

Научная статья

Original article

УДК 631.52

doi: https://doi.org/10.55186/25880209_2026_10_2_18

edn: YOHSKF

**ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПОВ
ХУРМЫ (DIOSPYROS KAKI) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ISSR-
МАРКЕРОВ В АЗЕРБАЙДЖАНЕ
ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY OF PERSIMMON
(DIOSPYROS KAKI) GENOTYPES USING ISSR MARKERS IN
AZERBAIJAN**



Бахшалиева Натаван Зохраб кызы, доктор философии по биологическим наукам, педагог кафедры Генетики, Бакинский государственный университет (AZ 1148, Баку, ул. З. Халилова, 23), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0142-0851>, natavanscience@gmail.com

Bakhshaliyeva Natavan Zokhrab kyzy, PhD in Biological Sciences, Lecturer at the Department of Genetics, Baku State University (AZ 1148, Baku, Z.Khalilov st. 23), ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0142-0851>, natavanscience@gmail.com

Аннотация. Генетическое разнообразие является ключевым фактором, определяющим адаптационный потенциал растений и эффективность селекционных программ. В настоящем исследовании проведена оценка генетического разнообразия пяти генотипов хурмы (*Diospyros kaki*) (BG03, ŞB04, QL02, ŞB05, ŞG03) с использованием ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) маркеров. Для анализа применялись праймеры UBC840, UBC845 и UBC851. После выделения геномной ДНК была проведена ПЦР-

амплификация, а полученные продукты разделяли методом агарозного геле-электрофореза. ISSR-анализ выявил высокий уровень полиморфизма (95,8%), что свидетельствует о значительной генетической вариабельности исследуемых генотипов. Значения PIC варьировали от 0,32 до 0,48, указывая на среднюю информативность маркеров. Расчёт генетического сходства по коэффициенту Дайса продемонстрировал чёткую дифференциацию генотипов. Полученные результаты подтверждают эффективность ISSR-маркеров для оценки генетического разнообразия хурмы и могут быть использованы в селекционных программах.

Abstract. Genetic diversity is a key factor determining the adaptive potential of plants and the effectiveness of breeding programs. In this study, the genetic diversity of five persimmon (*Diospyros kaki*) genotypes (BG03, ŞB04, QL02, ŞB05, ŞG03) was assessed using Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. Primers UBC840, UBC845, and UBC851 were used for the analysis. After genomic DNA isolation, PCR amplification was performed, and the obtained products were separated by agarose gel electrophoresis. ISSR analysis revealed a high level of polymorphism (95.8%), indicating significant genetic variability of the studied genotypes. PIC values ranged from 0.32 to 0.48, indicating the moderate informativeness of the markers. Calculation of genetic similarity using the Dice coefficient demonstrated clear differentiation of genotypes. The obtained results confirm the effectiveness of ISSR markers for assessing persimmon genetic diversity and can be used in breeding programs.

Ключевые слова: *Diospyros kaki*, ISSR-маркеры, генетическое разнообразие, полиморфизм, селекция

Keywords: *Diospyros kaki*, ISSR markers, genetic diversity, polymorphism, selection

Хурма (*Diospyros kaki*) является важной плодовой культурой, широко распространённой в странах с субтропическим и умеренным климатом. Она ценится за высокую питательную ценность плодов, богатых витаминами,

антиоксидантами и биологически активными веществами. В условиях изменения климата и возрастающих требований к качеству продукции возрастает необходимость создания новых высокопродуктивных и устойчивых сортов. На сегодняшний день в Азербайджане территория возделывания хурмы сосредоточена в Балаканском, Закатальском, Шекинском, Кахском районах. Традиционно большинство сортов были выведены в Китае, Японии и Корее. Однако селекционные работы ведутся и в России, Турции, Испании и др. [1]. Мировая селекция хурмы направлена на получение новых сортов с различными сроками вегетации и цветения, отсутствием терпкости в плодах и их повышенной лежкостью, качеством (с высоким содержанием биологически активных веществ) и урожайностью. Также ведется селекция на устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды, оптимальный габитус растения, и другие. Наличие калия, натрия, кальция, магния и фосфора — важные показатели питательной ценности хурмы. Калий, натрий, магний и фосфор содержатся в плодах в виде солей неорганических кислот, кальций — в водорастворимой, кислоторастворимой и адсорбированной формах. Калий и натрий активно влияют на водно-солевой обмен, перенос аминокислот и углеводов к клеткам. Кальций участвует в осуществлении процессов нервной возбудимости, мышечного сокращения, свертывания крови, в формировании костной ткани. По степени накопления йода в плодах хурма уступает только фейхоа. Йод участвует в образовании тироксина и регуляции обмена веществ. [2].

