya qarışığı 885µl 50 mM Na-fosfat (pH 7.8), 25 µl ferment ekstraktı və 90 µl 3%-li H₂O₂-dən ibarətdir. Molyar ekstinksiya əmsalı kimi $\epsilon=39,5 \text{ mM}^{-1}\text{sm}^{-1}$ nəzərə alınaraq, µmol H₂O₂/mq zülal dəq vahidi ilə ifadə edilmişdir.

Askorbat-peroksidazanın aktivliyinin təyini

Askorbatperoksidazanın (APO, EC 1.11.1.11) fəallığı Nakano və Asada (1981) tərəfindən təklif olunan metoda əsasən müəyyən edilmişdir. Optik sıxlıq spektrofotometrik olaraq 290 nm dalğa uzunluğunda təyin edilmişdir. Reaksiya mühiti 0,1 mM EDTA (pH 8,0), 0,05 mM askorbat turşusu, 0,1 mM hidrogen peroksid, 50 mM Na fosfat buferi (pH 7,6) və 100 µl ferment ekstraktından ibarətdir. Aktivlik $\epsilon = 2.8 \text{ mM}^{-1} \text{ sm}^{-1}$ ekstinsiya əmsalına əsasən µmol askorbat/(mq zülal dəq) vahidi ilə hesablanmışdır.

Qvayakolperoksidazanın aktivliyinin təyini

Qvayakol-peroksidazanın (GPO, EC 1.11.1.7) fəallığının təyini Mahalingam və həmmüəlliflərin (2005) təklif etdiyi metodla təyin edilmişdir. Qvayakolperoksidazanın fəallığı spektrofotometrik yolla reaksiya məhlulunun 3 dəqiqə ərzində 470 nm dalğa uzunluğunda optik sıxlığının dəyişməsinə görə təyin edilmişdir. Reaksiya mühiti 50 mM Na-fosfat buferi (pH 7,0), 25 mM qvayakol, 25 mM H₂O₂ və 20 µl ferment ekstraktından ibarətdir. Fermentin fəallığı $\epsilon = 26.6 \text{ mM}^{-1} \text{ sm}^{-1}$ ekstinsiya əmsalına əsasən µmol qvayakol/(mq zülal dəq) vahidi ilə hesablanmışdır.

Azot və karbon metabolizmi fermentlərinin təyini üçün ekstraktın alınması

Yarpaq nümunələri 5 mM DTT, 5 mM MgCl₂·6H₂O, 1 mM EDTA·4Na, 0,5% Triton X-100 və 1% PVP tərkibli 100 mM Tris-HCl buferində (pH 7,8) homogenizasiya edilmişdir. Alınan homogenat 4 qat tənzifdən süzüləndən sonra filtrat əvvəlcə 10 dəq 1000g, sonra 30 dəq 5000g-də sentrifüqalaşdırılmışdır. Bu proses +4°C temperaturda aparılmışdır. Çöküntü atılmış və çöküntü üstü maye isə fermentlərin aktivliyinin təyini üçün istifadə olunmuşdur. Buğda yarpaqlarında fermentlərin aktivliyinə inhibirləşdirici təsir göstərən fenol birləşmələri və fenoloksidaza fermenti mövcud olduğundan mitoxondri membranlarında lipidlərin peroksidləşməsinin qarşısını almaq və sulfhidril qruplarını fenol birləşmələrin oksidləşməsindən müdafiə etmək üçün mühitə reduksiyaedici agentlər əlavə olunmuşdur (sistein, askorbin turşusu). Orqanoidləri membranlardan azad etmək üçün mühitə 0,5% Triton X-100 əlavə olunmuşdur. Bu birləşmələrin fermentin aktivliyinə inhibirləşdirici təsirini zəiflətmək üçün 1% PVP, ferment molekulundakı SH qruplarının oksidləşməsinin qarşısını almaq üçün isə 5 mM DTT istifadə edilmişdir. Məhlulda olan ağır metal ionlarının fermentə inaktivləşdirici təsirinin qarşısını almaq üçün ağır metallarla kompleks birləşmə əmələ gətirmək xassəsinə malik olan EDTA (1 mM) istifadə olunmuşdur. Bu EDTA molekulunda olan 4 karboksil qrupunun polianion xüsusiyyəti ilə əlaqədardır. Sistein oksidləşmə proseslərinin sürətini zəiflədir, məsələn mitoxondri membranlarında lipidlərin hidrogen peroksidlə oksidləşməsi, sulfhidril qruplarını fenol birləşmələrinin oksidləşmə məhsullarının təsirindən qoruyur.

NAD-malatdehidrogenaza fəallığının təyini

NAD-malatdehidrogenazanın (NAD-MDH, EC 1.1.1.37) aktivliyi spektrofotometrik (Ultrospec 3300 pro, Amersham, USA) üsulla təyin olunmuşdur (Scheibe and Stitt, 1988). Oksaloasetatın (OA) reduksiyası üçün reaksiya mühiti 1 mM OA, 10 mg/ml öküz zərdab albumini (BSA), 10 mM MgCl₂, 0,15 mM NAD·H və 5-10 mkl ferment preparatı olan 100 mM, pH 8,0, Tris-HCl buferindən ibarət olmuşdur. Reaksiya mühitə substrat (1 mM oksaloasetat) əlavə etməklə başlanılmışdır. Birbaşa reaksiyanın mühiti: 100 mM Tris-HCl, pH 9,0 30 mM malat, 0,2 mM NAD olmuşdur. Spektrofotometrik ölçmələr 1,0 ml həcmli spektrofotometrik küvetlərdə aparılmışdır. Küvetdəki NAD·H-ın miqdarı 340 nm dalğa uzunluğunda 1 dəqiqə ərzində bu birləşmənin molyar qatılığının optiki sıxlığının azalmasına əsasən təyin edilmişdir.

Aspartataminotransferaza fermentinin fəallığının təyini

Aspartataminotransferaza (AsAT, EC 2.6.1.1) fermentinin sitozolik və mitoxondrial izoformalarının fəallığını təyin etmək üçün reaksiya mühitinin tərkibi müvafiq olaraq, 100 mM HEPES-KOH (pH 7,4) və 100 mM Tris-HCl (pH 8,5), 2 mM EDTA, 2,5 mM 2-oksoqlutarat, 10µg/ml pirodoksalfosfat, 10 mM DTT, 12 U/ml MDH və 0,2 mM NADH-dan ibarət olmuşdur. Mühitə 20µl yarpaq ekstraktı və 2,5 mM L-aspartat əlavə etdikdən sonra reaksiyanın başlanmasına start verilmişdir (Alfonso and Brüggemann, 2012).

Alaninaminotransferaza fermentinin fəallığının təyini

Alaninaminotransferazanın (AIAT, EC 2.6.1.2) aktivliyini təyin etmək üçün 100 mM Tris-HCl (pH 8,5), 2 mM EDTA, 2,5 mM 2-oksoqlütarat, 10µg/ml pirodoksalfosfat, 10 mM DTT, 12 U/ml laktat dehidrogenaza və 0,2 mM NADH-dan ibarət reaksiya mühitindən istifadə edilmişdir. Mühitə 20µl yarpaq ekstraktı və 10 mM L-alanin əlavə etdikdən sonra reaksiyanın başlanmasına start verilmişdir (Alfonso and Brüggemann, 2012).

Fosfoenolpiruvatkarboksilaza fermentinin fəallığının təyini

Fosfoenolpiruvatkarboksilaza (FEPK, EC 4.1.1.31) fermentinin fizioloji və maksimal aktivliyini təyin etmək üçün reaksiya mühitinin tərkibi müvafiq olaraq, 60 mM Tris-HCl (pH 8,5) və 60 mM HEPES-NaOH (pH 7,3) buferindən, 10 mM MgCl₂, 2 mM DTT, 10 mM NaHCO₃, 0,2 mM NADH, 10 U MDH, 10 mM FEP 40 µl ferment preparatından ibarət olmuşdur. Reaksiyanın başlanmasına sonda reaksiya mühitə substrat (FEP) əlavə etməklə start verilmişdir (Du et al., 1998).

Nüvə DNT-sinin ekstraksiyası

Bitki nümunələrindən CTAB metodu ilə (Murry & Thompson, 1980) DNT ayrılmışdır. Yarpaq hissələri maye azotda əzilir və su hamamında 60⁰C-yə qədər qızdırılmış 1ml CTAB ekstraksiya buferində (100 mM Tris-HCl, pH 8,0; 20 mM EDTA, pH 8,0; 1,4 mM NaCl; 40 mM β-merkaptotanol) suspenziyalaşdırılır. Homogenat Vortex aparatında fasiləsiz qarışdırılır. Sonra hər bir sınaq şüşəsinə 0,4 ml xloroform (99,8%) əlavə olunur və ehtiyatla qarışdırılır. Daha sonra sınaq şüşələri su hamamına yerləşdirilir və 60⁰c-də 10 dəq müddətində inkubasiya olunur. Inkubasiyadan sonra sınaq şüşələri Eppendorf tipli stolüstü sentrafuqada

(1400 g) otaq temperaturunda 10 dəq müddətində sentrafuqalaşdırılır. Sonra supernatant ehtiyatla 1,5 ml-lik təmiz Eppendorf sınaq şüşələrinə boşaldılır (çöküntü süzülmiş supernatanta qarışmamalıdır) və üzərinə 0,6 ml soyuq izopropanol əlavə edilir, diqqətlə qarışdırılır və 3-5 dəq otaq temperaturunda saxlanılır. Bu zaman ayrılmış DNT çöküntüsünü müşahidə etmək olar. Sınaq şüşələri Eppendorf tipli stolüstü sentrafuqada (1400 g) otaq temperaturunda 10 dəq müddətində sentrafuqalaşdırılır. Çöküntü bir neçə dəfə 70%-li etil spirtində yuyulur, stolüstü termostatda qurudulduqdan sonra TE (10 mM Tris-HCl, pH 8; 1 mM EDTA) buferində həll edilir. Nümunələr DNT-nin buferdə tam həll olması üçün bir gecə soyuducuda 4°C-də saxlanılır.

Spektrofotometrik yolla DNT-nin optik sıxlığına görə təmizlik dərəcəsinin və qatılığının təyini

Spektrofotometriya metodu ilə ayrılmış DNT nümunələrinin təmizlik dərəcəsi və qatılığı NanoDrop spektrofotometrində yoxlanılmışdır. 260 və 280 nm dalğa uzunluğunda DNT nümunələrinin optik sıxlığı təyin edilmiş, $1,8 \leq [D_{260}/D_{280}] \geq 2$ olarsa, ayrılmış DNT nümunələri növbəti təcrübələr üçün yararlı hesab olunmuşdur.

Sekvens üçün preparativ PZR aparılması

DNT-nin preparativ amplifikasiyası zamanı 17,5 µl 10x reaksiya buferi, 10 µl 20 nq genom DNT-si, 21 µl 10 mM düzünə praymer, 21 µl 10 mM əksinə praymer, hər birindən 10 mM olmaqla: dATP, dCTP, dGTP və dTTP - dNTP Mix qarışığından 21 µl, 21 µl 25 mM MgCl₂, DMSO - 3,5 µl və 1,2 vahid 5U/µl Taq-polimeraza, 33,8 µl ddH₂O-dan ibarət 150 mkl-lik qarışıq PZR Applied Biosystems 2720 Thermal Cycler amplifikatoruna yerləşdirilmişdir. İlkin olaraq reaksiya 94°C temperaturda DNT zəncirinin denaturasiyası ilə başlayır. Sonrakı 3 mərhələ (DNT zəncirinin denaturasiyası, praymerin DNT zənciri ilə hibridləşməsi və Taq DNT polimeraza vasitəsilə komplementar DNT zəncirinin sintezi) isə bir-birinin ardınca 35 dəfə tsikl şəklində təkrarlanır. Son olaraq 10 dəqiqə müddətində 72°C temperaturda sintez prosesinin tamamlanması ilə PZR reaksiyası yekunlaşmış olur. Amplifikatorada reaksiya aşağıdakı şəraitdə getmişdir: tsikl 1 – 94°C - də 5 dəq; 35 amplifikasiya tsikli: hər tsikl 1 dəq 94°C - də, 1 dəq 53,3°C - də və 1dəq 72°C - də; tamamlayıcı elonqasiya tsikli 72°C - də 10 dəq müddətində həyata keçirilir, sonra amplifikasiya məhsulları 4°C - də saxlanılır.

Gel-elektroforez

Reaksiya məhsulları horizontal gel-elektroforez (HR-2025-High Resolution («IBI SCIENTIFIC», ABŞ)) aparatında elektroforez aparmaqla aydınlaşdırılmışdır. Tədqiqat işində bu məqsədlə 1.5% aqaroza gelindən, TAE 1X ((50 X):0,04 M tris-asetat, 0,002 M EDTA) və TBE 1X (Tris 90 mM, Borat 90 mM, EDTA 2,5 mM, pH 8,3) elektroforez buferindən istifadə edilmişdir. Nümunələri gelin yuvacıqlarına daxil etməzdən əvvəl 120 µl PZR məhsulun üzərinə 20 µl rəngləyici məhlul (50%-li qliserol; 1%-li SDS; EDTA 0,1 M; 0,5 mg/ml qatılıqda bromfenol göyü) əlavə edilib qarışdırılır. Elektroforez sabit gərginlikdə, 70 mA cərəyan şiddətində həyata keçirilir.

Gellərin fiksasiyası və sənədləşdirilməsi

Gel tərkibində 4 µg/ml etidium bromid olan su hamamında 30 dəq müddətində inkubasiya olunur. Etidium bromid molekulu ultrabənövşəyi şüaların təsirindən flüoressensiya etmək qabiliyyətinə malikdir ki, bu da DNT molekulunun gəldə vizualizasiyasına şərait yaradır. Tədqiqat işində etidium bromid məhlulunda rənglənmiş aqaroza gellərinin şəkilləri xüsusi gelləri sənədləşdirmə aparatında (Gel Documentation System «UVITEK», BK) ultrabənövşəyi işığın köməyi ilə fiksə edilmiş və kompüterdə sənədləşdirilmişdir.

DNT fraqmentlərinin miqراسiya məsafəsi onların təşkil olunduqları nukleotid cütlərinin sayının loqarifminə tərs mütənəsbdir. Beləliklə, fraqmentin ölçüsü məlum standartların ölçüsü ilə müqayisə vasitəsilə təyin edilir. Tədqiqat işində bu cür standart kimi 2 log DNT marker istifadə olunmuşdur.

