

UOT 636.082.12.

ARININ GENETİKASININ TƏDQIQI**GÜLARƏ SEYİDOVA***Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr.,155**gulareseyidova129@gmail.com*

Arılar bütün dünyada ekosistemlərin işləməsi və kənd təsərrüfatı istehsalı üçün vacib olan tozlandırıcılardır. Arı genomunun molekulyar səviyyədə öyrənilməsi, genetik müxtəlifliyi, xəstəliklərə qarşı müqaviməti və ətraf mühitə uyğunlaşmaları anlamaq üçün mühüm pəncərə açdı. Polimeraza Zəncirvari Reaksiya (PZR), DNT ardıcılığı, mikroarray analizi və CRISPR-Cas9 kimi qabaqcıl texnoloji metodların istifadəsi bu sahədə dərin tədqiqatlar aparmağa imkan verir. Bu tədqiqatlar arıların genetik müxtəlifliyini, xəstəliklərə qarşı müqavimətini və ətraf mühitə uyğunlaşmasını anlamaq üçün molekulyar səviyyədə aparılmışdır. Arılar ekosistemlərin işləməsi və kənd təsərrüfatı istehsalı üçün vacib olan tozlandırıcılardır. Bununla belə, son illərdə arı populyasiyasının azalması yaşayış yerlərinin itirilməsi, kənd təsərrüfatı kimyəvi maddələrinin istifadəsi, iqlim dəyişikliyi və patogenlər kimi amillərlə əlaqələndirilir. Bu kontekstdə arıların genetik müxtəlifliyinin molekulyar səviyyədə öyrənilməsi arıların sağlamlığını və populyasiya dinamikasını qorumaq üçün həyati əhəmiyyət kəsb edir. Molekulyar biologiya və genetik müxtəliflik üzrə tədqiqatlar arıların xəstəliklərə qarşı müqavimətini, uyğunlaşma qabiliyyətlərini və davranış xüsusiyyətlərini ətraflı araşdırmaq imkanı verir. DNT sıralama texnologiyaları və genlərin redaktə üsullarında irəliləyişlər arıların genetik müxtəlifliyinin sirlərini açmaq üçün güclü alətlər təqdim edir. Bu tədqiqatlar arıların ətraf mühitin streslərinə necə cavab verdiyini və bu reaksiyaların genetik əsaslarını anlamağa kömək edir. O, həmçinin arı populyasiyalarının davamlı idarə edilməsi və mühafizəsi üçün strategiyaların işlənilməsində mühüm məlumat verir. Tədqiqatların məqsədi arıların genetik müxtəlifliyini molekulyar səviyyədə araşdıraraq arı populyasiyalarının sağlamlığını, genetik müxtəlifliyini və ekosistemlərdəki rolunu daha yaxşı başa düşmək və qorumaqdır. Molekulyar genetik müxtəlifliyin tədqiqatı həm də arıların ekosistemlərdə kritik rollarının daha yaxşı başa düşülməsini və qorunmasını təmin edir, arılar və arıçılıq üzrə gələcək strategiyalar üçün əsas təşkil edir. Bu elmi nailiyyətlər arı populyasiyalarının davamlılığını dəstəkləmək üçün strategiyaların hazırlanmasında mühüm rola malikdir.

Açar sözlər: arıların genetik müxtəlifliyi, molekulyar səviyyə, DNT ardıcılığı, meqabaza

GİRİŞ

Arılar bütün dünyada ekosistemlərin işləməsi və kənd təsərrüfatı istehsalı üçün vacib olan tozlandırıcılardır. Bu kiçik, lakin funksional əhəmiyyətli canlılar çiçəkli bitkilərin genetik müxtəlifliyinin çoxalmasında və saxlanması mühüm rol oynayır. Son illərdə dünya miqyasında arı populyasiyasının azalmalarının səbəbləri arasında yaşayış yerlərinin itirilməsi, kənd təsərrüfatı kimyəvi maddələrinin istifadəsi, iqlim dəyişikliyi və patogenlər kimi amillər var. Bu amillərin hər biri arıların genetik müxtəlifliyini və onun ətraf mühitin stres faktorları ilə qarşılıqlı əlaqəsini daha yaxşı başa düşməyi tələb edir. Bu kontekstdə arıların genetik müxtəlifliyinin molekulyar səviyyədə araşdırılması arı sağlamlığının və populyasiya dinamikasının qorunub saxlanması səylərində həyati əhəmiyyət kəsb etmişdir.