Генетическое разнообразие является основой для селекции и адаптации растений к неблагоприятным условиям среды. Оценка генетической variability позволяет выявить перспективные генотипы и определить степень их родства. В последние годы молекулярные маркеры стали важным инструментом для изучения генетической структуры популяций растений.

Среди различных типов молекулярных маркеров ISSR-маркеры широко применяются благодаря их высокой воспроизводимости, информативности и

отсутствию необходимости предварительного знания геномной последовательности. Они позволяют эффективно выявлять полиморфизм на уровне ДНК и используются для оценки генетического разнообразия, идентификации сортов и анализа филогенетических связей. [3].

Научная новизна работы заключается в оценке генетического разнообразия генотипов хурмы (*Diospyros kaki*), произрастающих в Азербайджане, с использованием ISSR-маркеров.

Материалы и методы

В качестве материала исследования использовали листья растений хурмы, собранные на территории 5 районов Шеки-Закатальского экономического региона. Объектом исследования служили пять генотипов хурмы: BG03, ŞB04, QL02, ŞB05 и ŞG03, принадлежащие к одному виду *Diospyros kaki* [4].

Выделение ДНК

Геномная ДНК выделялась из молодых листьев растений с использованием стандартных протоколов экстракции. Качество и концентрация ДНК оценивались методом спектрофотометрии и электрофореза [5].

ПЦР-амплификация

Для ISSR-анализа использовались праймеры UBC840, UBC845 и UBC851. ПЦР проводили в реакционном объеме 25 мкл, содержащем:

- матричную ДНК
- буфер для ПЦР
- MgCl₂
- дНТФ
- праймер
- Taq-полимеразу

Температура отжига праймеров составляла 55 °С.

Электрофорез и анализ данных

Продукты амплификации разделяли в агарозном геле. Полученные полосы визуализировали и анализировали. Каждая полоса кодировалась как:

- 1 — присутствие
- 0 — отсутствие

На основе этого формировалась бинарная матрица данных.

Для оценки генетического разнообразия рассчитывались следующие параметры:

- общее число полос (ТВ)
- число полиморфных полос (РВ)
- процент полиморфизма
- индекс информативности полиморфизма (РІС)
- разрешающая способность (RР)

Генетическое сходство между генотипами определяли с использованием коэффициента Дайса [6].

Результаты и обсуждение

Анализ полиморфизма и обработка данных проводились в соответствии с общепринятыми методами молекулярной генетики [7,8]. В результате анализа ISSR-анализ установлено, что размеры амплифицированных фрагментов варьировали от 180 до 1200 пар оснований. Число полос на один праймер составляло от 1 до 5. Средний уровень полиморфизма составил 95,8%, что свидетельствует о высоком уровне генетической вариабельности среди исследуемых генотипов. Значения РІС находились в диапазоне от 0,32 до 0,48 (в среднем 0,39), что указывает на среднюю информативность используемых праймеров. Несмотря на это, маркеры показали достаточную эффективность для выявления генетических различий (табл. 1).

Таблица 1. Показатели ISSR-анализа генотипов хурмы (*Diospyros kaki*).

Праймер	Общее число полос (ТВ)	Полиморфные полосы (РВ)	РІС	RP
---------	------------------------	-------------------------	-----	----

UBC840	8	7	0,32	3,6
UBC845	6	6	0,42	4,0
UBC851	7	7	0,45	5,2

Разрешающая способность (RP) варьировала от 3,6 до 5,2. Более высокие значения RP свидетельствуют о лучшей способности праймеров различать генотипы. В данном исследовании праймер UBC851 показал наибольшую эффективность.