Purification Kit vasitəsilə aqaroza gelindən DNT-nin təmizlənməsi və sekvens üçün hazırlanması

Gelin tərkibindən bizi maraqlandıran DNT fraqmentlərini xüsusi ISOLATE II PCR & Gel Kit vasitəsilə təmizlənməmişdir. Purification Kit-in tərkibi: CW – Yuyucu bufer (Wash buffer), CB – Birləşdirici bufer (Binding buffer), C – Elyusiya buferi (Elution buffer), silika membranlı gel sütunları (Gel Columns), 2 ml-lik toplayıcı tyublardan (Collection Tubes) ibarətdir.

Eksperimentə başlamamışdan öncə 100 ml 95%-li etil spirti yuyucu buferə əlavə olunur. Eyni zamanda boş 2 ml-lik tyub tərəzidə çəkilir. Sonra aqaroza gelindən steril şpatellə lazım olan DNT fraqmentinin daxil olduğu hissəni kəsib, 2 ml-lik tyuba yerləşdiririk. Yenidən tyubu tərəzidə çəkib, alınan qiymətlərin fərqini tapırıq. Növbəti mərhələdə 1,5%-li aqaroza gelinin hər 100 mq-a 200 µl CB (Binding Buffer) əlavə olunur. 5-10 dəq 50°C-də termostatda inkubasiya edilir. İnkubasiya vaxtı hər 2-3 dəq dən bir yüngülcə qarışdırılır. Gel parçası tamamilə həll olunduqdan sonra qarışıqın rəngi sarı rəngdə olmalıdır. Sarı rəng alındığı zaman pH≤7,5 olur ki, bu qiymət optimal pH hesab edilir. Sonra həmin qarışıqı 2 ml toplayıcı tyubun içində olan silika membranlı gel sütununa tökürük və 30 saniyə 11000 g-də sentrifugaladıırıq. Toplayıcı tyuba çökmüş məhlulu tam boşaldıb, yaxşıca qurutmalıyıq ki, onu gel sütununa daxil etdikdə membranla çirklənmə baş verməsin. Növbəti mərhələdə gel sütununun içinə 700 µl yuyucu bufer (Wash buffer) əlavə edib, yenidən 30 saniyə 11000 g-də sentrifugaladıırıq. Hər dəfə sentrifugaladırdıqdan sonra çöküntünü atırıq. Çox hallarda yuyulmanın təkrarlanması məsləhət görülür. Yuyulmanı 2 dəfə təkrarladıqdan sonra qalıq etanolu kənarlaşdırmaq üçün 1 dəq 11000 g-də sentrifugaladıırıq. Silika membranlı gel sütununu 1,5 ml-lik ağız qapaqlı mikrosentrifuqa tyublarına keçirdərək, mərkəzi hissəyə 60 µl elyusiya buferi (Elution buffer) əlavə edirik, 1 dəq otaq temperaturunda inkubasiya edirik. Sonra yenidən 1 dəq 11000 g-də sentrifugaladıırıq. Bu zaman DNT 1,5 ml-lik tyublarda qalır və tyubdakı DNT-nin keyfiyyətini yoxlamaq üçün etidium-bromid əlavə edilmiş 30 ml 1,5%-li aqaroza gelində elektroforez aparılır, UVITEK Gel Documentation System-in köməkliliyi ilə gelin şəkli çəkilir. Bu zaman gəldə həm 300 n.c., həm də 500 n.c. uzunluqda fraqmentlər aşkar olunur. Bununla yanaşı, DNT-nin təmizlik dərəcəsi və qatılığı spektrofotometrik ölçülür.

Sekvensin aparılması

Geldən təmizlənmiş DNT fraqmentlərinin nukleotid ardıcılığının oxunması Senger və onun əməkdaşları tərəfindən irəli sürülən üsulla ABI 3130xl Sequencer (Applied Biosystems, USA) aparatı vasitəsilə həyata keçirilmişdir.

Antioksidant fermentlərin izoenzim tərkibinin tədqiqi

Fermentlərin izoenzim tərkibinin öyrənilməsi PAAG elektroforez metodundan istifadə etməklə 3 saat müddətində 4°C temperaturda sabit elektrik cərəyanında (30 mA) həyata keçirilmişdir. KAT, və QPO üçün 7%-li, APO üçün 10%-li gəllərdən istifadə olunmuşdur. APO-nun elektroforezi zamanı buferə 2mM Na-askorbat məhlulu əlavə edilmişdir.

Askorbatperoksidaza fermentinin izoenzim tərkibinin tədqiqi

Gelin rənglənməsi üç mərhələdə baş verir: Əvvəlcə gel qaranlıqda tərkibində 50 mM Na-fosfat (pH 7,0) və 2 mM Na-askorbat olan məhlulda 30 dəq müddətində saxlanılır. İkinci mərhələdə gel tərkibində 50 mM Na-fosfat (pH 7,0), 4 mM Na-askorbat və 2 mM H₂O₂ olan məhlulda keçirilərək 20 dəq müddətində qaranlıqda inkubasiya olunur. Nəhayət, gel tərkibi isə 50 mM Na-fosfat (pH 7,0) buferi, 28 mM TEMED, 2,45 mM NBT-dən ibarət məhlulda keçirilərək intensiv işıqda tünd göy fonda açıq ləkələr əmələ gələne qədər inkubasiya olunur.

Katalaza fermentinin izoenzim tərkibinin tədqiqi

Bu məqsədlə əvvəlcə gel 50 ml 3,27 mM H₂O₂ məhlulunda 25 dəq qaranlıqda saxlandıqdan sonra bir neçə dəfə distillə suyu ilə yuyulur, sonra tərkibində 1%-li K₃[Fe(CN)₆] və 1%-li FeCl₃ olan məhlulda göy-yaşıl fonda tünd rəngli xəttlər əmələ gələne qədər inkubasiya edilir.

Qvayakolperoksidaza fermentinin izoferment tərkibinin təyini

Qvayakol peroksidaza fermentinin izoferment tərkibinin təyini üçün tərkibində 50 mM Na-asetat (pH 5.0), 330 µl qvayakol, 330 µl 30%-li H₂O₂ olan məhluldan istifadə olunur. Gel 1 saat həmin məhlulda saxlandıqdan sonra ağ fonda tünd qəhvəyi ləkələr əmələ gəlir.

Yarpaq nümunələrinin ultrastrukturunun işıq mikroskopu vasitəsilə təyini

Tədqiq etdiyimiz genotiplərdə (Zirvə-85, Aran, Qızıl buğda və Murov-2) suvarılan və quraqlığa məruz qalmış bitki yarpaqlarının ultra strukturunu işıq mikroskopu vasitəsilə müqayisəli şəkildə araşdırmaq üçün əldə olunmuş nümunələr 0,1M fosfat buferində hazırlanmış (pH 7,4) 2,5%-li qlutar-aldehid, 2%-li paraformal-aldehid, 4%-li surcosa, 0,1%-li pikrin turşusundan ibarət məhlulda fiksə olunaraq Azərbaycan Tibb Universitetinin Elektron mikroskopiya laboratoriyasında analiz edilmişdir. İlk olaraq nümunələr laboratoriyada fiksatorlardan çıxarıldıqdan sonra hər biri üç dəfə olmaqla 15 dəqiqə (cəmi 45 dəqiqə) 0,1 M fosfat buferində (pH 7,4) yuyulmuşdur. Işıq və elektron mikroskopik tədqiqatlar üçün qəbul olunmuş ümumi metodlara əsasən post fiksasiya mərhələsində yarpaq seqmentləri 1,5 saat ərzində 1%-li OsO₄, 0,1M fosfat buferi və 1,5%-li qırmızı qan duzunun qarışıq məhlulunda saxlanılmışdır. Post fiksasiya mərhələsindən sonra nümunələr yenidən hər biri üç dəfə olmaqla 15 dəqiqə (cəmi 45 dəqiqə) 0,1 M fosfat buferində (pH 7,4) yuyulmuş, III

mərhələdə yarpaq seqmentləri dehidratasiya olunmuşdur. Bu zaman nümunələr hər biri üç dəfə olmaq şərti ilə 15 dəqiqə müddətində (cəmi 45 dəqiqə) əvvəlcə 50% spirtdən, sonra isə ardıcıl olaraq 70% və 96% spirt məhlulundan keçirilir. Daha sonra seqmentlər tərkibi 50% təmiz spirt və 50% təmiz asetonla ibarət olan məhlulda hər biri 3 dəfə 15 dəqiqə (cəmi 45 dəq) müddətində yuyulmuş və yenidən hər biri 3 dəfə 15 dəqiqə (cəmi 45 dəq) ərzində təmiz asetonla fiksə olunmuşdur. Növbəti IV mərhələ blokların hazırlanması olmuşdur. Bunun üçün tərkibi 5 maddənin qarışığından ibarət olan (Epon-812, DDSA, Araldid M, Dibutalftalat və DMP-30) araldid-epon məhlulundan istifadə edilmişdir. Onların çəki nisbəti götürüləcək nümunələrin sayından asılı olaraq dəyişir (10 ml Araldid-Epon məhlulunu hazırlamaq üçün aşağıdakı tərkib nisbəti seçilmişdir: 2,5 ml-Epon-812; 5,5 ml-DDSA; 1,5 ml-Araldid M; 0,3 ml-Dibutalftalat; 7 damcı-DMP-30). Blok hazırlanma mərhələsi öz növbəsində bir neçə hissəyə bölünür:

a) məhlulun 75%-i təmiz aseton, 25%-i isə araldid-epon olmaqla;

b) məhlulun 50%-i təmiz aseton, 50%-i isə araldid-epon olmaqla;

c) məhlulun 25%-i təmiz aseton, 75%-i isə araldid-epon olmaqla;

ç) məhlulun tərkibi 100% araldid-epon olmaqla tikələr orada 1 saat müddətində saxlanılır.

Sonuncu mərhələni yerinə yetirdikdən sonra nümunələr əvvəlcədən seçilmiş və nömrələnmiş hazır qəliblərə yerləşdirilmiş və termostata qoyulmuşdur. Seqmentlər termostata 1 sutka 37⁰ C, 1 sutka 45⁰ C və 1 sutka 60⁰ C temperaturda saxlanılmışdır (cəmi 3 sutka). Tam hazır bloklar qəliblərdən ayrılaraq Leica EM UC7 ultramikrotomu vasitəsilə əvvəlcə yarımnazik (1 µ) kəsiklər hazırlanmışdır. Kəsiklər ikiqat boyama üsulu ilə (a məhlulu - 0,5% metilen abısı, 0,5% azur II, 0,5% bura və b məhlulu - 5%-li spirt, 0,1%-li fuksin) rənglənmişdir. Yarımnazik kəsiklər Zeiss işıq mikroskopunda baxılaraq lazımı hissələrin şəkilləri Canon D650 (Yaponiya) rəqəmli fotokamera sistemi ilə çəkilmişdir.

NADF-MDH-in fəallığının təyini

NADF-MDH fəallığının təyini fermentin aktivləşdirilməsi ilə başlayır. Aktivləşmə tərkibinə 10 mq/ml BSA və ferment preparatı daxil olan pH 8,0, 1 M Tris-HCl buferindən ibarət aktivləşdirici mühitdə 100 mM DTT-nin iştirakı ilə 15 dəq müddətində aparılmışdır. NADF-MDH üçün reaksiya mühiti: 100 mM, pH 8,0, Tris-HCl buferi, 10 mq/ml 113 BSA, 0,5 M EDTA-4Na, 20 mM MgCl₂, 10 mM NADF-H və 30 µl aktivləşdirilmiş ferment preparatı. Reaksiya mühitinə 10 mkl 1 mM OA əlavə etməklə reaksiyanın başlanmasına start verilir. Fermentin aktivliyinin təyini 1 dəq müddətində reaksiyanın gedişi zamanı NADP-H-in sərf olunması ilə əlaqədar olaraq optiki sıxlığın azalmasına əsaslanmışdır. ε-ekstinksiyanın millimolyar ekvivalenti NADH və NADFH üçün 340 nm dalğa uzunluğunda maksimum udulma zamanı 6,22 mM·sm⁻¹ -ə bərabərdir.

NADF-ME-nin fəallığının təyini

NADF-ME L-malatın oksidləşməklə dekarboksilləşməsi reaksiyasını kataliz edir. NADF-ME fermentinin aktivliyi NADFH əmələ gəlməsi nəticəsində optiki sıxlığın artmasına görə təyin olunmuşdur. NADF-ME üçün reaksiya mühiti: 50 mM Tris-HCl (pH 8,2), 1 mM EDTA-4Na, 20 mM MgCl₂, 0,5 mM NADF+, 5 mM L-malat·Na və ferment ekstraktı. Reaksiya mühitinə sonda

malat əlavə etməklə reaksiyanın başlanmasına start verilmişdir.

Superoksiddismutaza fermentinin fəallığının təyini

Superoksiddismutaza fermentinin (SOD, EC 1.15.1.1) fəallığı spektrofotometrik yolla (Ultrospec 3300 pro spektrofotometrində (Amersham, USA)) 37°C temperaturda, 405 nm dalğa uzunluğunda xüsusi dəstdən (Sigma-Aldrich) istifadə olunmaqla təyin edilmiş və u/ml ilə ifadə olunmuşdur. Fermentin aktivliyi aşağıdakı düstura əsasən hesablanmışdır:

$$\text{SOD activity (inhibition rate \%)} = \{[(S1 - S3) - (SS - S2)] / (S1 - S3)\} \times 100\%;$$

Qlütionreduktaza fermentinin fəallığının təyini

Qlütion reduktaza (QR, EC 1.6.4.2) fermentinin fəallığı spektrofotometrik yolla (Ultrospec 3300 pro spektrofotometrində (Amersham, USA)) 3 dəqiqə ərzində NADPH-ın GSSH iştirakı ilə 340 nm dalğa uzunluğunda oksidləşməsinə əsasən xüsusi dəstdən istifadə olunmaqla (Sigma-Aldrich) təyin edilmiş və µmol/mq zülal dəq ilə ifadə olunmuşdur. Fermentin aktivliyi aşağıdakı düstura əsasən hesablanmışdır:

$$\text{units/ml} = (D_{\text{Asample}} - D_{\text{Ablank}}) \times (\text{dilution factor}) / e \times (\text{volume of sample in ml});$$

$$\text{burada, } e = 6.22 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$$

Həll olan zülalların miqdarının təyini

Zülalların miqdarı Bradford metoduna əsasən təyin olunmuşdur. Rəngləyici məhlulun tərkibi: 50 mq Kumasi-G 250, 50 ml metanoldan və 100 ml 85%-li ortofosfat turşusundan (H₃PO₄) ibarət olmuşdur. Kalibr əyrisini qurarkən standart zülal kimi albuminin (BSA) suda durulaşdırılmış müxtəlif qatılıqlarından istifadə edilmişdir. Nümunələrin optik sıxlığı spektrofotometrik olaraq 595 nm dalğa uzunluğunda ölçülmüşdür (Thermo Scientific Evolution 350 UV-Vis Spectrophotometer (UK, England)).