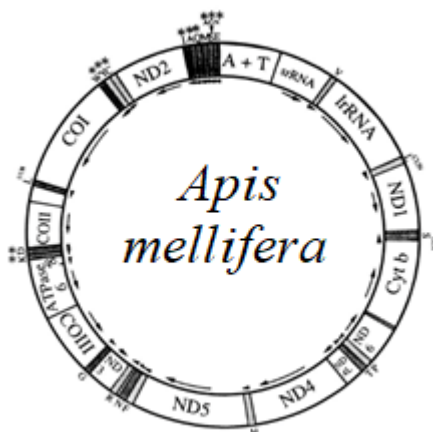
Molekulyar biologiya və genetik müxtəliflik ilə bağlı tədqiqatlar arıların genetik müxtəlifliyini, xəstəliklərə qarşı müqavimətini, uyğunlaşma qabiliyyətlərini və davranış xüsusiyyətlərini ətraflı şəkildə araşdırmaq imkanı verir. Xüsusilə, DNT sıralama texnologiyaları və gen redaktə üsullarında irəliləyişlər arı genetik müxtəlifliyinin sirlərini açmaq üçün güclü vasitələr təqdim edir. Bu araşdırmalar arıların yaşadıkları ətraf mühit və bioloji təzyiqlərə necə müqavimət göstərdiyini və bu müqavimətin genetik əsasını anlamağa imkan verir. O, həmçinin arı populyasiyalarının davamlı idarə olunması və mühafizəsi üçün strategiyaların işlənilməsində mühüm məlumatlar təqdim edir.

Tədqiqatın məqsədi molekulyar səviyyədə arı genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsi yolu ilə arı populyasiyalarının sağlamlığını, onların genetik müxtəlifliyini və ekosistemlərdə rolunu daha yaxşı başa düşmək və qorumaqdır. Arı genomunun molekulyar səviyyədə öyrənilməsinin praktik əhəmiyyəti ekoloji, kənd təsərrüfatı və ekoloji baxımdan olduqca genişdir. Bu tədqiqatın təqdim etdiyi məlumat arı populyasiyalarını qorumaq və birbaşa tətbiq olunan həllər yaratmaqla davamlı ekosistemin idarə edilməsi strategiyalarını inkişaf etdirmək potensialına malikdir. Molekulyar DNT ardıcılığı ilə bağlı araşdırmalar sayəsində arıların tozlanma effektivliyini artıran genom ilə bağlı faktorlar başa düşülə bilər. Bu, tozlandırmanın səmərəliliyini artırmaqla kənd təsərrüfatı məhsullarının müxtəlifliyini və kəmiyyətini artırmaq potensialına malikdir.

ARI GENETİKASINA DAİR ƏSAS MƏLUMATLAR

Arı genetikası bu mühüm tozlandırıcıların bioloji və ekoloji rollarını başa düşmək üçün kritik əhəmiyyət kəsb edən bir sahədir. Arılar, xüsusilə *Apis mellifera* olduqca mürəkkəb DNT ardıcılığına malik sosial həşəratlardır. Arı genomu təxminən 236 meqabaza uzunluğundadır və kompleks sosial davranışların tənzimlənməsi üçün vacib olan geniş genetik müxtəliflik və genlər və tənzimləyici ardıcılıqları ehtiva edir. Arıların genetik ardıcılığı arı genomunun tikinti blokları olan DNT ardıcılığıdır. Bu ardıcılıqlar arıların inkişafı, davranışı, fiziologiyası və ətraf mühitin stress amillərinə reaksiyası kimi bir çox xüsusiyyətlərini müəyyən edir. Arıların genetik ardıcılığı onların sağlamlığı, xəstəliklərə qarşı müqaviməti, reproduktiv strategiyaları və sosial quruluşu haqqında məlumat verir. Bununla belə, burada genetik ardıcılıqların hamısını və ya böyük bir hissəsini təqdim etmək texniki cəhətdən mümkün deyil, çünki bu ardıcılıqlar milyonlarla əsas cüt uzunluğunda ola bilər və çox vaxt kompleks təhlil və şərh tələb edir.

Weinstock və başqaları. (2006), *Apis mellifera*-nın genom ardıcılığı ətraflı izah edilmiş və arıların sosial həyatını, reproduktiv biologiyasını və tozlandırma qabiliyyətlərini dəstəkləyən genetik uyğunlaşmalar araşdırılmışdır. Bu araşdırma, arı genomunun 10.157 protein kodlaşdıran gen ehtiva etdiyini və bu genlərin xəstəliklərə qarşı müqavimət, kimyəvi qavrayış, sosial quruluş və çoxalma kimi funksiyalarla əlaqəli olduğunu ortaya qoydu.



Şəkil 1. *Apis mellifera*-nın mtDNT genom xəritəsi

https://delikesar.life/product_details/7865415.html

Apis mellifera mtDNA (mitoxondrial DNT) genomu mitoxondrial genomun tipik xüsusiyyətlərini daşıyır və adətən dairəvi DNT molekulu kimi tapılır. Mitoxondrial DNT hüceyrə tənəffüsü və enerji istehsalında iştirak edən genləri ehtiva edir və ana xətti boyunca nəsil-dən-nəslə ötürülür, bu da onu təkamül biologiyası və populyasiya genetikası tədqiqatlarında mühüm alətə çevirir. *Apis mellifera*-nın mtDNT-si təxminən 16.000 əsas cüt uzunluğundadır və çoxlu genləri ehtiva edir. Bunlara 13 protein kodlaşdıran gen (məsələn, sitoxrom oksidaz, NADH dehidrogenaz), 22 transfer RNT (tRNA) geni və 2 ribosomal RNT (rRNA) geni daxildir. mtDNA həmçinin

mitoxondrial genomun tənzimlənməsi və təkrarlanması üçün vacib olan nəzarət bölgələrini ehtiva edir.