Анализ генетического сходства выявил различия между генотипами, что подтверждает наличие генетической дифференциации внутри изучаемой группы. Полученные результаты согласуются с данными других исследований, в которых ISSR-маркеры успешно применялись для оценки генетического разнообразия плодовых культур [9, 10, 11].

ISSR-маркеры являются эффективным инструментом для оценки генетического разнообразия хурмы. Полученные данные могут служить основой для дальнейших селекционных и генетических исследований.

Литература

1. Murathan Z.T. Genetic diversity of persimmon (*Diospyros kaki* L.) genotypes using molecular markers // *Journal of Agricultural Science*. 2023. Vol. 15. No. 2. P. 45–52.
2. Johnson L. Molecular markers in plant breeding and genetic diversity analysis // *Plant Science Journal*. 2021. Vol. 10. No. 1. P. 12–20.
3. Bornet B., Branchard M. Nonanchored inter simple sequence repeat markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting // *Plant Molecular Biology Reporter*. 2001. Vol. 19. P. 209–215.
4. Бахшалиева Н.З. Оценка генетического разнообразия хурмы в Шеки-Загатальском экономическом районе Азербайджана. *Журнал Бюллетень Науки и Практики*, №3, 2025, стр.336-352.

5. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored PCR amplification // *Genomics*. 1994. Vol. 20. P. 176–183.
6. Dice L.R. Measures of the amount of ecological association between species // *Ecology*. 1945. Vol. 26. No. 3. P. 297–302.
7. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1973. Vol. 70. P. 3321–3323.
8. Powell W., Morgante M., Andre C. et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis // *Molecular Breeding*. 1996. Vol. 2. P. 225–238.
9. Gupta P.K., Varshney R.K. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis // *Current Science*. 2000. Vol. 79. P. 122–131.
10. Reddy M.P., Sarla N., Siddiq E.A. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 2002, vol. 128, pp. 9–17.
11. Zarei A., Erfani-Moghadam J. Scot markers provide insight into the genetic diversity, population structure and phylogenetic relationships among three *Pistacia* species of Iran // *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2021. P. 1–19.

References

1. Murathan Z.T. Genetic diversity of persimmon (*Diospyros kaki* L.) genotypes using molecular markers. *Journal of Agricultural Science*, 2023, vol. 15, no. 2, pp. 45–52.
2. Johnson L. Molecular markers in plant breeding and genetic diversity analysis. *Plant Science Journal*, 2021, vol. 10, no. 1, pp. 12–20.
3. Bernet B., Branchard M. Nonanchored inter simple sequence repeat markers: reproducible and specific tools for genome fingerprinting. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2001, vol. 19, pp. 209–215.
4. Bakhshaliyeva N.Z. Assessment of genetic diversity of persimmon in the Sheki-Zagatala economic region of Azerbaijan. *Journal of Science and Practice Bulletin*, No. 3, 2025, pp. 336-352.

5. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored PCR amplification. *Genomics*, 1994, vol. 20, pp. 176–183.
6. Dice L.R. Measures of the amount of ecological association between species. *Ecology*, 1945, vol. 26, no. 3, pp. 297–302.
7. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1973, vol. 70, pp. 3321–3323.
8. Powell W., Morgante M., Andre C. et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*, 1996, vol. 2, pp. 225–238.
9. Gupta P.K., Varshney R.K. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis. *Current Science*, 2000, vol. 79, pp. 122–131.
10. Reddy M.P., Sarla N., Siddiq E.A. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 2002, vol. 128, pp. 9–17.
11. Zarei A., Erfani-Moghadam J. Scot markers provide insight into the genetic diversity, population structure and phylogenetic relationships among three *Pistacia* species of Iran // *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2021. P. 1–19.

© Бахшалиева Н.З.кызы., 2026. *International agricultural journal*, 2026, № 2,
155-162.