Antioksidant fermentlərin nativ gel elektroforez metodu ilə tədqiqi

Elektroforetik tədqiqatlar PAAG elektroforez metodundan istifadə etməklə 3 saat müddətində 4°C temperaturda, sabit elektrik cərəyanında (30 mA), 10%-li poliakrilamid gelindən istifadə olunmaqla həyata keçirilmişdir. Elektroforez başa çatdıqdan sonra gellər hər fermentə uyğun rəngləyici buferlərlə rənglənmişdir.

Superoksiddismutaza fermentinin izoferment tərkibinin təyini

Superoksid dismutazanın izofermentlərini aşkarlamaq üçün elektroforez başa çatdıqdan sonra gel tərkibində 4 mq riboflavin, 4 mq Na-EDTA, 20 mq NBT olan 0,1 M Tris HCl (pH 7,4) buferi olan məhlulda 40 dəq müddətində qaranlıqda saxlanılır, sonra 15 dəq müddətində yüksək intensivlikli işıqda bənövşəyi-göy fonda açıq rəngli ləkələr əmələ gələne qədər inkubasiya olunur.

Qlütionreduktazanın izofermentlərini aşkarlamaq üçün gel tərkibində 250 mM Tris HCl

(pH 7,5), 3 mM EDTA (pH 8,0), 3,4 mM GSSG, 0,5 mM NADPH, 0,2 mq/ml DCPİP, 0,2 mq/ml tetrazolium bromid olan məhlulda otaq temperaturunda 1 saat müddətində qaralıqda inkubasiya olunur. Bu zaman mavi fonda tünd göy ləkələr əmələ gəlir.

Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarından subhüceyrə fraksiyalarının ayrılması

Assimilyasiyaedici toxumaların əldə edilməsi üçün yarpaqlar gövdədən ayrılmış, distillə suyu ilə yuyulmuş, 2-3 mm ölçüdə eninə istiqamətdə kəsilərək xırda seqmentlərə bölünmüşdür. Alınmış seqmentlər 25 mM HEPES buferində (pH 7,8), 0,3 M saxaroza, 1 mM EDTA, 15-20 mM 2-merkaptotanol tərkibinə malik olan bufer məhlulunda (bufer A) MPW-302 (Polşa) mexaniki dezintegratorunda 4 saniyə müddətində 7000 dövr/dəq sürətlə homogenizasiya olunmuşdur. Alınan homogenat əvvəlcə 4 qat kaprondan süzüləndən sonra məsamələrinin diametri 80 µm olan Şotov qığında filtrasiya edilmişdir. Filtrat mezofil hüceyrədən (MH), mezqa adlanan qalıq hissə isə MH və örtük topa hüceyrə (ÖTH) ilə birlikdə ötürücü topaların qarışığından ibarətdir. Filtratın 15 dəqiqə müddətində 300 g sürətlə sentrifugalasdırılmışdır. Alınan supernatant MH-nin sitozol fraksiyası, çöküntü isə xloroplastları fraksiyasıdır. Alınmış çöküntü əvvəlcə A buferi ilə yuyulmuş və onun üzərinə 10 ml saxarozasız A buferi əlavə olunmaqla 15 dəqiqə müddətində 300 g-də sentrifugalasdırılmışdır.

Filtrdə qalan çöküntü (mezqa) A buferi vasitəsi ilə bir neçə dəfə yuyulmuş, suspenziyalaşdırılmış və əvvəlcə 60 san 6000 dövr/dəq, onun ardınca 80 san 8000 dövr/dəq sürəti ilə homogenizasiya olunmuşdur. Alınan ekstraktın məsamələrinin diametri 211 µm olan Şotov qığında filtrasiya olunmasından əmələ gələn filtrat MH və ÖTH-nin homogenatlarının qarışığından ibarətdir. Çöküntü A buferində suspenziyalaşdırıldıqdan sonra əvvəlcə 60 san 6000 dövr/dəq, onun ardınca isə 15 san 8000 dövr/dəq sürəti ilə homogenizasiya olunmuşdur. Homogenizasiyadan alınan ekstraktın məsamələrin diametri 211 µm olan Şotov qığında filtrasiyasından alınan filtrat 20 dəqiqə müddətində 10000g-də sentrifugalasdırılmışdır. Alınan supernatant ÖTH-ın sitoplazmasından, çöküntü isə ÖTH-ın xloroplastlarından ibarətdir. Çöküntü saxarozasız A buferində suspenziyalaşdırılmış, sonra isə 20 dəqiqə müddətində 10000g-də çökdürülmüşdür. Bu zaman xloroplastların membranı və stroması bir-birindən ayrılmış olur. Subhüceyrə fraksiyaları ilə təcrübələr aparmaq üçün MH və ÖTH-ın xloroplastlarını ən azı 2 saat 0,6%-li Triton X-100 məhlulunda saxlamaq lazımdır. Bu üsulla təmizlənmiş assimilyasiyaedici toxumaların subhüceyrə fraksiyalarında ASAT və ALAT fermentinin aktivliyi tədqiq olunmuşdur.

Transmissiya elektron mikroqrafiyası metodu

Nümunələr 0,1M fosfat buferində hazırlanaraq (pH=7,4) 2,5%-li qlutar-aldehid, 2%-li paraformal-aldehid, 4%-li saxaroza, 0,1%-li pikrin turşusundan ibarət məhlulda fiksə olunaraq Elektron mikroskopiya laboratoriyasına təqdim edilmişdir. İlk olaraq nümunələr laboratoriyada fiksatorlardan çıxarıldıqdan sonra hər biri üç dəfə olmaqla 15 dəqiqə (cəmi 45 dəqiqə) 0,1 M fosfat buferində (pH 7,4) yuyulmuşdur. Işıq və elektron mikroskopik tədqiqatlar üçün qəbul olunmuş ümumi metodlara əsasən post fiksasiya mərhələsində tikələr 1,5 saat ərzində 1%-li OsO₄, 0,1M fosfat buferi və 1,5%-li qırmızı qan duzunun qarışıq məhlulunda saxlanılmışdır. Post fiksasiya mərhələsindən sonra nümunələr yenidən hər biri üç dəfə olmaqla 15 dəqiqə (cəmi 45 dəqiqə) 0,1 M fosfat buferində (pH 7,4) yuyulmuş, III mərhələdə tikələr dehidratasiya olunmuşdur. Bu zaman nümunələr hər biri üç dəfə olmaq şərti ilə 15 dəqiqə müddətində (cəmi

45 dəqiqə) əvvəlcə 50% spirdən, sonra isə uyğun olaraq 70%, 96% spirtlərdən keçirilir. Daha sonra tikələr məhlulun tərkibi 50% təmiz spirt və 50% təmiz aseton olmaqla hər biri 3 dəfə 15 dəqiqə (cəmi 45 dəq) müddətində yuyulmuş və yenidən hər biri 3 dəfə 15 dəqiqə (cəmi 45 dəq) ərzində təmiz asetonla fiksə olunmuşdur. Növbəti IV mərhələ blokların hazırlanması olmuşdur. Bunun üçün tərkibi 5 maddənin qarışığından ibarət olan (Epon-812, DDSA, Araldid M, Dibutalftalat və DMP-30) araldid-epon məhlulundan istifadə edilmişdir. Onların çəki nisbəti götürüləcək nümunələrin sayından asılı olaraq dəyişir (Məsələn: 10 ml Araldid-Epon məhlulunu hazırlamaq üçün aşağıdakı tərkib nisbəti seçilməlidir: 2,5 ml-Epon-812; 5,5 ml-DDSA; 1,5 ml-Araldid M; 0,3 ml-Dibutalftalat; 7 damcı-DMP-30). Blok hazırlanma mərhələsi öz növbəsində bir neçə hissəyə bölünür:

- a) məhlulun 75%-i təmiz aseton, 25%-i isə araldid-epon olmaqla;
- b) məhlulun 50%-i təmiz aseton, 50%-i isə araldid-epon olmaqla;
- c) məhlulun 25%-i təmiz aseton, 75%-i isə araldid-epon olmaqla;
- ç) məhlulun tərkibi 100% araldid-epon olmaqla tikələr orada 1 saat müddətində saxlanılır.

Sonuncu mərhələni yerinə yetirdikdən sonra nümunələr əvvəlcədən seçilmiş və nömrələnmiş hazır qəliblərə yerləşdirilmiş və termostata qoyulmuşdur. Tikələr termostatda 1 sutka 37⁰ C, 1 sutka 45⁰ C və 1 sutka 60⁰ C temperaturda saxlanılmışdır (cəmi 3 sutka). Tam hazır bloklar qəliblərdən ayrılaraq Leica EM UC7 ultramikrotomu vasitəsilə əvvəlcə yarımnazik (1 μ) kəsiklər hazırlanmışdır. Kəsiklər ikiqat boyama üsulu ilə (a məhlulu - 0,5% metilen abısı, 0,5% azur II, 0,5% bura və b məhlulu - 5%-li spirt, 0,1%-li fuksin) rənglənmişdir. Yarımnazik kəsiklər Zeiss işıq mikroskopunda baxılaraq lazımi hissələrin şəkilləri Canon D650 (Yaponiya) rəqəmli fotokamera sistemi ilə çəkilmişdir. Işıq mikroskopu vasitəsilə baxılaraq yarımnazik kəsiklərin lazım olan hissəsindən seçilmiş sahələrdən piramidalar düzəldikdən sonra yuxarıda adı qeyd olunan ultramikrotom vasitəsilə 50-80 nm qalınlığında gümüşü və qızılı ultranazik kəsiklər hazırlanaraq gridlərə (setka) yığılmışdır. Transmission Elektron Mikroskopda baxmaq üçün həmin kəsiklər əvvəlcə 2%-li uranil-asetat məhlulu ilə 15 dəqiqə müddətində, sonra isə NaOH-in 0,1M məhlulunda hazırlanmış 0,6%-li təmiz qurğuşun-sitratla 0,5-1 dəqiqə müddətində rənglənmişdir. Ultranazik kəsiklər 80-120 KV gərginlik altında JEM-1400 transmission elektron mikroskopunda (JOEL-Yaponiya) tədqiq edilərək yan kamera (Veleta) vasitəsilə elektronqrammalar çəkilmişdir. Təsvirin morfometrik analizi Almaniyanın «Olympus Soft Imaging Solutions GmbH» şirkəti tərəfindən hazırlanmış kompyuter proqramı (The TEM imaging platform) vasitəsilə TIF formatında çəkilmiş elektronqrammalarda yerinə yetirilmişdir.

Statistik analizlər

Statistik analizlər Student t-testinə əsasən hesablanmışdır: *P*-dəyəri <0.01 (**), <0.05 (*) olduqda orta dəyərlərdəki fərqlər əhəmiyyətli hesab olunur.

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*

Çap olunmuş işlər:

1. Gurbanova U.A., Bayramov Sh.M., Guliev N.M., Huseynova I.M. (2021) Changes in some carbon and nitrogen metabolism enzymes in field-grown wheat. *Indian Journal of Science and Technology*, v. 14(43), p. 3237-3245 DOI: 10.17485/IJST/v14i43.1128
2. Rustamova S. M. (2021) *In silico* analysis of DREB transcription factor genes in bread wheat. *Journal of Life Sciences & Biomedicine*, v. 3(76), No 11, p. 60-66.
3. Rustamova S. M. (2021) Assessment of post-drought recovery process among diverse wheat genotypes using vegetation indices. *Transactions of the Institute of Molecular Biology and Biotechnologies of ANAS*, v.5, p. 19-23.
4. Aliyeva D. (2021) Coordinated action of tocopherols and ascorbic acid in vegetative organs of wheat exposed to drought. *Transactions of the Institute of Molecular Biology and Biotechnologies of ANAS*, v. 5, p. 14-18.
5. Gurbanova U. (2021) Water-soluble sugars and PEPC in photosynthetic and non-photosynthetic organs of durum and bread wheat genotypes exposed to drought. *Transactions of the Institute of Molecular Biology and Biotechnologies of ANAS*, v.5, p. 35-42.
6. Rustamova S., Naz A., Huseynova I. (2021) Evaluation and comparison of drought stress and recovery processes using Renormalized Difference Vegetation Index and Carotenoid Reflectance in wheat genotypes of Eurasian origins. 5th Symposium on EuroAsian Biodiversity (SEAB-2021), July 01-03, 2021, p.272.
7. İsgandarova T.Y. (2021) Assessment of flag leaf senescence based on cell membrane stability in wheat genotypes under drought stress. *Transactions of the Institute of Molecular Biology and Biotechnologies of ANAS*, v.5, p. 51-57.
8. Rustamova S.M., Abdullayeva G.R., Huseynova I. M. (2021) Isolation and in-silico characterization of DREB gene from genome donor species of wheat found in Azerbaijan. Karabakh II International Congress of Applied Sciences. Azerbaijan National Academy of Sciences. 8-10 November, 2021, Baku, p.35
9. İsgandarova T.Y., Rustamova S.M., Huseynova I.M. (2021) Evaluation of flag leaf senescence based on cell membrane stability under drought. Karabakh II International Congress of Applied Sciences. Azerbaijan National Academy of Sciences. 8-10 November, 2021, Baku, p.58-59.
10. Aydınli L.M., Aliyeva D.R., Huseynova I.M. (2021) Photosynthetic gas exchange parameters in leaves of bread wheat varieties exposed to drought and rewatering. Karabakh II International Congress of Applied Sciences. Azerbaijan National Academy of Sciences. 8-10 November, 2021, Baku, p.54.
11. Gurbanova U.A. (2021) Activities of C4-Photosynthetic enzymes in bread wheat genotypes. Karabakh II International Congress of Applied Sciences. Azerbaijan National Academy of Sciences. 8-10 November, 2021, Baku, p.53.
12. Ələkbərzadə L., Aydınli L., Əliyeva D. Quraqlığa davamlılığına görə fərqlənən bərk buğda genotiplərinin köklərində benzin peroksidazının fəallığı. "Heyvandarlığın müasir problemləri və innovativ konsepsiyalar" mövzusunda Beynəlxalq Elmi-Praktiki Konfrans. Göygöl, Azərbaycan, 22-24 dekabr, 2021, səh. 296-299.

Çара qəbul olunmuş işlər:

13. Rustamova S.M., Abdullayeva G.R., Shahmuradov I.A., Huseynova I.M. (2021) Isolation and data analysis of partial DREB gene from Azerbaijan wheat genotypes. *Journal of Animal and Plant Sciences (in print) (Web of Science) IF 0.526*
14. Зульфугарова С.Т., Рустамова С.М., Гусейнова И.М. (2021) Активность антиоксидантных ферментов и термостабильность мембран у генотипов твёрдой пшеницы при тепловом стрессе. *Аграрная наука (в печати)*.