Arı populyasiyaları arasında müşahidə olunan genetik müxtəliflik bu növlərin ətraf mühitin dəyişmələrinə və xəstəliklərə uyğunlaşmasında mühüm rol oynayır. Tarpy və başqaları. (2015) arı koloniyaları daxilində genetik müxtəlifliyin koloniyanın ümumi sağlamlığına və xəstəliklərə qarşı müqavimətinə birbaşa təsir etdiyini göstərdi. Bu iş mikrosatellit markerləri və SNP analizlərindən istifadə edərək arı populyasiyalarında genetik polimorfizmləri ətraflı şəkildə araşdırdı.

Arıların cinsiyyətini idarə edən, cinsi allel adlanan bir genlərdir. Əgər iki fərqli allel varsa, arı dişi, ya işçi, ya da ana arıya çevriləcək. Yalnız bir allel varsa, arı bir erkək halına gələcək. Yalnız bir allelin mövcud ola biləcəyi iki yol var. Yumurta mayalanmamış ola bilər, belə ki, onun tərkibində yalnız bir allel var, bu halda o, normal erkək halına gəlir. Ancaq yalnız bir allelin mövcud olmasının başqa bir yolu var. Yəni bir yumurta döllənsə, lakin həm ana, həm də ata eyni cins allelin daşıyır. Bu döllənmiş yumurta da erkək halına gələcək. Amma bu erkək anormal olacaq, çünki diploiddir, iki dəst xromosom ehtiva edir və normal erkək kimi fəaliyyət göstərə bilməz. Bu diploid erkəklər həmişə işçilər tərəfindən məhv edilir və onlar yumurtadan çıxan kimi onları yeyirlər.

Arı populyasiyalarına təsir edən xəstəliklər və zərərvericilər genetik tədqiqatların mühüm diqqət mərkəzindədir. Genetik mexanizmlər vasitəsilə xəstəliklərə qarşı müqaviməti başa düşmək arıların sağlamlığını qorumaq üçün strategiyalar hazırlamaq üçün çox vacibdir. Evans və Spivak (2010) tərəfindən edilən bir araşdırmada, arılar tərəfindən Varroa destrukturu kimi parazitlərə və Nosema kimi patogenlərə qarşı inkişaf etdirilən genetik əsaslı müqavimət mexanizmləri araşdırıldı. Bu araşdırma arıların bu təhlükələrə qarşı müqavimətini inkişaf etdirən spesifik gen ifadələrinin və genetik variasiyaların rollarını vurğulayır.

Mitoxondrial DNT arıların ana nəslini və ya hər hansı digər həyat formasını izləmək üçün istifadə olunur. Mitoxondriyalar hər canlı hüceyrədə olan kiçik orqanoidlərdir. Onlar nəfəs almağı mümkün edən şeylər olduğu üçün həyatın güc mərkəzləri adlanır. Şəkəri oksigenlə yandıraraq enerji buraxırlar. Bu, çox maraqlı bir kiçik canlıdır, çünki onun bir vaxtlar sərbəst yaşayan bakteriya olduğuna inanılır. Arıların genetikası və genetik ardıcılığı haqqında bu əsas məlumatlar arıların kompleks biologiyasını və onların ekosistemlərdə rolunu başa düşmək üçün mühüm əsas təşkil edir. Elmi araşdırmalar göstərir ki, arı genomunun dərinəndən araşdırılması arıların sağlamlığının qorunmasına, xəstəliklərə qarşı müqavimətin inkişafına və bioloji müxtəlifliyin dəstəklənməsinə mühüm töhfə verir. Bu tədqiqatlar həm elmi ictimaiyyət, həm də arıçılıq və kənd təsərrüfatı təcrübəsi üçün dəyərli məlumatlar verir.

GENETİK MÜXTƏLİFLİK VƏ TƏKAMÜLÜ

Arı populyasiyalarında genetik müxtəliflik bir neçə əsas mexanizm vasitəsilə baş verir; mutasiya, meioz zamanı rekombinasiya və genetik sürüşmə. Mutasiyalar populyasiyaya yeni genetik variantlar təqdim edir, rekombinasiya və genetik sürüşmə isə onlara zamanla allel tezliklərini yaymağa və dəyişməyə imkan verir (Frankham et al., 2010). Apoidea superfamiliasına aid olan arılar, təxminən 120 milyon il əvvəl, çiçəkli bitkilərin yer üzündə geniş yayılmağa başladığı Təbaşir dövründə, sancılan əcdadlardan təkamül keçiriblər (Engel, 2001). Arıların və çiçəkli bitkilərin bu birgə təkamülü arı növlərinin şaxələnməsinə və tozlanma üsulları üzrə ixtisaslaşmasına səbəb olub, biomüxtəlifliyin qorunub saxlanması onların əlaqəsinin vacibliyini vurğulayır.

