

**Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında**  
**Elmin İnkişafı Fondunun 2017-ci ildə elan edilmiş**  
**8-ci “Mobillik qrantı” müsabiqəsinin**  
**(EIF-Mob-8-2017-4(30))**  
**qalibi olmuş layihə üzrə**

**HESABATI**

Bizim əsas məqsədimiz böyük bir elmi projektin kiçik bir hissəsini təyin edilmiş vaxt planı daxilində (01-30 Noyabr 2017), Almaniyada nəzərdə tutulmuş elmi-tədqiqat mərkəzində (SMNG Senckenbeg Museum für Naturkunde Gürlitz) həyata keçirmək idi.

Elmi məqsəd tədqiqat zamanı bu qrup canlıların determinasiyası (bütün postembrional mərhələlər üzrə-süfrə, nimfa, erkək və dişi), açar əlamətlər kombinasiyasının növ identifikasiyası zamanı nəzərə alınması prinsipləri, onların davranış, çoxalma, qidalanma biologiyası, ekologiyası ilə bağlı teoretik biliklər, preparatlaşdırma, fiksə edilmə, konservləşdirmə metodları, elektron və işıq mikroskopunda tədqiqi, Berlese və High-Gradient-Extraktor (MacFadyen Extraktor) vasitəsilə torpaq nümunələrindən torpaq artropodlarının seçilməsi, onların genetik analiz üçün hazırlanması və genetik analiz nəticəsinin (gen sekvinsiyası) MEGA 7 (BLAST) proqramları ilə növlərin genetik qohumluq dərəcəsini göstərən yekun filogenetik-integrativ taksonomiyasının (nəsil ağacının) əldə edilməsi idi.

Elmi nəticə Cohort Gamasina-nın (fərqli fəsilələrdən götürülən representativ nümayəndələr götürülməklə) növlərarası qohumluq dərəcəsini göstərmək prinsipinə uyğun filogenetik sistemdə morfoloji və molekulyar əlamətləri birləşdirmək oldu. Bu məqsədlə biz tədqiq edilən taxada sırf morfoloji əlamət komplekslərini nəzərə alan və bir neçə müəlliflər tərəfindən tərtib edilən klassifikasiyanı (Bregetova 1977, Karg 2006, Krantz & Walter 2009 und Beaulieu et al. 2011) əsas tutaraq onun molekulyar analizlərlə kombinə etdik. İşin mahiyyəti olaraq bizim gözləntimiz mövcud olan təsnifatla genetik analizin nə dərəcədə bir-biri ilə uzlaşması və bir birini optimal olaraq düzgün tamamlaması idi.

Bütün bu nəticənin alınması üçün 29 cins (bunlardan 23 cins Subcohort Dermanyssinae; 6 cins isə Subcohort Parasitinae aiddir), 37 növün (27 növ Subcohort Dermanyssiae; 10 növ isə Subcohort Parasitinae) genetik nukleodit ardıcılığı götürülmüş, növlərarası filogenetik qohumluq əlaqələrinin daha dolğun elmi nəticə almaq üçün GenBank-dan əlavə olaraq 12 növün (bunlardan 2 növü tədqiq edilən 37 növün aid edildiyi takson ilə tamamilə ayrı Subcohort-da birləşir) sekvinsiyası (FASTA) da proqrama daxil edilmişdir.

Analizin nəticəsi tədqiqat müddətinin sonuncu həftəsi bir neçə cəhddən sonra əldə edilib. Nəticə dəqiqliklə Krantz & Walter 2009 sistematikasını molekulyar səviyyədə təsdiqləmiş oldu (digərlərini yox).

Əldə edilən yeni fiologenetik nəsil ağacı qamaz gənələrinin filogenetik taksonomiyasının alınması üzrə aparılan ilk genetik işlərdən biridir. Çünki bu qrup haqqında informasiya GenBank məlumat

bazasında da praktik olaraq yox dərəcəsidir. Odur ki, əldə etdiyimiz nəticə tədqiqat aparılan müəssisə (SMNG) tərəfindən 4 il müddətində icrası nəzərdə tutulan böyük elmi proyekt- GBOL (German Barcode of Life) tərkibində gələcəkdə GenBank məlumat bazasına daxil edilməsi nəzərdə tutulmuşdur.

Əgər nəzərə alsaq ki, Gamasına qrupunun bu vaxta qədər vahid təsnifatı yox idi, belə halda əldə etdiyimiz nəticəni vahid və düzgün bir təsnifatın hansı olduğunu qəbul etməyə əsas verməsi baxımından əhəmiyyətli olduğunu göstərmək mümkündür.

Filogenetik nəsil ağacında 2 cins *Lysigamasus* və *Paragamasus* hər edilən cəhddə (dəqiqliyə əmin olmaq məqsədi ilə proqrama bir neçə dəfə ~ 10-na yaxın verilənlər daxil edilmişdir və hər dəfə əvvəlki ilə uzlaşdırılmışdır. Verilənlərin proqrama daxil edilməsi və yekun strukturun əldə edilməsi üçün 2 saat yaxın vaxt sərf edilir. Əgər növlərin sayı daha çoxdursa, hər bir növün gen sekvensiyasının proqrama daxil edilənə qədər işlənilməsi və proqram tərəfindən son nəticənin verilməsi daha üçün zaman tələb edir.) eyni nəticə vermiş, yəni onları birləşdirən genetik qohumluq əlaqəsi daha kəskin olmuşdur. Buna gəldiyimiz nəticəyə görə 2 amil səbəb ola bilər: **1.** Ya bu cinsləri ayıran nukleodit ardıcılığı fərqi o qədər cüzdür ki, onları hətta bir cins altında birləşdirmək daha düzgün olardı nəyinki ayrı; ya da **2.** Bu sekvensiyanın qeyri-dəqiqliyini göstərə bilər hansı ki, belə hallar uzunmüddətli, davamlı tədqiqatlar tələb edir və bunu həyata keçirmək 4 həftə zaman daxilində faktiki olaraq mümkün deyil.

Lakin, 1 ay müddətində aparılan bu tədqiqat gələcəkdə daha geniş aspektdə-qruplararası yəni daha yuxarı rənglərdə -taxsonlararası əlaqəni qurmaq üçün ilkin zəmin yaradır.

Tədqiqat, müasir təkamül biologiyası və molekulyar biologiya (filogenetika) sahəsində geniş tətbiq edilən gen sekvensiyası (genetik nukleodit ardıcılığı)- m DNT (və ya COX I) və ya r RNT (28s); bütün canlı sistemin genetik informasiya bazası olan GenBank və MEGA 7 Proqramı (xüsusi olaraq genetik qohumluğa istinad edən filogenetik nəsil ağacının alınması üçün yaradılmışdır) BLAST metodların tətbiqi ilə aparılmışdır.

Ətraflı məlumat yekun qrafikin təsviri ilə birgə qısamüddətli tədqiqat üzrə alman dilində yazılmış xülasədə də verilib).