Çара təqdim olunmuş işlər:

15. Rustamova S.M., Abdullayeva G.R., I.M. Huseynova (2021) Isolation and characterization of DREB gene in ancestral diploid wheat species from wheat domestication center. *Genetics and Molecular Research (submitted)*

5 İxtira və patentlər, səmərələşdirici təkliflər

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 göstərilməlidir)

Layihə üzrə KTN Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan Bölgə Təcrübə Stansiyasının tədqiqat-təcrübə sahəsinə çoxsaylı ezamiyyətlər həyata keçirilmişdir. 3 mart 2021-ci il tarixində həyata keçirilmiş ezamiyyətin əsas məqsədi müsabiqəli sort sınağı və perspektiv nümunələrdən ibarət nəzarət pitomniklərində və beynəlxalq seleksiya mərkəzləri olan CIMMYT və ICARDA-dan introduksiya olunmuş yumşaq buğda pitomniklərində monitorinqlərin aparılması olmuşdur. Eyni zamanda həm çöl şəraitində, həm də laboratoriyada aparılacaq tədqiqat işləri müzakirə edilmişdir.



Layihə icraçıları – Samirə Rüstəмова, Turanə İsgəndərova, Lələ Aydınlı və Səbinə Omarova 3 mart 2021-ci il tarixində KTN Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

27 aprel 2021-ci il tarixində həyata keçirilən ezamiyyətin əsas məqsədi boruyaçıxma

fazasında olan buğda genotiplərində fenoloji müqayisəli analizlərin aparılması olmuşdur.



Layihə icraçıları – Ulduzə Qurbanova, Lələ Aydınlı və Turanə İsgəndərova 27 aprel 2021-ci il tarixində KTN Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

17 may tarixində layihə icraçıları Durna Əliyeva, Samirə Rüstəmovə və Turanə İsgəndərova müsabiqəli sort sınağına daxil edilmiş buğda genotiplərində qeyri-invaziv fenotipləmə üzrə tədqiqatların aparılması məqsədi ilə ezamiyyətdə olublar.



17 may 2021-ci il tarixində KTN Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

25 may tarixində həyata keçirilən ezamiyyət zamanı layihə icraçıları Turanə İsgəndərova və Səbinə Omarova dəmyə şəraitində becərilmiş fərqli davamlılıq nümayiş etdirən müxtəlif yumşaq buğda genotiplərində molekulyar-genetik və biokimyəvi tədqiqatların aparılması məqsədi ilə nümunələri toplayaraq AMEA Molekulyar Biologiya və Biotexnologiyalar İnstitutunun Bioadaptasiya laboratoriyasına gətiriblər.



25 may 2021-ci il tarixində KTN Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

İyunun 3-də həyata keçirilmiş ezamiyyətin əsas məqsədi laboratoriyada molekulyar tədqiqatların aparılması üçün nümunələrin əldə edilməsi və eyni zamanda müsabiqəli sort sınağı və perspektiv nümunələrdən ibarət nəzarət pitomniklərində, beynəlxalq seleksiya mərkəzləri olan CIMMYT və ICARDA-dan introduksiya olunmuş yumşaq buğda pitomniklərində fenoloji monitorinqlərin aparılması olmuşdur.



Layihə icraçıları –Turanə İsgəndərova və Lalə Aydınli 3 iyun 2021-ci il tarixində Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi ET Əkinçilik İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

Oktyabr ayının 11-də həyata keçirilmiş ezamiyyətin əsas məqsədi süni iqlim kameralarında yetişdirmək üçün beynəlxalq seleksiya mərkəzləri olan CIMMYT və ICARDA-dan introduksiya olunmuş yumşaq buğda genotiplərinin toxumlarının əldə edilməsi və eyni zamanda Qobustan BTS-nin əməkdaşları ilə qarşıda duran əkin işlərinin müzakirə edilməsi olmuşdur.



Layihə icraçıları – Lələ Aydınlı, Turanə İsgəndərova və Səbinə Omarova 11 oktyabr 2021-ci il tarixində Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

Noyabr ayının 11-də həyata keçirilmiş ezamiyyətin əsas məqsədi isə sahədə əkin şəraitində müxtəlif buğda sortları toxumlarının əkilməsi olmuşdur. Ümumilikdə 67 yerli, 41 Rusiya mənşəli, 9 Türkiyə mənşəli, 18 Avropa mənşəli genotip və AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Genbankından əldə edilmiş 65 ədəd növmüxtəlifliyinə aid toxum əkilmişdir.





Layihə icraçıları – Samirə Rüstəmovə, Ulduzə Q!urbanova və Lalə Aydınlı 11 noyabr 2021-ci il tarixində Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi Əkinçilik ET İnstitutunun Qobustan BTS-də elmi ezamiyyət zamanı

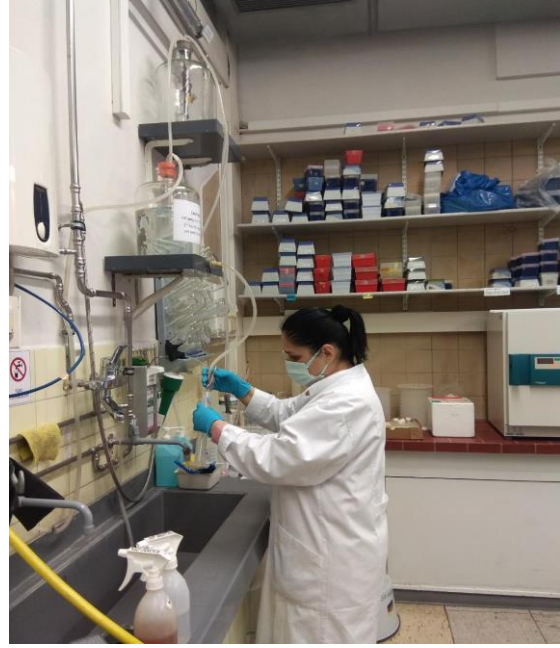
Layihə icraçıları 2022-ci ilin fevral ayında Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resursların Mühafizəsi İnstitutunda (İNRES), Bitki genetikası və Biotexnologiyası Departamentində ezamiyyətdə olublar. 02-12 noyabr 2022-ci il tarixlərində Turanə İsgəndərova yeni bioinformatik proqramların öyrənilməsi üçün təcrübə keçmək məqsədilə elmi ezamiyyətdə olmuşdur.



Layihə icraçısı Turanə İsgəndərova Almaniyanın Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resursların Mühafizəsi İnstitutunda (İNRES), Bitki genetikası və Biotexnologiyası Departamentində təcrübəkeçmə zamanı

Layihə icraçısı b.ü.f.d. Samirə Rüstəmovə isə 15-28 fevral 2022-ci il tarixlərində adı çəkilən

departamentdə elmi ezamiyyətdə olmuşdur. Ezamiyyənin əsas məqsədi yerli buğda genotiplərində DREB geninin sekvens edilərək *in silico* analizlərinin aparılması olmuşdur. Samirə Rüstəмова buğdanın 3D xromosomunda yerləşən DREB geni üçün spesifik SNP-ləri aşkar edərək onlar əsasında genom spesifik praymerlər dizayn etmişdir. Müvafiq ölçülərdə ampikonlar gəldən təmizlənərək sekvens edilmişdir. Sekvens məlumatları DNASTAR Lasergene bioinformatik proqram təminatının SeqMan Pro və SeqBuilder Pro proqramları ilə analiz edilmişdir. Yerli genotiplərdə DREB transkripsiya faktoru geni üçün genetik xəritənin mini modeli qurulmuşdur.



Layihə icraçısı Samirə Rüstəмова Almaniyanın Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resursların Mühafizəsi İnstitutunda (INRES) Bitkilərin Genetikası və Biotexnologiyası Departamentində tədqiqat zamanı

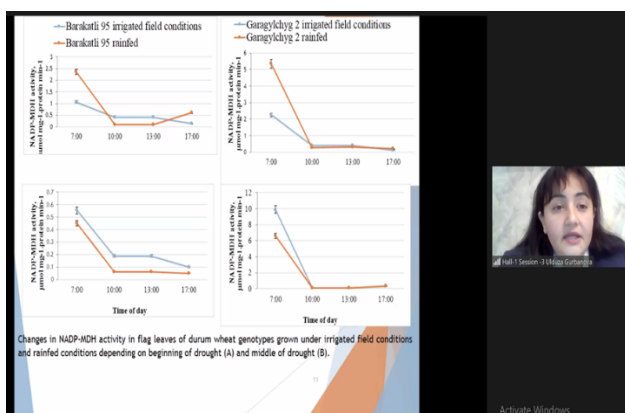
7 Layihə üzrə elmi ekspedisiyalarda iştirak (əgər varsa)

8 Layihə üzrə digər tədbirlərdə iştirak

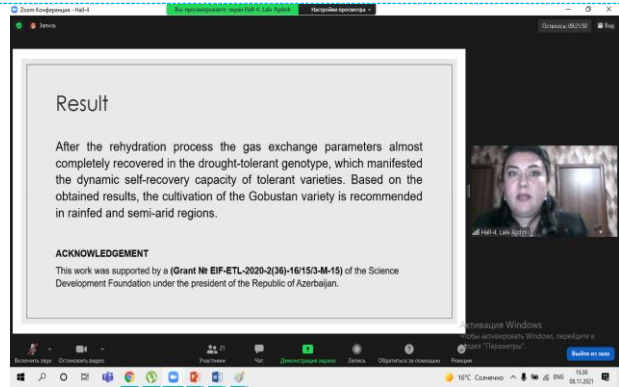
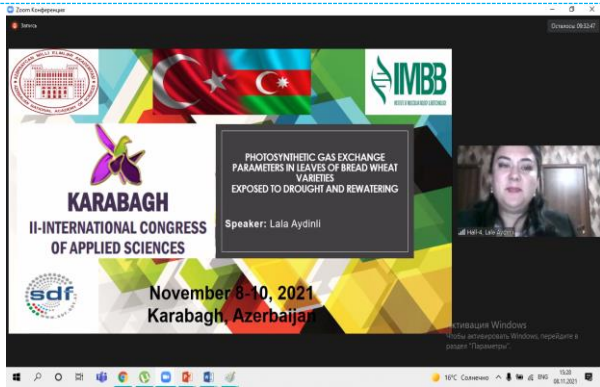
Layihə icraçıları 8-9 noyabr 2021-ci il tarixlərində Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası və Türkiyənin İKSAD İnstitutunun birgə təşkilatçılığı ilə keçirilən, Zəfər Gününə və Şəhidlərimizin əziz xatirəsinə həsr edilən II Beynəlxalq Qarabağ – Tətbiqi Elmlər Konqresində layihə üzrə yerinə yetirilən elmi-tədqiqat işlərinin nəticələrini təqdim edərək, maliyyə dəstəyinə görə Elmin İnkişafı Fonduna minnətdarlıqlarını bildiriblər.



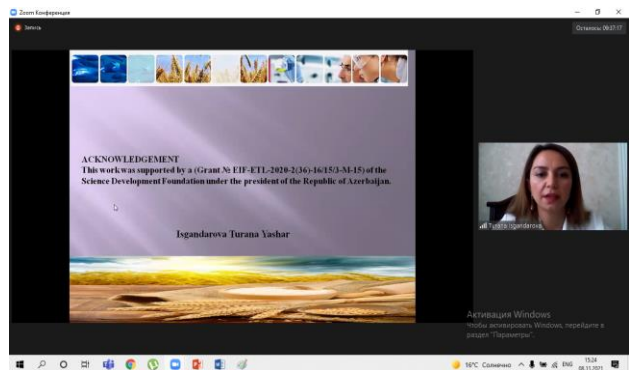
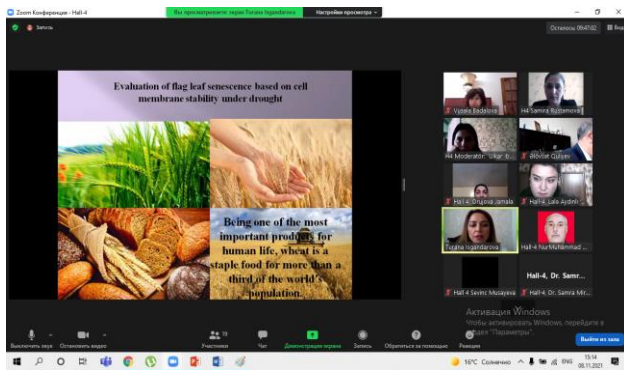
Layihə icraçısı b.ü.f.d. Samirə Rüstəmovə “Isolation and in-silico characterization of DREB gene from genome donor species of wheat found in Azerbaijan” mövzusunda məruzə ilə çıxış zamanı



Layihə icraçısı b.ü.f.d. Ulduzə Qurbanova “Activities of C4-Photosynthetic enzymes in bread wheat genotypes” mövzusunda məruzə ilə çıxış zamanı

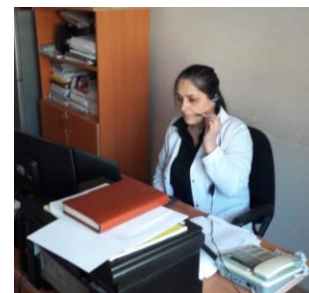
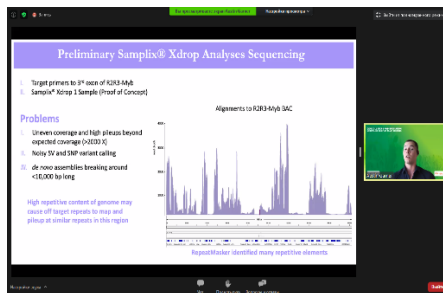


Layihə icraçısı Lalə Aydınli “Photosynthetic gas exchange parameters in leaves of bread wheat varieties exposed to drought and rewatering” mövzusunda məruzə ilə çıxış zamanı



Layihə icraçısı Turanə İsgəndərova “Evaluation of flag leaf senescence based on cell membrane stability under drought” mövzusunda məruzə ilə çıxış zamanı

Layihə icraçısı b.ü.f.d. Samirə Rüstəмова “Global Engage” –in təşkilatçılığı ilə keçirilən “Gene Clusters and Speciation – Unraveling Complex Plant Genomes” mövzusunda vebinarda iştirak etmişdir. Adı çəkilən vebinarda Xdrop, RNASeq, genlərin klasterizasiyası və xəritə əsaslı genlərin klonlaşdırılması kimi yeni texnologiyalar haqqında məlumat verilmiş və onların bitki genomikində istifadə imkanları müzakirə edilmişdir.