Afrika bal arısı (*Apis mellifera scutellata*) Afrika qitəsi boyunca yüksək genetik müxtəlifliyə malikdir və bu müxtəliflik qitənin müxtəlif iqlim və yaşayış yerlərinə uyğunlaşmaları əks etdirir. Afrika bal arılarının Amerikaya gətirilməsi və daha sonra "Afrika hibrid arıları"nın (daha yaxşı "qatil arılar" kimi tanınır) formalaşması genetik müxtəlifliyin və uyğunlaşmanın mühüm nümunəsidir. Bu hibridləşmə fenomeni genetik müxtəlifliyin ekosistemlərə potensial təsirlərini və uyğunlaşma qabiliyyətini nümayiş etdirir (Schneider et al., 2004).

Avropa bal arıları (*Apis mellifera*) çoxlu alt növlərə bölünür və geniş coğrafi əraziyə yayılır. Bu yarımnövlərin hər biri xüsusi iqlim şəraitinə, yaşayış yerlərinə və arıçılıq təcrübələrinə uyğunlaşma nümayiş etdirmişdir. Məsələn, *Apis mellifera carnica* (Carniolan arısı) soyuq iqlimə, *Apis mellifera ligustica* (İtalyan arısı) isə mülayim iqlimə daha çox uyğunlaşır. Bu uyğunlaşmalar yerli ətraf mühit şəraitinə cavab olaraq genetik müxtəlifliyin necə təkamül edə biləcəyinin yaxşı nümunələridir (Ruttner, 1988).

Asiya qitəsində bir çox endemik arı növləri, həmçinin *Apis cerana* kimi yerli arı növləri yaşayır. Bu növlər xüsusilə Asiyanın tropik meşələrində yüksək genetik müxtəlifliyə və uyğunlaşma qabiliyyətinə malikdir. Bu müxtəliflik arıların müxtəlif bitki növlərini tozlandıra bilməsi və müxtəlif xəstəliklərə və parazitlərə qarşı müqavimət göstərə bilməsi baxımından vacibdir (Oldroyd və Wongsiri, 2006). İnsanın arı populyasiyalarına təsiri genetik müxtəlifliyə həm müsbət, həm də mənfi təsir göstərə bilər. Məsələn, selektiv yetişdirmə yolu ilə arı cinslərinin genetik müxtəlifliyini artırmaq üçün səylər göstərilmişdir. Bununla belə, yad arı növlərinin gətirilməsi və yaşayış yerlərinin itirilməsi kimi amillər yerli arı populyasiyalarının genetik müxtəlifliyini azalda bilər. Bu qarşılıqlı əlaqələr genetik müxtəlifliyin və davamlı arıçılıq təcrübələrinin qorunmasının vacibliyini vurğulayır (Meixner et al., 2013).

Genetik müxtəliflik arı populyasiyalarına ətraf mühitdəki dəyişikliklərə, o cümlədən iqlim dəyişikliyinə, resursların mövcudluğundakı dəyişikliklərə və patogenin təzyiqinə uyğunlaşmağa imkan verir. Bu, əhalinin davamlılığını və qida təhlükəsizliyi və bitki biomüxtəlifliyinin qorunması üçün vacib olan tozlanma kimi ekosistem xidmətlərinin saxlanmasını təmin edir (Potts et al., 2010). Arı populyasiyalarının xəstəliklərə və parazitlərə qarşı müqavimətində genetik müxtəliflik də mühüm rol oynayır. Məsələn, Varroa destruktur parazitinə davamlı olan bal arısı populyasiyaları genetik müxtəliflik sayəsində bu müqaviməti inkişaf etdirmişlər. Bu müqavimət bəzi populyasiyaların Varroa ilə yoluxmasına baxmayaraq sağlam qalmasına imkan verir (Seeley, 2007).

Bal arıları (*Apis mellifera*) dünyada yayılmış 20-dən çox alt növə bölünür. Bu alt növlər müxtəlif iqlim şəraitinə, xəstəliklərə və qida mənbələrinə uyğunlaşır. Məsələn, Afrika bal arısı (*Apis mellifera scutellata*) isti iqlimə və quraqlığa davamlıdır, Avropa bal arısı isə (*Apis mellifera carnica*) soyuq iqlimə və yüksək hündürlüklərə uyğunlaşa bilər (Ruttner, 1988). Bu genetik müxtəliflik bal arılarına geniş bir coğrafi ərazidə uğurla yaşamağa və müxtəlif ekosistemlərdə mühüm ekoloji rol oynamağa imkan verir.

Yerli arı populyasiyaları xüsusi olaraq yerli ətraf mühit şəraitinə xas olan genetik uyğunlaşmalar inkişaf etdirmişdir. Məsələn, Şimali Amerikada yerli mavi səhləb arısı (*Osmia lignaria*) yerli səhləb növlərini tozlandırır və bu bitkilərin çoxalmasına kömək edir. Belə arıların genetik müxtəlifliyi onların müəyyən bitki növlərinə uyğunlaşmasını və ekosistemdəki xüsusi rolunu əks etdirir (Minckley et al., 1994). Arıların tozlanma effektivliyi genetik müxtəlifliyə görə dəyişir. Müxtəlif genetik xüsusiyyətlərə malik arılar çiçək ziyarətlərinin tezliyi, polen toplama qabiliyyəti və bitki növlərinə üstünlük vermələri ilə fərqlənə bilər. Bu müxtəliflik ekosistemlərdə və kənd təsərrüfatı sistemlərində müxtəlif bitki növlərinin uğurlu tozlanmasına imkan verir (Rader və digərləri, 2009).

Azərbaycan müxtəlif ekosistemləri və zəngin biomüxtəlifliyi ilə xüsusilə arılar (*Apis mellifera*) üçün mühüm yaşayış mühiti təklif edir. Azərbaycan arılarının genetik təkamülü coğrafi təcrid, ətraf mühit şəraiti və arı irqlərinin yerli adaptasiyası kimi amillərlə formalaşmışdır. Bu bölgə uzun hortumları (əmmə ağızları) ilə tanınan Qafqaz arı irqinin (*Apis mellifera caucasica*) vətənidir və onları dərin çiçəklərdən nektar toplamaqda ixtisaslaşmışdır.

Qafqaz arı irqi (*Apis mellifera caucasica*) Azərbaycanda və ətraf Qafqaz regionunda inkişaf edib və bu əraziyə xas olan çoxlu uyğunlaşmalara malikdir. Bu arılar xüsusilə soyuq qış şəraitinə və dağlıq ərazilərdə dəyişkən çiçəkləmə dövrlərinə uyğunlaşırlar. Onların uzun hortumları digər arı irqlərinə nisbətən daha dərin çiçəklərdən nektar toplamağa imkan verir ki, bu da onları yerli flora üçün xüsusilə qiymətli pollinator edir (Ruttner, 1988).

Azərbaycanda arı populyasiyalarının genetik müxtəlifliyi coğrafi təcrid və müxtəlif ekoloji yuvalara uyğunlaşma yolu ilə inkişaf etmişdir. Bu müxtəliflik arılara xəstəliklərə və parazitlərə qarşı müqavimət, qidalanma resurslarına uyğunlaşma və ətraf mühitin stress amillərinə dözümlülük

kimi müxtəlif xüsusiyyətləri inkişaf etdirməyə imkan verib. Məsələn, Azərbaycanın müxtəlif bölgələrində yaşayan arı populyasiyaları yerli çiçək ehtiyatlarına və iqlim şəraitinə xas olan genetik uyğunlaşmaları inkişaf etdirə bilmişlər (Meixner et al., 2013).

MOLEKULAR GENETİK TEXNİKALARIN TƏTBİQİ

Molekulyar genetik üsullar genetik materialın struktur və funksional analizi üçün istifadə olunan üsullardır. Bu üsullar genetik xəstəliklərin diaqnostikası, cinsiyyət araşdırmaları, növlərarası əlaqələrin müəyyən edilməsi, təkamül biologiyası tədqiqatları və genetik modifikasiya olunmuş orqanizmlərin (GMO) inkişafı kimi geniş tətbiq sahəsinə malikdir.

PCR, DNT ardıcılığının milyonlarla nüsxəsini çıxara bilən bir texnikadır. Bu üsul genetik xəstəliklərin diaqnostikasında, patogenlərin aşkar edilməsində və hadisə yerinin araşdırılmasında DNT-ni müəyyən etmək və gücləndirmək üçün istifadə olunur. PCR həm də klonlaşdırma və gen mühəndisliyi layihələrində mühüm vasitədir (Mullis, 1990).

Arı genetikası ilə bağlı araşdırmalarda PCR (Polimeraz Zəncirvari Reaksiya) üsullarının istifadəsi arıların immun sistemlərinin və xəstəliklərinin araşdırılmasında mühüm yer tutur. Xüsusilə, arıların və digər həşəratların bir çox mühüm parazit və patogenlərə qarşı inkişaf etdirdiyi davranış, morfoloji, fizioloji və immun əsaslı müdafiəni daha yaxşı başa düşmək üçün "Beepath" adlı kəmiyyət-PZR massivi hazırlanmışdır. Bu texnika paralel olaraq arı və patogen genlərin transkript səviyyələrini ölçmək üçün istifadə oluna bilər və arı toxunulmazlığının arxasındakı ekoloji və genetik komponentləri qiymətləndirmək üçün yeni bir alət təmin edir. Beepath 48 arı və patogen gen üçün transkript səviyyələrini ölçə bilər və beləliklə, ev sahibi və patogen transkript bolluğunu dəqiq ölçə bilər ki, bu da arı toxunulmazlığını qiymətləndirmək üçün istifadə edilə bilən müxtəlif tətbiqlərə malik olduğunu göstərir.