Layihə icraçısı b.ü.f.d. Samirə Rüstəмова “Gene Clusters and Speciation – Unraveling Complex Plant Genomes” mövzusunda vebinarda iştirak zamanı

| | |
|--------|--|
| | (məlumat tam şəkildə göstərməlidir: a) məruzənin növü: plenar, dəvətli, şifahi və ya divar məruzəsi; b) tədbirin kateqoriyası: ölkədaxili, regional, beynəlxalq) |
| | Layihə çərçivəsində aparılan təcrübələrin nəticələrinin analizi və növbəti işlərin planlaşdırılması məqsədilə həm layihə icraçıları, həm də yerli həmkarlarla dəyirmi masa ətrafında, həm də xarici həmkarlarla zoom platforması üzərindən dəfələrlə müzakirələr aparılmışdır. |
| 1 0 | Layihə üzrə əldə olunmuş cihaz, avadanlıq və qurğular, mal və materiallar, komplektləşdirmə məmulatları |
| 1 1 | Yerli həmkarlarla əlaqələr Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Qobustan Bölgə Təcrübə Stansiyasının direktoru, b.ü.f.d. Atabəy Cahangirov və institutun əməkdaşları ilə əlaqələr mövcuddur. |
| 1 2 | Xarici həmkarlarla əlaqələr Almaniyanın Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resurslarının Mühafizəsi İnstitutunun Bitkilərin Genetikası və Biotexnologiyası Departamentinin əməkdaşı professor Ali Ahmad Naz ilə əlaqə saxlanılır. |
| 1 3 | Layihə mövzusu üzrə kadr hazırlığı (əgər varsa) Layihə iştirakçısı Lalə Aydınli "Bitki fiziologiyası" ixtisası üzrə dissertasiyasını uğurla müdafiə etmiş və AR Prezidentinin yanında AAK-nın Qərarı ilə biologiya üzrə fəlsəfə doktoru elmi dərəcəsinə almışdır. AMEA Molekulyar Biologiya və Biotexnologiyalar İnstitutunun "Molekulyar biologiya" ixtisasında magistrantı Jalə Mehdiyeva bu istiqamətdə magistr dissertasiyasını uğurla müdafiə etmişdir. Layihə iştirakçılarından elmlər doktoru hazırlığı proqramı üzrə "Molekulyar biologiya" ixtisasında Samirə Rüstəmovə, "Biokimya" ixtisasında Durna Əliyeva və Ulduzə Qurbanova, biologiya üzrə fəlsəfə doktoru hazırlığı proqramı üzrə "Molekulyar biologiya" ixtisasında Turanə İsgəndərova və "Biokimya" ixtisasında dissertant Səbinə Omarova, eyni zamanda institutun layihə iştirakçısı olmayan "Molekulyar biologiya" ixtisası üzrə doktorantları Səidə Zülfüqarova, Natella Əliyeva və Bakı Dövlət Universitetinin "Molekulyar biologiya" ixtisası üzrə II kurs magistrantı Fəridə Fərmanova və I kurs magistrantları Mədinə Mahmudova və Həcər Bağirova, "Biokimya" ixtisası üzrə II kurs magistrantı Anella Qəribova gənc kadrlar kimi hazırlanmışdır. |
| 1 4 | Sərgilərdə iştirak (əgər baş tutubsa) |
| 1 5 | Təcrübəartırmada iştirak və təcrübə mübadiləsi (əgər baş tutubsa) |
| | 30 noyabr - 02 dekabr 2021-ci il tarixlərində layihə icraçıları Lalə Aydınli və Turanə İsgəndərova Türkiyənin Ankara şəhərində keçirilən Orta Doğu Teknik Universiteti, COMCEC və |

COMSTECH təşkilatlarının birgə həyata keçirdiyi “New breeding Technologies for Food and Nutritional Security” mövzusunda həsr olunmuş təlim və seminarda iştirak edənlər, eyni zamanda Türkiyə Respublikasının Kənd Təsərrüfatı Nazirliyinin Biotexnologiya Mərkəzində olublar. Seminarın məqsədi Türkiyə, Pakistan, Səudiyyə Ərəbistanı, Azərbaycan və digər müsəlman ölkələrində qida və ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında yeni seleksiya texnologiyalarının imkanlarından istifadə olunması üçün birgə kadr hazırlığı, biotexnoloji elmi-tədqiqat mərkəzlərinin maddi-texniki təchizatının müasir səviyyəyə çatdırılması və dənli bitkilərin ətraf mühitin əlverişsiz şəraitinə davamlı formaların işlənilib hazırlanmasında yeni seleksiya texnologiyaların üstünlükləri haqqında iştirakçılara məlumat vermək, gələcəkdə bu istiqamətdə tədqiqat aparan elmi mərkəzlərin birgə layihələrdə iştirakını təmin etmək olmuşdur.



Layihə icraçıları Lələ Aydınlı və Turanə İsgəndərova Türkiyənin Ankara şəhərində keçirilən Orta Doğu Teknik Universiteti, COMCEC və COMSTECH təşkilatlarının birgə həyata keçirdiyi “New breeding Technologies for Food and Nutritional Security” mövzusunda həsr olunmuş təlim və seminarda iştirak zamanı

02-12 noyabr 2022-ci il tarixlərində layihə icraçısı Turanə İsgəndərova Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resursların Mühafizəsi İnstitutunda (İNRES), Bitkilərin Genetikası və Biotexnologiyası Departamentində təcrübə keçmişdir. Bu müddət ərzində o, DNT ekstraksiyası üçün fərqli üsul olan SDS (Sodium Dodecyl Sulfate) metodunu, “PCR purification and Sequencing” (Sanger sequencing), “Primer3 plus”, “DNA star” (Seqbuilder və

Seqman pro-*Consuquens map*) proqramları ilə işləmək bacarıqlarını əldə etmişdir.



Layihə icraçısı Turanə İsgəndərova Almaniyanın Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resursların Mühafizəsi İnstitutunda (INRES), Bitki genetikası və Biotexnologiyası Departamentində təcrübəkeçmə zamanı

- 1 Layihə mövzusu ilə bağlı elmi-kütləvi nəşrlər, kütləvi informasiya vasitələrində çıxışlar, yeni yaradılmış
- 6 internet səhifələri və s. (məlumatı tam şəkildə göstərilməlidir)

SİFARİŞÇİ:

Elmin İnkişafı Fondu

Baş məsləhətçi

Daşdəmirova Xanım Faiq qızı

(imza)

“ _ ” _____ 20_-ci il

İCRAÇI:

Layihə rəhbəri

Hüseynova İradə Məmməd qızı

(imza)

“ _ ” _____ 20_-ci il



**AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASININ PREZİDENTİ YANINDA
ELMİN İNKİŞAFI FONDU**

MÜQAVİLƏYƏ ƏLAVƏ

**Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Elmin İnkişafı Fondunun
Elmi-tədqiqat layihələri üzrə əsas qrant müsabiqəsinin
(EIF-ETL-2020-2(36)) qalibi olmuş
layihənin yerinə yetirilməsi üzrə**

**ALINMIŞ NƏTİCƏLƏRİN ƏMƏLİ (TƏCRÜBİ) HƏYATA KEÇİRİLMƏSİ
VƏ LAYİHƏNİN NƏTİCƏLƏRİNDƏN GƏLƏCƏK TƏDQIQATLARDƏ
İSTİFADƏ PERSPEKTİVLƏRİ HAQQINDA
MƏLUMAT VƏRƏQİ**

(Qaydalar üzrə Əlavə 16)

Layihənin adı: **Buğdada quraqlığa davamlılığa cavabdeh açar genlərin ekspressiyası ilə metabolom arasında qarşılıqlı əlaqənin müəyyən edilməsi əsasında stresə davamlılıq mexanizminin konseptual modelinin işlənilib hazırlanması**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Hüseynova İradə Məmməd qızı**

Qrantın məbləği: **70 000 manat**

Layihənin nömrəsi: **EIF-ETL-2020-2(36)-16/15/3-M-15**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **23 fevral 2021 – ci il**

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

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 mart 2021-ci il– 01 mart 2022-ci il**

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

Layihənin nəticələrinin əməli (təcrübi) həyata keçirilməsi

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

- ✓ Buğdada quraqlıqla induksiya olunan transkriptom *in silico* analiz edilmişdir. Dreb geninin tədqiqi məqsədlə NCBI (*The National Center for Biotechnology Information*) Məlumat Bazasından qəbul nömrələri (AF303376.1, AB193608.1, KM520370.1, DQ195068.1) olan genlər haqqında məlumatlar əldə edilmiş, hər bir genin nukleotid ardıcılığını özündə əks etdirən FASTA-ları yüklənərək genlərin ekzon-intron quruluşu haqqında məlumatlar müəyyən edilmişdir. Hər bir genin kodlaşdırdığı proteinlərin aminturşu ardıcılıqları bazanın “translyasiya” funksiyasından istifadə edilərək yüklənmişdir. Müvafiq genlərdə

alternativ splaysinqdə iştirak edə biləcək ekzonlar proqnozlaşdırılmışdır. Əldə olunan FASTA məlumatları CLUSTAL format alignment by MAFFT v7.427 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server>) proqramı ilə müqayisəli analiz edilmişdir. Bu genlərdə əsas konservativ sahələr müəyyən edilərək praymerlərin dizayn edilməsində istifadə edilmişdir.

- ✓ Buğda bitkisinin quraqlıq stresinə məruz qalmasının əsas göstəricisi olan və lipidlərin peroksidləşməsi nəticəsində əmələ gələn malondialdehidin (MDA) miqdarı ölçülmüşdür. Müəyyən olunmuşdur ki, nəzarət (suvarılan) variantlarında bütün genotiplərin yarpaqlarında MDA-nın miqdarı quraqlığa məruz qalmış variantlarla müqayisədə aşağıdır. Quraqlığın təsirindən yarpaqlarda MDA-nın miqdarı artmış və bu artım Aran və Qızıl buğda genotiplərində daha nəzərəçarpan olmuş və uyğun olaraq, $3,7 \pm 0,3$ və $4,2 \pm 0,4$ mkmol/q yaş biokütlə təşkil etmişdir. Belə ki, Aran genotipinin yarpaqlarında MDA-nın miqdarı nəzarətlə müqayisədə 2,6 dəfə, Qızıl buğdadada isə 2,8 dəfə artmışdır. Bu isə həmin genotiplərin daha çox stressə məruz qaldığını göstərir. Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində isə bu göstəricinin qiymətində nisbətən az (1,5 dəfə) artım müşahidə olunmuşdur.
- ✓ Askorbat-qlütation tsiklinin (AsT-GSH) tsiklinin əsas komponentlərindən olan askorbatperoksidaza fermenti (APO) stres zamanı bitki hüceyrələrində yaranan H_2O_2 -nin parçalanmasında mühüm rol oynayır. Spektrofotometrik metodla aparılan analizlər nəticəsində müəyyən olunmuşdur ki, normal şəraitdə APO-nun konstitutiv fəallığı Zirvə-85 genotipində $19,9 \pm 0,9$ $\mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Aran genotipində $12,8 \pm 0,6$ $\mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Murov-2 genotipində $14,9 \pm 0,7$ $\mu\text{mol/mq}$ zülal dəq, Qızıl buğdadada isə $19,4 \pm 0,9$ $\mu\text{mol/mq}$ zülal dəq olmuşdur. Quraqlıq bütün genotiplərin yarpaqlarında APO-nun fəallığının nəzarətlə müqayisədə artmasına səbəb olmuşdur. Statistik cəhətdən əhəmiyyətli artım Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində müşahidə olunmuşdur (uyğun olaraq, 1,8 və 2,3 dəfə). Aran genotipində statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə edilməmiş, Qızıl buğdadada isə bu artım tədqiq olunan digər genotiplərdən fərqli olaraq suvarılan variantla müqayisədə quraqlıq zamanı aşağı olmuşdur (təqribən 1,2 dəfə).
- ✓ III sinif peroksidazaların nümayəndələrindən sayılan qvayakolperoksidaza (QPO) fermenti liqнинin biosintezində fəal iştirak edərək stres zamanı hüceyrə divarının möhkəmlənməsində və bitkinin stressdən müdafiəsində əhəmiyyətli rola malikdir. Quraqlıq zamanı tədqiq olunan genotiplərdə stresin təsirinə cavab olaraq bu fermentin fəallığı müxtəlif səviyyələrdə artmış, Aran genotipində digər genotiplərlə müqayisədə daha nəzərəçarpan olmuş, Zirvə-85-də isə statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə olunmamışdır.
- ✓ Bitkinin quraqlığa davamlılığının formalaşmasında mühüm əhəmiyyətə malik olan katalaza fermenti (KAT) stres zamanı sintezi güclənən hidrogen peroksidi su və oksigenə parçalamaqla onun zərərli təsirini neytrallaşdıran əsas antioksidant fermentlərdəndir. Bizim təcrübələrdə quraqlıq zamanı KAT-ın fəallığı artmışdır. Belə ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində quraqlıq zamanı katalaza fermentinin fəallığı suvarılan variantlarla müqayisədə 1,2 və 1,3 dəfə artmış, Aran və Qızıl buğdadada isə statistik əhəmiyyətli artım müşahidə olunmamışdır.
- ✓ Süni iqlim kamerasında cücerti səviyyəsində aparılan təcrübələrdən alınan nəticələr əsasında müəyyən olunmuşdur ki, tədqiq olunan yumşaq buğda genotiplərindən Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin yarpaqlarında Aran və Qızıl buğda genotipləri ilə müqayisədə

quraqlıq zamanı MDA-nın miqdarında nisbətən azalma, antioksidant fermentlərin fəallığında isə daha yüksək artım müşahidə olunur. İlkin olaraq laboratoriya şəraitində əldə olunan nəticələr əsasında belə qənaətə gəlmək olar ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotipləri quraqlığın təsiri nəticəsində yaranan oksidləşdirici stresə qarşı daha güclü müdafiə qabiliyyətinə malikdir.