PCR-əsaslı üsullar, müəyyən bir genom yerində ardıcılıqı təcrid etmək üçün istifadə olunan polimeraza zəncirvari reaksiyaya (PZR) əsaslanan üsullardır, məsələn, DNT-nin xüsusi bölgəsindəki ardıcılıqların təcrid edilməsi (genotipləşdirmə). Bu üsullar çoxlu eyni və ya demək olar ki, eyni nüsxə çıxarmaqla DNT-nin genişləndirilməsini nəzərdə tutur.

Arı genetikası tədqiqatlarında bu üsulların tətbiqi arı populyasiyalarının genetik quruluşunu, xəstəliklərə qarşı müqaviməti və ətraf mühitin stressorlarının genetikaya təsirini başa düşmək üçün vacibdir. PCR və qPCR (Kəmiyyət Polimeraz Zənciri Reaksiyası) kimi üsullar arıların və patogenlərin gen ifadəsini və genetik müxtəlifliyini araşdırarkən istifadə edilə bilən güclü alətlər təqdim edir, beləliklə, elm adamları arıların sağlamlığını yaxşılaşdırmaq və qorumaq üçün daha effektiv strategiyalar hazırlaya bilərlər.

Gel elektroforezi DNT, RNT və ya zülal kimi makromolekulların ölçülərinə görə ayrılmasına imkan verən bir üsuldur. Bu texnika gen mühəndisliyi, molekulyar biologiya və biokimya sahələrində geniş istifadə olunur. Xüsusilə, DNT fraqmentlərinin ölçüsünə görə ayrılması və vizuallaşdırılması genetik analizlər və gen ifadəsi tədqiqatlarında əsas addımdır (Sambrook və Russell, 2001). Mikroarray analizi minlərlə genin ifadəsini eyni vaxtda araşdırmağa imkan verir. Bu texnika gen ifadə profillərini müqayisə etmək, xəstəliklərin molekulyar əsaslarını anlamaq və dərman reaksiyalarını qiymətləndirmək üçün istifadə olunur. Mikroarraylər genetik və epigenetik tədqiqatlarda mühüm vasitədir (Skena et al., 1995).

Mikroarray analizi minlərlə genin ifadəsini eyni vaxtda tədqiq etməyə imkan verir. Bu texnika gen ifadə profillərini müqayisə etmək, xəstəliklərin molekulyar əsaslarını anlamaq və dərman reaksiyalarını qiymətləndirmək üçün istifadə olunur. Mikroarraylər genetik və epigenetik tədqiqatlarda mühüm vasitədir (Skena et al., 1995).

XƏSTƏLİKLƏRƏ MÜQAVİMƏT VƏ GENETİK FAKTORLAR

Arıların xəstəliklərə qarşı müqaviməti və onlarla əlaqəli genetik faktorlar son illərdə elm dünyasının mühüm diqqət mərkəzindədir. Bu mövzuda aparılan tədqiqatlar arı populyasiyalarının sağlamlığını qorumaq və davamlı arıçılıq təcrübələrini dəstəkləmək üçün çox vacibdir.

Harbo və Harris (1999) tərəfindən aparılan araşdırma parazit Varroa destruktoruna (əvvəllər Varroa jacobsoni kimi tanınırdı) davamlı olan bal arılarının (Apis mellifera) seçilməsi səylərini ətraflı izah edir. Tədqiqatlar göstərir ki, Varroaya davamlı arı xətləri genetik seçim yolu ilə inkişaf etdirilə bilər. Bu, Varroanın vurduğu zərəri azaltmaq və arı populyasiyalarının sağlamlığını qorumaq üçün vacib strategiyadır.

Paxton və digərlərinin (2007) araşdırması Nosema ceranae infeksiyasının bal arılarında "Koloniyanın Çökmə Bozukluğu"na (CCD) səbəb olub-olmamasını araşdırır. Bu araşdırma Nosemaya davamlı arı populyasiyalarının müəyyən edilməsinin və bu müqavimətdə genetik faktorların rolunun anlaşılmasının vacibliyini vurğulayır. Genetik müqavimət Nosemanın yaratdığı xəstəliklərlə mübarizədə mühüm amildir.

Spivak və Reuter (2001) tərəfindən aparılmış tədqiqat Amerika yavruları xəstəliyinə davamlı olan bal arısı koloniyalarının inkişafına yönəlmişdir. Araşdırmalar göstərir ki, gigiyenik davranış nümayiş etdirən (yəni pətəklərindən yoluxmuş balaları çıxaran) arılar bu xəstəliyə daha davamlıdırlar. Gigiyenik davranışın genetik əsasla malik olmasının sübutu arı ailələrinin xəstəliklərə qarşı müqavimətinin artırılmasında genetik seçimin əhəmiyyətini nümayiş etdirir.

Evans və Spivak (2010) bal arılarının patogenlərə və parazitlərə qarşı inkişaf etdirdiyi müqavimət mexanizmlərini fərdi və icma əsasında araşdırırlar. Tədqiqat arıların sosial immun sistemlərinin genetik əsaslarını və bu sistemlərin patogenlərə qarşı necə effektiv müdafiə təmin etdiyini araşdırır. Bu, arı populyasiyalarının sağlamlığını qorumaq üçün fərdi və cəmiyyətin davamlılığının vacibliyini vurğulayır.

NƏTİCƏ

Arı genomunun molekulyar səviyyədə öyrənilməsi son illərdə əhəmiyyətli irəliləyişlərin şahidi olmuşdur. Bu tədqiqatlar arıların genetik quruluşunu, populyasiya dinamikasını, xəstəliklərə qarşı müqavimət mexanizmlərini və ətraf mühit faktorlarına uyğunlaşmalarını anlamağa imkan verən dəyərli məlumatlar verdi. Molekulyar genetik üsullardan istifadə arı biologiyası və ekologiyası haqqında dərin məlumat əldə etməyə imkan verir.

Polimeraza Zəncirvari Reaksiya (PCR), DNT ardıcılığı, mikroarray analizi və CRISPR-Cas9 kimi texnologiyalar arı genomunun molekulyar səviyyədə araşdırılmasında mühüm rol oynayır. Bu üsullar gen ifadə səviyyələrinin müəyyən edilməsindən tutmuş, genetik müxtəlifliyin və populyasiya strukturunun təhlilinə, hətta genetik xəstəliklərin diaqnostikası və müalicəsinə qədər geniş spektrli tətbiqlərə imkan verir.

Araşdırmalar göstərir ki, arıların xəstəliklərə və parazitlərə qarşı təbii müqavimət qabiliyyəti genetik faktorlarla sıx bağlıdır. Məsələn, Varroa destruktoruna davamlı arı populyasiyalarının müəyyən edilməsi və bu müqavimətin genetik əsaslarının başa düşülməsi arı sağlamlığının qorunması və arıçılıq təcrübələrinin yaxşılaşdırılması üçün böyük əhəmiyyət kəsb edir. Eynilə, arıların ətraf mühitin streslərinə uyğunlaşmasını təmin edən genetik mexanizmlərin kəşfi arıların yaşayış yerlərinin qorunması və davamlı arıçılığın təşviqi üçün çox vacibdir (Schen et al., 1995).

ƏDƏBİYYAT

- Engel, M.S. The taxonomy of recent and fossil honey bees (Hymenoptera: Apidae; Apis). *Journal of Hymenoptera Research*, 2001;10(2):165-196.
- Evans, J.D. & Spivak, M. "Socialized medicine: Individual and communal disease barriers in honey bees." *Journal of Invertebrate Pathology*, 103(Supplement), 2010;62-S72.
- Frankham, R., Ballou, J.D., & Briscoe, D.A. *Introduction to Conservation Genetics* (2nd ed.). Cambridge University Press. 2010
- Harbo, J.R. & Harris, J.W. "Selecting honey bees for resistance to Varroa jacobsoni." *Apidologie*, 1999;30(2-3), 183-196.
- Meixner, M.D., Pinto, M.A., Bouga, M., Kryger, P., Ivanova, E., & Fuchs, S. Standard methods for characterising subspecies and ecotypes of Apis mellifera. *Journal of Apicultural Research*, 2013;52(4), 1-28.

- Miguel, I., Baylac, M., Iriondo, M., Manzano, C., Garnery, L., & Estonba, A.** Both geometric morphometric and microsatellite data consistently support the differentiation of the European honeybee *Apis mellifera mellifera* and *A. m. iberiensis*. *Apidologie*, 2011;42(2), 150-161.
- Minckley, R. L., Roulston, T.H., & Williams, N.M.** Resource and habitat specialization explain species richness among solitary bees and wasps in heathland and grassland. *Oikos*, 1994;80(2), 183-197.
- Oldroyd, B.P., & Wongsiri, S.** Asian Honey Bees: Biology, Conservation, and Human Interactions. Harvard University Press. 2006.
- Paxton, R.J. et al.** "Does infection by *Nosema ceranae* cause "Colony Collapse Disorder" in honey bees (*Apis mellifera*)?" *Journal of Apicultural Research*, 2007;46(3), 134-136.
- Potts, S.G., Biesmeijer, J.C., Kremen, C., Neumann, P., Schweiger, O., & Kunin, W.E.** Global pollinator declines: trends, impacts and drivers. *Trends in Ecology & Evolution*, 2010; 25(6), 345-353.
- Rader, R., Edwards, W., Westcott, D.A., Cunningham, S.A., & Howlett, B.G.** Pollen transport differs among bees and flies in a human-modified landscape. *Diversity and Distributions*, 2009;15(5), 822-834.
- Ruttner, F.** Biogeography and Taxonomy of Honeybees. *Springer*. 1988
- Schneider, S.S., DeGrandi-Hoffman, G., & Smith, D.R.** The African Honey Bee: Factors Contributing to a Successful Biological Invasion. *Annual Review of Entomology*, 2004;49, 351-376.
- Seeley, T.D.** Honeybee Democracy. Princeton University Press. 2007
- Spivak, M. & Reuter, G.S.** (2001). "Resistance to American Foulbrood Disease by Honey Bee Colonies *Apis mellifera* Bred for Hygienic Behavior." *Apidologie*, 2001;32(4), 555-565.
- Tarpy, D.R., et al.** "Genetic diversity and colony variability in brood survival of honeybees (*Apis mellifera* L.)." *Conservation Genetics*, 2015;16(2), 459-468.
- Weinstock, G.M., et al.** "Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*." *Nature*, 2006;443(7114), 931-949.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИКИ ПЧЕЛ