- ✓ Əsas azot metabolizmi fermentlərindən olan NAD-malatdehidrogenazanın (NAD-MDH) fəallığı həm normal suvarılan, həm də 5 günlük quraqlıq stresinə məruz qalmış buğda yarpaqlarında müqayisəli şəkildə analiz edilmişdir. Bu ferment fotosintetik assimilyatların müxtəlif orqanlar arasında paylanması, fotosintez və tənəffüs prosesləri arasındakı tarazlığın yaranmasında mühüm rol oynayır. Zirvə-85 sortunun yarpaqlarında normal suvarılan variantda fermentin fəallığı $11,4 \pm 1,2 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$, stresə məruz qalmış variantda isə $17,38 \pm 2,0 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$ təşkil etmişdir. Başqa sözlə, stres zamanı fermentin fəallığında 1,5 dəfə yüksəlmə müşahidə edilmişdir. Aran və Murov-2 sortlarında da NAD-MDH fermentinin fəallığı təxminən Zirvə-85 sortu üçün müşahidə olunan qiymətlərə yaxın olmuşdur. Digər sortlardan fərqli olaraq Qızıl buğda sortunda stres zamanı fermentin fəallığında azalma müşahidə olunmuşdur. Belə ki, suvarılan nümunələrin yarpaqlarında NAD-MDH fermentin fəallığı $17,6 \pm 1,8 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$, stresə məruz qalmış nümunələrdə isə $15,0 \pm 1,45 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$ təşkil etmişdir. NAD-MDH fermentin ən yüksək aktivliyi Aran sortunun stresə məruz qalmış yarpaqlarında ($18,08 \pm 2,0 \mu\text{mol OA} / \text{zülal dəq}^{-1}$) müşahidə edilmişdir. Malat nitratın reduksiyası reaksiyasının NADH ilə təmin edilməsi, yağ turşularının biosintezinin karbon zənciri ilə təmin edilməsi, fototənəffüsə yardım, osmotik təzyiğin tənzimlənməsi vasitəsilə ağızçıqların hərəkəti, hüceyrə pH-na nəzarət, redoks hemostaz və hüceyrə kompartimentləri arasında reduksiya olunmuş ekvivalentlərin nəqli və mübadiləsi kimi bir çox fizioloji proseslərdə iştirak edir. Malatın sintezi FEPK və MDH-in ardıcıl fəaliyyətinin nəticəsidir. Malat canlı orqanizmlərdə elektronların əsas ötürücüləri olan piridin nukleotidlərinin oksidləşmə-reduksiyası reaksiyalarında iştirak edir. O MDH fermentinin aktivliyinin inhibitoru olmaqla bir çox zülalların biosintezinə təsir edən faktorlardan biri hesab olunur. Bundan başqa malat kaliyuma əks ion olmaqla onunla birlikdə bitki hüceyrəsinin tonoplastının keçiriciliyinə təsir edən vakuolların osmotik potensialını yaradır.
- ✓ Aspartataminotransferaza (AspAT/ASAT/AAT) fermenti (digər adı qlütamat-oksalasetat transaminaza (GDH)) α -amin qruplarının aspartat və qlütamat arasında daşınmasını təmin edir. Aspartat (Asp) və α -ketoglutaratın oksalasetat və L-qlütamata (Glu) çevrilməsi dönrə reaksiyasını kataliz edir. Aspartat karbohidrat mübadiləsi ilə amin turşu mübadiləsi arasında əlaqəni təmin edən həm katabolizmi, həm də anabolizmində, purin əsaslarının biosintezində, qlikolitik və oksidləşdirici fosforlaşmada mühüm rol oynayır. Aspartat bir çox metabolitlərin, o cümlədən əvəzolunmaz amin turşularının (Arg, Glu, Asn), aromatik amin turşuların (Tyr və Phe), zülal metabolizminin və Krebs tsiklinin aralıq metabolitidir. Aspartat aralıq metabolit kimi bitkinin böyümə və inkişafında, stresə davamlılıq mexanizminin formalaşmasında iştirak edir. Aspartat quraqlıq stresinə xüsusi həssas metabolitlərdən biridir. Aspartatın miqdarının, axınının və bitkinin toxumalarında nəqlinin tənzimlənməsi dəyişən əlverişsiz mühit şəraitinə uyğunlaşmada mühüm rola malikdir. Bu məqsədlə tədqiq olunan buğda sortlarının flaq yarpaqlarında aspartataminotransferaza fermentinin fəallığı tədqiq olunmuşdur. ASAT fermenti bütün sortların stresə məruz qalmış variantlarında normal suvarılan variantlarla müqayisədə daha yüksək olmuşdur. ASAT fermentinin fəallığı Zirvə-85 sortunun suvarılan bitkilərdən götürülmüş yarpaq nümunələrində $0,059 \pm 0,007 \mu\text{mol mq}^{-1} \text{zülal dəq}^{-1}$, quraqlıq stresinə məruz qalmış

nümunələrdə isə $0,116 \pm 0,02 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ tərtibində olmaqla, müqayisədə 2 dəfə yüksəlmişdir. Tədqiq edilmiş yumşaq buğda sortları arasında ən yüksək göstərici Zirvə-85 sortunun quraqlıq variantına aiddir. Aran sortunda isə suvarılan ($0,054 \pm 0,008 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹) və stresə məruz qalmış nümunələrdə ($0,056 \pm 0,007 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹) fermentin fəallığı nisbətən yaxın olsa da, quraqlıq variantda qismən yüksək olmuşdur. Qızıl buğda sortunun suvarılan variantlarında fermentin fəallığı $0,088 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹, stres variantlarda isə $0,105 \pm 0,001 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ müşahidə edilmişdir. Yəni ASAT fermentinin fəallığı quraqlıq variantında 1,2 dəfə daha yüksək olmuşdur. ASAT-ın fəallığı Murov-2 sortunun quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarında ($0,091 \pm 0,001 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹) suvarılan varianta nisbətən ($0,039 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹) 2,3 böyük dəfə yüksək olmuşdur. Təcrübə və stres variantı arasında ən böyük fərq Murov-2 sortunda müşahidə edilmişdir.

- ✓ Alaninaminotransferaza (ALT/ALAT) fermenti L-alanin (Ala) və 2-oksiqlutaratın piruvat və L-qlütamata (Glu) çevrilməsini kataliz edir. Bəzi bitkilərdə osmoprotektiv birləşmə β-alanin betainə, digərlərində isə antioksidant homoplütationa çevrilir. Tədqiq olunan buğda sortlarında alaninaminotransferazanın fəallığı quraqlıq stresinə məruz qalmış nümunələrdə yüksək olmuşdur. Zirvə-85 sortunda alaninaminotransferazanın fəallığı suvarılan nümunələrin yarpaqlarında $0,079 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹, quraqlıq sortuna məruz qalmış bitkilərin yarpaqlarında $0,083 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ olmuşdur. Aran sortunda ALAT fəallığı suvarılan variantda $0,089 \pm 0,01 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹, stres variantında $0,354 \pm 0,04 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ müşahidə edilmişdir ki, bu da suvarılan variantla müqayisədə 3,9 dəfə yüksəkdir. Alaninaminotransferaza fermentinin ən yüksək fəallığı Qızıl buğda sortunda, ən aşağı fəallıq isə Zirvə-85 sortunda müşahidə edilmişdir. Murov-2 sortunda fermentin fəallığı hər iki variantda bir-birinə yaxın olmuşdur. Hesab olunur ki, sərbəst amin turşuları formasında alaninin bitki orqanizmlərində toplanması yarpaqların su təchizatının azalması ilə bağlıdır. Su stressi zamanı bitkilərdə alaninin toplanması, alaninin metabolizmində iştirak edən fermentlər və su stresinə tolerantlıq arasında müsbət korrelyasiya mövcuddur.
- ✓ Fosfoenolpiruvatkarboksilaza (FEPK) bitkilərdə karbonun fotosintetik fiksasiyasında mühüm rol oynamaqla yanaşı, qeyri-fotosintetik toxumalarda anapüleretik funksiyaları yerinə yetirərək Krebs tsiklini dörd karbonlu üzvi turşularla təmin edərək azotun assimilyasiyası və amin turşularının biosintezi üçün lazım olan karbon skeleti ilə onların təmin olmasında mühüm rol oynayır. Fosfoenolpiruvatkarboksilazanın qeyri-fotosintetik izoformaları ağızcıqların funksiyasının tənzimlənməsində, sitoplazmatik pH-ın sabit saxlanılmasında iştirak edirlər. O, CO₂ qazının bikarbonat (HCO₃⁻) formasını substrat kimi istifadə etməklə FEP-in dönməyən β karboksilləşməsinə həyata keçirərək oksalasetatın və qeyri-üzvi fosfatın əmələ gəlməsi reaksiyasını kataliz edir. Fosfoenolpiruvatkarboksilazanın fəallığına bir çox daxili və xarici amillər, o cümlədən ətraf mühitin temperaturu, mühitin pH-ı və eləcə də, metabolik effektorlar təsir edir. FEPK fermentinin fəallığı Zirvə-85 sortunun suvarılan variantında $21,5 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹, quraqlıq variantında isə $53,7 \pm 6,2 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ təşkil etmişdir. Zirvə-85 sortunda quraqlıq variantda ALAT fermentinin fəallığı 2,5 dəfə yüksəlmişdir. Murov-2 sortunda suvarılan variantda $20,8 \pm 2,2 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ olmuş, quraqlıq variantında isə $10,1 \pm 1,2 \mu\text{mol mq}^{-1}$ zülal dəq⁻¹ səviyyəsinə qədər azalmışdır. Murov-2 və Qızıl buğda sortunda quraqlıq variantlarında fermentin fəallığı 2 dəfə azalmışdır. FEPK fermentinin fəallığı tədqiq olunan yumşaq buğda sortları arasında Zirvə-85 sortunun stresə məruz qalmış yarpaqlarında FEPK digər nümunələrlə müqayisədə daha yüksək olmuşdur. Tədqiqatların

nəticələri FEPK-nın anapüerotik yolunda fosfoenolpiruvatın artdığını və bununla da fotoasimilyatların paylanması şəkərlər/nişastadan üzvi turşular və aminturşuları istiqamətində yerini dəyişdiyini göstərmişdir. Alınmış nəticələr tədqiq olunan fermentlərin fəallığının buğdada quraqlıq stresinə adaptasiya proseslərində karbonun və enerjinin paylanmasında mühüm rola malik olduğunu əks etdirir.

- ✓ Buğdanın yabani əcdadlarında DREB transkripsiya faktoru geninin AP2 domeninin allel variantları identifikasiya edilərək molekulyar xarakterizə edilmişdir. DREB geninin AP2 domeninə uyğun gələn hissəsi konservativ region üçün dizayn edilmiş gen-spesifik praymerlərlə amplifikasiya edilmişdir. Gözlənilən 500 bp ölçüsündə fraqment tədqiq olunan genotiplərdə müvəffəqiyyətlə sintez olunmuşdur. Hissəvi DREB geninin izolyasiyası üçün preparativ PZR həyata keçirilmişdir. Amplifikasiya məhsulları 1.5%-li aqaroza gelində ayrılmış, xüsusi purification kit-reagentlər dəstinin köməyi ilə təmizlənərək sekvens olunmuşdur.
- ✓ Fast fourier transform server MAFFT v7.271 istifadə etməklə hər üç növdən olan DREB allellərinin nukleotid ardıcılığı müqayisəli analiz edilmişdir. *Ae. tauschi* və *T. urartu* arasında cüt düzlənmənin hesablanması göstərmişdir ki, bunlar arasında 46240.0 hesabı ilə identiklik 97.52%, *Ae. speltoides* və *T. urartu* arasında 14660.0 hesabı ilə identiklik 54.73% və nəhayət *Ae. speltoides* və *Ae. tauschi* arasına 14980.0 hesabı ilə identiklik 55.55% təşkil etmişdir. *Ae. Speldoides*-də çoxsaylı SNP-lər, insersiya və delesiyalar müşahidə olunmuşdur. 43-50-ci pozisiyada müşahidə olunan 8 nukleotid uzunluğunda insersiya 101-108-ci pozisiyada eyni uzunluqda delesiya ilə əvəz olunur. Bundan sonra müxtəlif ölçülü insersiya və delesiyalar bir-birini əvəz edir. Bu bitkidə rast gəlinən SNP-lərin 45%-i tranzisiyalardır. *T. urartu* və *Ae. tauschi* arasında da 11 SNP müəyyən edilmişdir. Bunlardan üçü (51, 59 və 506-cı pozisiyalarda) tranzisiya, yerdə qalanları isə (8, 195, 196, 205, 501, 503, 504, və 505-ci pozisiyalarda) transversiyalar təşkil edir. Baş verən mutasiyaların sinonimik yaxud qeyri-sinonimik olmasını yoxlamaq məqsədilə nukleotid ardıcılığı aminturşu ardıcılığına translyasiya edilmişdir.
- ✓ *T. urartu* -nun 487 bp DNT ardıcılığında FGENESH proqramı 1 ekzondan ibarət və təxminən 148 aminturşu ardıcılığında 1 geni proqnozlaşdırmışdır. Bu ekzon 16-462-ci pozisiyalarda yerləşir.
- ✓ *Ae. tauschi*-nin 481 bp uzunluğunda ardıcılığında FGENESH proqramı 148 aminturşu uzunluğunda bir polipeptidi kodlaşdıran 1 ekzonu proqnozlaşdırmışdır. Bu ekzonun 12-458-ci pozisiyalarda olub 447 bp uzunluğunda olması güman edilir.
- ✓ Onlayn translyasiya alətlərindən (web.expasy.org/translate/) istifadə etməklə, nukleotid ardıcılıqları mümkün olan 6 oxunma çərçivələrinə translyasiya edilmişdir. Bu proqramlarla *Ae. speltoides*-də proqnozlaşdırılan aminturşu ardıcılıqları üçün NCBI-da əhəmiyyətli uyğunluq tapılmamışdır. *T. urartu*-ya uyğun aminturşu ardıcılığının NCBI-da BLASTp axtarışı nəticəsində seçilən ilk onluqda *query coverage* 94-98% olmaqla identiklik 86-97%, *Ae. tauschi* üçün isə *query coverage* 94-97% olmaqla identiklik 96-97% olmuşdur.
- ✓ DREB geninin AP2 domenində aminturşu qalıqlarının əvəzlənmələrinə səbəb olan SNP-lər aşkar edilmişdir. *T. urartu* və *Ae. tauschi*-dən ayrılmış DREB genlərin kodlaşdırdığı aminturşu ardıcılıqların INTERPROSCAN və SMART proqramlarının köməyi ilə müqayisəli analizi AP2 domeni təyin etməyə imkan vermişdir. Konservativ sahələrin identifikasiyası üçün əldə olunmuş DREB geninin aminturşu ardıcılıqları ilə [Poaceae](#) fəsiləsnə mənsub

olan və NCBI GenBank-ında mövcud olan 23 növdə AP2-ə malik və DRE-birləşdirən zülalları MAFFT v7.271 proqramının köməyi ilə müqayisəli analiz edilmişdir. *T. urartu*-da 77-ci pozisiyada asparagin (N) prolinlə (P), 80-ci pozisiyada isə sistein (C) serinlə (S) əvəz olunub. *Ae. tauschii*-də isə 29-cu pozisiyada arginin (R) glisinlə (G) əvəz olunmuşdur. Eyni zamanda alignment olunmuş digər bitkilərdən fəqli olaraq hər iki bitkidə müşahidə olunan aminturşu əvəzlənmələri də diqqəti cəlb edir. Bunlar 74-cü pozisiyada glisinin (G) sisteinlə (C), 95-ci pozisiyada alaninin (A) aspartic acid-lə (D) və 105-ci pozisiyada arginin (R) triptofanla (W) əvəz olunmalarıdır.

- ✓ Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında quraqlıq variantında hidrogen peroksidin miqdarı suvarılan variantla müqayisədə 1,4 dəfə, Aran genotipində 1,6 dəfə, Murov-2 genotipində 1,5 dəfə, Qızıl buğdada isə 1,8 dəfə artmışdır. Qızıl buğda və Aran genotiplərinin yarpaqlarında suvarılan variantla müqayisədə statistik əhəmiyyətli dəyişikliyin müşahidə olunması bu genotiplərin daha çox abiotik stresə məruz qalması haqqında fikir yürütməyə imkan verir. Quraqlıq zamanı buğda bitkisinin yarpaqlarında H₂O₂-nin toplanma dinamikasına əsasən bu göstəricidən davamlı sortların skriningi zamanı istifadə etmək olar.
- ✓ Bitki hüceyrələri hidrogen peroksidi parçalamaq üçün peroksidazalar, peroksireduksinlər, qlütationtransferazalar kimi bir sıra fermentlərə malikdir, lakin bunların içərisində peroksisomlarda rast gəlinən katalazanın, membranlarda lokalizə olunan peroksidazanın və xloroplastlarda, sitozolda, mitoxondrilərdə rast gəlinən askorbatperoksidazanın xüsusi əhəmiyyəti var. Quraqlıq stressi zamanı hüceyrələri oksigenin fəal formalarının zərərli təsirindən müdafiə edən əsas fermentlərdən biri askorbatperoksidazadır (APO). O, fototənəffüs zamanı hüceyrədə əmələ gələn və kifayət qədər toksiki olan hidrogen peroksidin parçalanmasını həyata keçirir. Tədqiq olunan buğda genotiplərinin yarpaq hüceyrələrindən alınmış bitki ekstraktlarının nativ PAAG-da elektroforetik analizi zamanı yarpaq hüceyrələrində APO-nun 7 izoformasını müşahidə edilmişdir. Bu izoformalardan 5-i orta, 2-si isə yüngül molekulyar kütləsinə malikdir. Suvarılan variantlarla müqayisədə quraqlıq variantlarında bu izoformaların sayında fərq olmasa da, onların intensivliyinin dəyişməsi müşahidə olunmuşdur. Elektroforetik analizin nəticələrinə əsasən müəyyən olunmuşdur ki, tədqiq olunan bütün nümunələrdə katalazanın 1 izoformasını mövcuddur. Quraqlıq variantında bu izoformaların intensivliyi artmış, lakin bu artım Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində daha qabarıq nəzərə çarpmışdır.
- ✓ Müəyyən olunmuşdur ki, normal şəraitdə bütün genotiplərdə qvayakolperoksidaza (QPO) ağır molekulyar kütləli 3 (QPO1, QPO2 və QPO3) konstitutiv izoformasını mövcuddur. Elektroforeqramdan görüldüyü kimi, quraqlıq variantda QPO1-in intensivliyi azalmış, QPO2-nin intensivliyi isə güclənmişdir. Bu fərq Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərində daha qabarıq nəzərə çarpır. QPO2-nin intensivliyinin artmasına əsasən bu izoformanın bitkinin quraqlığa davamlılığında mühüm rol oynaması güman olunur.
- ✓ NADF-malatdehidrogenaza (NADF-MDH) fəallığı işıqla modulyasiya olunur. Fotosintetik elektron nəqlinin izafi elektronları NADF-in reduksiya olunmuş formasında NADF-dən asılı MDH vasitəsilə oksal-asetatın malata reduksiyasında istifadə edilir və elektron akseptoru olan NADF regenerasiya olunur. NADF-MDH, şübhəsiz, redokstənzimlənən, işıqda fəallaşan və qaranlıqda qeyri-aktiv olan fermentdir. NADF-MDH ən yüksək fəallığı Murov-2 və Zirvə-85 genotipində müşahidə edilmişdir. Murov-2 genotipində fermentin fəallığı suvarmadan 4 gün sonra 40,0%, suvarmadan 6 gün sonra 57,2% artmışdır. Zirvə-85

genotipinin yarpaqlarında NADF-MDH fermentinin fəallığı suvarılan və təcrübə variantlarda uyğun dəyişmişdir. Tədqiq olunan buğda genotiplərində fermentin ən aşağı fəallığı Aran genotipində müşahidə edilmişdir. Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarında quraqlıq variantda fermentin fəallığı quraqlığın təsirindən tədricən azalmışdır. Suvarmadan 10 gün sonra Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarında fermentin fəallığı təxminən 2 dəfə azalsa da, suvarılan variantda bunun əksinə olaraq fermentin fəallığı 1,3 dəfə yüksəlmişdir. Uzunmüddətli torpaq quraqlığının təsirindən fotosintetik piqmentlərin miqdarca azalması xloroplast fermenti - işıqla tənzim olunan NADF-MDH fermentinin fəallığının tədricən azalmasına gətirib çıxarmışdır.

- ✓ tam (NADF-ME) fermentinin ən yüksək fəallığı Zirvə-85 genotiplərinin yarpaqlarında suvarılmadan 8 gün sonra müşahidə edilmişdir ($3,5 \pm 0,35$ EU/mq zülal). Murov 2 genotipinin suvarılan variantdan götürülmüş nümunələrdə fermentin fəallığı tədricən yüksəlmişdir. Bunun əksinə olaraq quraqlıq variantlarda fermentin fəallığı yüksəlsə də, suvarılmadan 10 gün sonra kəskin azalmışdır ($1,14 \pm 0,36$ EU/mq zülal). Aran və Qızıl buğda genotiplərinin yarpaqlarında Murov-2 və Zirvə genotipi ilə müqayisədə əhəmiyyətli dərəcədə aşağı fəallıq müşahidə edilmişdir. Tədqiqatın nəticələrinə əsasən Murov-2 və Zirvə-85 genotiplərinin quraqlığa nisbətən davamlı olduğunu demək olar. NADF-ME bitkilərin stresə qarşı metabolizm səviyyəsində cavab reaksiyaları ilə bağlı bir çox proseslərdə iştirak edir. NADF-ME ilə kataliz olunan reaksiyanın məhsulu olmaqla hüceyrənin detoksikasiyasının və proliferasiyasının inkişafını şərtləndirən əsas amillərdən biridir. O, prolin, mannoza-6-fosfat, mannitol kimi osmotik aktiv maddələrin biosintezində istifadə olunur. Şiddətli stres su balansına təsir etməklə turqorun yox olmasına və membranın dağılmasına gətirib çıxarır. Bitki hüceyrəsində şiddətli stresin təsirindən yaranan bu vəziyyət membran lipidlərinin regenerasiyasını tələb edir. NADF-ME piruvatı və NADF-ME-ə yağ turşularının biosintezinə göndərməklə regenerasiya prosesində iştirak edir. Su balansına təsir edən stres amilləri oksigenin aktiv radikallarının təkrar əmələ gəlməsini induksiya etməklə də oksidləşdirici stres əmələ gətirirlər.
- ✓ Rəqəmsal fenotipləmə texnologiyasından (RFT) istifadə etməklə bitkinin fizoloji vəziyyəti qeyri-invaziv olaraq (25 parametrlə hesablanması əsasında) qiymətləndirilmişdir.
- ✓ Tədqiq olunan buğda genotiplərinin yarpaqlarında quraqlığın təsirindən həll olan zülalların ümumi miqdarında artım müşahidə olunmuşdur. Bu artımın quraqlıq şəraitində streslə induksiya olunan zülalların sintezi və streslə əlaqəli zülalları kodlaşdıran genlərin ekspressiyasının güclənməsi hesabına baş verdiyi ehtimal olunur. Suvarılan variantla müqayisədə quraqlıq variantlarında həll olan zülalların ümumi miqdarı Zirvə-85 genotipində 2.3 dəfə, Murov-2-də 1.2 dəfə, Aran-da 1.3 dəfə, Qızıl buğdadada isə 1.1 dəfə artmışdır. Qızıl buğda genotipində statistik əhəmiyyətli dəyişiklik müşahidə olunmamışdır.
- ✓ Metalferment ailəsinə mənsub olan superoksiddismutaza (SOD) oksigenin fəal formalarının yaratdığı oksidləşdirici stresi aradan qaldıran ilkin müdafiə xəttini əmələ gətirir və aktiv oksigen yaradan əksər hüceyrə kompartimentlərində mövcuddur. SOD superoksid radikalının hidrogen peroksidə və sərbəst oksigene çevrilməsini kataliz edir. Bizim analizlər göstərmişdir ki, quraqlıq zamanı tədqiq olunan genotiplərdə superoksiddismutazanın fəallığında statistik əhəmiyyətli dəyişikliklər müşahidə olunmuşdur. Belə ki, 3 genotipdə inhibirləşmə dərəcəsinə görə fermentin fəallığı artmış (Zirvə-85 – 39%, Murov-2 – 36%, Aran – 13%), 1 genotipdə isə əksinə nəzarətlə müqayisədə azalma (Qızıl buğda – 14%) müşahidə olunmuşdur.

- ✓ Superoksiddismutazain izoenzim tərkibinin elektroforetik analizi zamanı fermentin 6 izoformasını - ağır molekul kütləli 1 izoforma (SOD1), orta molekul kütləli 1 izoforma (SOD2), yüngül molekul kütləli 4 izoforma (SOD3, SOD4, SOD5, SOD6) müşahidə olunmuşdur. Quraqlıq zamanı yüngül molekul kütləli izoformaların (SOD3, SOD5, SOD6) intensivliyində artım müşahidə olunmuşdur.
- ✓ Qlütationreduktaza (QR) fermenti reduksiyaedici kimi NADPH-dan istifadə edərək qlütationun oksidləşmiş formasını (GSSG) reduksiya olunmuş formaya (GSH) çevirən və tərkibində disulfid qrupu saxlayan flavoproteid oksidoreduktazalar sinfinə mənsub fermentdir. Askorbat-qlütation tsiklinin əsas fermenti olan QR GSSG-də disulfid əlaqələrin yaranmasını kataliz edərək, hüceyrədə GSH/GSSG nisbətində qorunmasında mühüm rol oynayır. Ətraf mühitin əlverişsiz şəraiti və xüsusən də quraqlıq zamanı qlütationreduktaza yüksək fəallıq göstərir. Bizim analizlərdə quraqlığın təsirindən fermentin fəallığı kontrol variantla (normal suvarılan) müqayisədə 3 genotipdə statistik əhəmiyyətli dərəcədə artmışdır (Zirvə-85 – 2,4 dəfə, Murov-2 – 3,2 dəfə, Aran – 1,9 dəfə), 1 genotipdə isə artım cüzi (Qızıl buğda – 1,3 dəfə) olmuşdur.
- ✓ Qlütationreduktazanın izoenzim tərkibinin elektroforetik analizi zamanı fermentin 7 izoformasını müşahidə olunmuşdur: orta molekul kütləli 3 izoforma (QR1, QR2, QR3) və yüngül molekul kütləli 4 izoforma (QR4, QR5, QR6, QR7). Quraqlıq zamanı orta molekul kütləli izoformaların intensivliyində artım müşahidə olunmuşdur ki, bu da quraqlığın təsirindən bu zülalları kodlaşdıran genlərin ekspressiyasının güclənməsi ilə əlaqədar ola bilər.
- ✓ Beləliklə, bitkinin antioksidant müdafiə sisteminin stressə cavab reaksiyalarının analizinə əsasən tədqiq olunan genotiplərdən Zirvə-85, Murov-2 sortları davamlı, Aran sortu orta davamlı, Qızılbuğda isə quraqlığa həssas sort kimi xarakterizə olunmuşdur.
- ✓ Aspartataminotransferaza (ASAT) və alaninaminotransferaza (ALAT) fermentlərinin fəallıqlarının subhüceyrə fraksiyalarında paylanması öyrənilmişdir. Tədqiq olunmuş yumşaq buğda genotiplərinin yarpaqlarında ASAT-ın ən yüksək fəallığı mitoxondri fraksiyasında müşahidə edilmişdir. Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin quraqlıq variantlarında bütün subhüceyrə fraksiyalarında ASAT-ın fəallığı yüksək olmuşdur. Zirvə-85 genotipinin mitoxondri fraksiyalarında ASAT-ın fəallığının faizlə nisbətində quraqlığın təsirindən heç bir dəyişiklik baş verməyə də, stressə məruz qalmış bitkilərin sitozol fraksiyasında fermentin faizlə nisbəti azalmış, xloroplast fraksiyasında isə əksinə olaraq yüksəlmişdir. Zirvə-85 və Aran genotiplərinin quraqlıq stressinə məruz qalmış nümunələrin sitozol fraksiyasında ASAT-ın fəallığı suvarılan variantla eyni, Murov-2 sortunda isə 1,3 dəfə yüksək olmuşdur. Sitozolik ASAT bir sıra məkik mexanizmlərdə, substratların və reduksiyaedici ekvivalentlərin sitoplazma ilə digər hüceyrə orqanoidləri arasında mübadiləsində iştirak edir. Zirvə-85 genotipinin xloroplast fraksiyasında ASAT-ın fəallığı ~1,7 dəfə, Murov-2 genotipində isə ~2,0 dəfə yüksəlmişdir. Aran və Qızıl buğda genotiplərinin quraqlıq stressinin təsirinə məruz qalmış bitki nümunələrindən ayrılmış bütün subhüceyrə fraksiyalarında fermentlərin fəallığında azalma müşahidə edilmişdir. Belə ki, Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarından ayrılmış xloroplast və sitozol fraksiyalarında ASAT-ın fəallığı ~0,7 dəfə, mitoxondriyal fraksiyada isə ~0,9 dəfə azalmışdır. Murov-2 genotipinin quraqlıq stressinə məruz qalmış variantlarında fermentin subhüceyrə paylanması xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında 13,7%, 33,7% və 52,6%-ə bərabər olmuşdur. Xloroplastlarda lokalizə olunmuş ASAT stressə şəraitində əvəz

olunmayan aminturşuların, o cümlədən argininin sələfi olan argininsuksinatın sintezində və pirimidin nukleotidlərinin sintezində əsas rol oynayır. ASAT fermenti hüceyrənin müxtəlif kompartmentləri - sitozol, xloroplast, mitoxondri və peroksisomlar arasında karbon və azot mübadiləsinin tənzimlənməsində mühüm rola malikdir.