Гюльра Сеидова

Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики

Пчелы являются опылителями, необходимыми для функционирования экосистем и сельскохозяйственного производства во всем мире. Изучение генома пчел на молекулярном уровне открыло важное окно в понимание генетического разнообразия, устойчивости к болезням и адаптации к окружающей среде. Использование передовых технологических методов, таких как полимеразная цепная реакция (ПЦР), секвенирование ДНК, микроматричный анализ и CRISPR-Cas9, позволяет проводить углубленные исследования в этой области. Это исследование было проведено на молекулярном уровне, чтобы понять генетическое разнообразие, устойчивость пчел к болезням и адаптацию к окружающей среде. Пчелы являются опылителями, необходимыми для функционирования экосистем и сельскохозяйственного производства. Однако сокращение популяции пчел в последние годы объясняется такими факторами, как утрата среды обитания, использование сельскохозяйственных химикатов, изменение климата и патогены. В этом контексте изучение генетического разнообразия пчел на молекулярном уровне имеет жизненно важное значение для поддержания здоровья пчел и динамики популяции. Исследования в области молекулярной биологии и генетического разнообразия дают возможность детально изучить устойчивость к болезням, адаптивные способности и поведенческие особенности пчел. Достижения в области технологий секвенирования ДНК и методов редактирования генов предоставляют мощные инструменты для раскрытия секретов генетического разнообразия пчел. Эти исследования помогают нам понять, как пчелы реагируют на стрессовые факторы окружающей среды и генетическую основу этих реакций. Они также предоставляет важную информацию для разработки стратегий устойчивого управления и

сохранения популяций пчел. Цель исследования — лучше понять и защитить здоровье популяций пчел, их генетическое разнообразие и их роль в экосистемах путем изучения генетического разнообразия пчел на молекулярном уровне. Изучение молекулярно-генетического разнообразия также обеспечивает лучшее понимание и сохранение важной роли пчел в экосистемах и обеспечивает основу для будущих стратегий в области генетики пчел и пчеловодства. Эти научные достижения играют важную роль в разработке стратегий поддержки устойчивости популяций пчел.

Ключевые слова: генетическое разнообразие пчел, молекулярный уровень, последовательность ДНК, мегабаза

STUDY OF BEE GENETICS

Gulara Seyidova

Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

Bees are pollinators essential to the functioning of ecosystems and agricultural production worldwide. Studying the bee genome at the molecular level has opened an important window into understanding genetic diversity, disease resistance, and environmental adaptations. The use of advanced technological methods such as Polymerase Chain Reaction (PCR), DNA sequencing, microarray analysis, and CRISPR-Cas9 allows for in-depth research in this field. This study was conducted at the molecular level to understand the genetic diversity, disease resistance and environmental adaptation of bees. Bees are pollinators essential to the functioning of ecosystems and agricultural production. However, bee population declines in recent years have been attributed to factors such as habitat loss, use of agricultural chemicals, climate change and pathogens. In this context, studying the genetic diversity of bees at the molecular level is vital to maintaining bee health and population dynamics. Research in molecular biology and genetic diversity provides an opportunity to study in detail the disease resistance, adaptive abilities and behavioral traits of bees. Advances in DNA sequencing technologies and gene editing techniques provide powerful tools for unlocking the secrets of bee genetic diversity. These studies help us understand how bees respond to environmental stressors and the genetic basis of these responses. It also provides important information in developing strategies for the sustainable management and conservation of bee populations. The aim of the research is to better understand and protect the health of bee populations, their genetic diversity and their role in ecosystems by examining the genetic diversity of bees at the molecular level. The study of molecular genetic diversity also provides a better understanding and conservation of the critical role of bees in ecosystems and provides a basis for future strategies for bees and beekeeping. These scientific advances have an important role in developing strategies to support the sustainability of bee populations.

Keywords: genetic diversity of bees, molecular level, DNA sequencing, megabase

Çapa təqdim etmişdir: redaktor Saleh Məhərrəmov AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d., professor

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 02.07.2024

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 01.08.2024

Çapa qəbul edilmə tarixi: 04.09.2024