- ✓ Tədqiq edilmiş yumşaq buğda genotiplərinin xloroplast və sitozol fraksiyalarında ALAT fermentinin fəallığının faizlə nisbəti bir-birinə yaxın olmuşdur. Zirvə-85 genotipinin xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında ALAT-nın paylanması uyğun olaraq 12,7%, 5,7% və 81,6% olmuşdur. Quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarda isə fermentin subhüceyrə paylanması xloroplast, sitozol və mitoxondri fraksiyalarında 10,9%, 7,0% və 82,1%-ə bərabər qiymət göstərmişdir. Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında fermentin subhüceyrə paylanmasında əsaslı fərqlər olmasa da, quraqlıq stresinə məruz qalmış variantlarda fermentin fəallığı xloroplast fraksiyasında ~1,7 dəfə, sitozol fraksiyasında ~2,5 dəfə, mitoxondri fraksiyasında isə ~2,0 dəfə yüksəlmişdir. Eyni tendensiya Murov-2 genotipində də müşahidə edilmişdir. Quraqlığa həssas genotiplərdə isə fərqli mənərə müşahidə edilmişdir. Belə ki, Aran və Qızıl buğda genotiplərinin quraqlıq variantların xloroplast fraksiyalarında fermentin fəallığı ~0,7 dəfə azalmış, mitoxondri fraksiyalarında isə Aran genotipində ~0,9 dəfə, Qızıl buğdadada isə ~0,5 dəfə azalmışdır.
- ✓ Beləliklə, ALAT fermentinin fəallığının buğda genotiplərinin yarpaqlarının subhüceyrə fraksiyalarında normal suvarma və quraqlıq zamanı lokalizasiyasının analizinə əsasən belə bir nəticəyə gələ bilərik ki, ferment mitoxondri fraksiyasında ən yüksək fəallığa malikdir. Sitozol fraksiyada isə bu ferment ümumi fəallığın təxminən 5-15%-ni təşkil edir. Yuxarıda deyilənlərdən belə bir nəticə çıxarmaq olar ki, buğda genotiplərində tədqiq olunan fermentlər mürəkkəb izoferment spektrinə malik olub müxtəlif metabolik proseslərdə, o cümlədən adaptasiya proseslərində, karbonun və enerjinin paylanmasında mühüm rola malikdir.
- ✓ Yarpağın bioloji funksiyası onun quruluşundan, hüceyrə və orqanoidlərin ultrastrukturundan asılıdır. Bu istiqamətdə tədqiqatların aparılması bitkinin ümumi fotosintetik statusunu müəyyənləşdirmək üçün vacibdir. Subhüceyrə səviyyəsində quraqlığın təsiri xloroplastlarda baş verən modifikasiyalarla şərtlənir. Tədqiq olunan buğda yarpaqlarının işıq mikroskopunda analizi zamanı suvarılan Zirvə-85 genotipinin yarpaqlarında epidermis hüceyrələrinin turqor vəziyyəti və xloroplast dənəciklərinin nizamlı düzülüşü müşahidə edilmişdir. Müəyyən edilmişdir ki, Zirvə-85 genotipində quraqlığın təsirindən epidermis hüceyrələri qismən susuzlaşmış, xloroplastların nizamlı düzülüşü isə qismən pərakəndə düzülüşlə əvəz olunmuşdur. Eyni zamanda suvarılan variantların yarpaqlarında ağızcıqların açıq, quraqlıq variantlarında isə qapalı olması müşahidə edilmişdir.
- ✓ Murov-2 genotipinin yarpaqlarının ən kəsiyini tədqiq edərkən su ilə təmin olunmuş yarpaqlarda ağızcıqların əksər hissəsinin açıq, şəffaf epidermis hüceyrələrinin turqor vəziyyəti izlənilmişdir. Quraqlıq variantında isə stresin təsirindən epidermis hüceyrələrinin turqoru itirməsi, ağızcıqların bağlanması və xloroplastların lokalizasiyasında isə qismən dəyişikliyin olduğu müşahidə edilmişdir.
- ✓ Aran genotipinin suvarılan variantında epidermis hüceyrələrinin böyük qisminin turqor vəziyyəti, vahid yarpaq sahəsinə düşən azsaylı xloroplast dənəciklərinin nizamlı düzülüşü müşahidə edilmişdir. Quraqlığa məruz qalmış variantda stresin təsirindən epidermis

hüceyrələrinin susuzlaşması izlənilmişdir. Bitkidən suyun buxarlanmasının qarşısını almaq üçün ağızcıqların böyük qismi bağlanmışdır. Fotosintez prosesinə cavabdeh olan xloroplastların yerləşməsi, sayı və rəngində dəyişikliklər baş vermişdir.

- ✓ Qızıl buğda genotipinin yarpaqlarının suvarılan variantının işıq mikroskopu ilə analizi zamanı suvarılan variantın epidermis hüceyrələrində ardıcılığın pozulması, bəzi hüceyrələrdə isə turqorun itirilməsi müşahidə edilmişdir. Xloroplastların lokalizasiyasında da digər genotiplərdə müşahidə olunan nizamlılığa rast gəlinmir. Quraqlığa məruz qalmış nümunələrin epidermis hüceyrələrində turqorun təmamilə itirilməsi və ağızcıqların yarı açıq və bağlı olması müşahidə edilir. Xloroplast hüceyrələrində də nizamlılıq və rəngin itirilməsi, həcmnin kiçilməsi müşahidə edilir.
- ✓ Yumşaq buğda genotiplərinin yarpaq mezofil hüceyrələri transmissiya elektron mikroqrafiyası metodu ilə müqayisəli təhlil edilmişdir. On səkkiz günlük yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) cücərtləri 5 gün müddətinə suvarmanın dayandırılması yolu ilə quraqlığa məruz qalmışdır. Tədqiqat üçün ikiarpaq mərhələsində olan cücərtlərin tam inkişaf etmiş ilk yarpağı mezofil hüceyrələrinin ultrastruktur analizi üçün istifadə olunmuşdur. Tədqiq edilən dörd genotipin suvarılan variantlarının xloroplastlarının uzunsov, oval ölçüyə malik olduğu müşahidə edilmişdir. Xloroplastlar aydın görünən, nisbətən hamar qranal və uzun stromal tilakoidlərdən ibarət yaxşı inkişaf etmiş daxili membran sistemində malikdirlər. Həmçinin plastoqlobulinlərə nisbətən az rast gəlinir. Xloroplastlar iki lipoproteid membrandan ibarət zərif qatla əhatələnmişdir. Daxilində nisbətən eynicinsli stroma lamellərlə bölünmüş vəziyyətdə olmuşdur. Güclü quraqlıq səbəbindən mezofil hüceyrələrinin ultrastrukturunu dağılmış və bu xloroplastların membran sistemlərinin dağılması, qranların şişməsi, bir-birinin arasında əlaqənin itməsi ilə nəticələnmişdir. Quraqlığın təsirindən xloroplastların daxilindəki mütəşəkillik itmişdir. Bir çox ədəbiyyatlarda yarpaq hüceyrə orqanoidlərinin quraqlığa davamlı genotiplərdə daha dayanıqlı olması qeyd olunur. Bizim apardığımız tədqiqatlar zamanı quraqlığın təsirindən yarpaq hüceyrələrinin daxilində mütəşəkillik pozulmuş, Aran və Qızıl buğda genotiplərində hətta membranların tamlığının pozulması, mitoxondriyə parçalanması, plastoqlobulinlərin sayının suvarılan variantla müqayisədə artması müşahidə olunmuşdur. Beləliklə, elektron mikroskopunun nəticələrinin təhlili göstərir ki, Zirvə-85 və Murov-2 genotiplərinin fotosintetik aparatı quraqlığın təsirindən digər iki genotipə nisbətən daha az zərər çəkmişdir.
- ✓ Stresə davamlılığına görə fərqlənən buğda genotiplərindən 3D xromosomunda yerləşən DREB geni tam sekvens edilərək analiz edilmişdir. Buğdanın quraqlığa davamlılığına cavabdeh hesab olunan D genomu üçün spesifik SNP-ləri aşkar etmək məqsədilə EnsemblGenomes Verilənlər Bazasında BLASTn komandası həyata keçirilməklə ChinesSpring yumşaq buğdanın (Assembly IWGSC) A, B və D genomlarında lokalizasiya olunmuş DREB geninin FASTA formatında məlumatları yüklənmiş və MAFFT version 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) multi alignment proqramının köməyi ilə müqayisəli analiz edilmişdir. Yalnız D genomu üçün spesifik olan SNP-lər təyin edilərək sekvens üçün praymerlər dəstinin dizayn edilməsində istifadə edilmişdir. Əldə olunan praymerlərin effektivliyi nəzəri və təcrübi olaraq yoxlanılmış, preparativ PZR aparılmışdır. Müvafiq ölçülərdə olan ampikonlar gəldən təmizlənərək sekvens olunmuşdur. Sekvens məlumatları DNASTAR Lasergene bioinformatik proqram təminatının SeqMan Pro və SeqBuilder Pro proqramları ilə analiz edilmişdir. Yerli genotiplərdə DREB transkripsiya

faktoru geni üçün genetik xəritənin mini modeli qurulmuşdur.

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)

1. Layihənin nəticələrindən gələcək tədqiqatlarda istifadə perspektivləri

1

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

Layihə çərçivəsində bir sıra fundamental və tətbiqi əhəmiyyəti yüksək olan nəticələr əldə olunmuşdur. Layihədə istifadə olunan müasir rəqəmsal və genom texnologiyalarının tətbiqi ilə buğdanın quraqlığa davamlılığının əhəmiyyətli dərəcədə yüksəldilməsi istiqamətində nailiyyətlər əldə olunacaqdır. Layihə çərçivəsində alınan nəticələr davamlılıq və məhsuldarlığın əsasında duran molekulyar-genetik mexanizmləri üzə çıxarmağa imkan verən innovativ tədqiqatların genişləndirilməsi üçün əsas yaradır.

Tədqiqat nəticələri eyni zamanda aşağıdakı dövlət proqramlarında istifadə olunacaqdır:

1. "Azərbaycan Respublikasında qida təhlükəsizliyinin təmin olunmasına dair 2018-2025-ci illər üçün Dövlət Proqramı";
2. "Azərbaycan Respublikasında kənd təsərrüfatı məhsullarının istehsalına və emalına dair Strateji Yol Xəritəsi" üzrə;

İCRAÇI:

SİFARIŞÇI:

Elmin İnkişafı Fondu

Baş məsləhətçi

Daşdəmirova Xanım Faiq qızı

Layihə rəhbəri

Hüseynova İradə Məmməd qızı

(imza)

"__" _____ 20__-ci il

(imza)

"__" _____ 20__-ci il



**AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASININ PREZİDENTİ YANINDA
ELMİN İNKİŞAFI FONDU**

MÜQAVİLƏYƏ ƏLAVƏ

**Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Elmin İnkişafı Fondunun
Elmi-tədqiqat layihələri üzrə əsas qrant müsabiqəsinin
(EIF-ETL-2020-2(36)) qalibi olmuş
layihənin yerinə yetirilməsi üzrə**

**ALINMIŞ ELMİ MƏHSUL HAQQINDA MƏLUMAT
(Qaydalar üzrə Əlavə 17)**

Layihənin adı: **Buğdada quraqlığa davamlılığa cavabdeh açar genlərin ekspressiyası ilə metabolom arasında qarşılıqlı əlaqənin müəyyən edilməsi əsasında stresə davamlılıq mexanizminin konseptual modelinin işlənilib hazırlanması**

Layihə rəhbərinin soyadı, adı və atasının adı: **Hüseynova İradə Məmməd qızı**

Qrantın məbləği: **70 000 manat**

Layihənin nömrəsi: **EIF-ETL-2020-2(36)-16/15/3-M-15**

Müqavilənin imzalanma tarixi: **23 fevral 2021 – ci il**

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

Layihənin icra müddəti (başlama və bitmə tarixi): **01 mart 2021-ci il– 01 mart 2022-ci il**

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

1. Elmi əsərlər (sayı)

| № | Tamlıq dərəcəsi | Dərc olunmuş | Çapa | Çapa |
|----|-------------------------------|--------------|--|-------------|
| | | | qəbul olunmuş və ya çapda olan | göndərilmiş |
| 1. | Monoqrafiyalar | | | |
| | həmçinin, xaricdə çap olunmuş | | | |
| 2. | Məqalələr | 6 | 2 | 1 |

| | | | | |
|----|---|---|---|---|
| | həmçinin xarici nəşrlərdə | 1 | 2 | 1 |
| 3. | Konfrans materiallarında məqalələr O cümlədən, beynəlxalq konfrans materiallarında | 1 | | |
| 4. | Məruzələrin tezisləri həmçinin, beynəlxalq tədbirlərin toplusunda | 6 | | |
| 5. | Digər (icmal, atlas, kataloq və s.) | | | |

2. İxtira və patentlər (sayı)

| No | Elmi məhsulun növü | Alınmış | Verilmiş | Ərizəsi verilmiş |
|----|---------------------------------|---------|----------|------------------|
| 1. | Patent, patent almaq üçün ərizə | | | |
| 2. | İxtira | | | |
| 3. | Səmərələşdirici təklif | | | |

3. Elmi tədbirlərdə məruzələr (sayı)

| No | Tədbirin adı (seminar, dəyirmi masa, konfrans, qurultay, simpozium və s.) | Tədbirin kateqoriyası (ölkədaxili, regional, beynəlxalq) | Məruzənin növü (plenary, dərvi, şifahi, divar) | Sayı |
|----|--|--|--|------|
| 1. | II Karabakh International Congress of Applied Sciences. Organizer: Azerbaijan National Academy of Sciences. 8-10 November, 2021, Baku, Azerbaijan | beynəlxalq | şifahi | 4 |
| 2. | Almaniyanın Bonn Universitetinin Bitkiçilik Elmi və Resurslarının Mühafizəsi İnstitutunun Bitki Genetikası və Biotexnologiyası Departamentində professor Ali Ahmed Naz və Departamentin əməkdaşları ilə dəyirmi masa ətrafında seminar | beynəlxalq | şifahi | 1 |

| | | | | |
|----|--|--|--|--|
| 3. | | | | |
|----|--|--|--|--|

SİFARİŞÇİ:

Elmin İnkişafı Fondu

İCRAÇI:

Baş məsləhətçi

Daşdəmirova Xanım Faiq qızı

Layihə rəhbəri

Hüseynova İradə Məmməd qızı

(imza)

“ _ ” _____ 20_ -ci il

(imza)

“ _ ” _____ 20_ -ci il