

**AZƏRBAYCAN MİLLİ ELMLƏR AKADEMİYASI
BOTANİKA İNSTİTUTU**

Əlyazması hüququnda

AYBƏNİZ CAVAD QIZI ƏLİYEVƏ

**QISABOYLU VƏ ŞAXƏLİ BUĞDALARIN
YARADILMA STRATEGİYASI VƏ ONLARIN
SİTOGENETİK TƏDQIQI**

İxtisas: 2409.01 – Genetika

Biologiya üzrə elmlər doktoru elmi dərəcəsi
almaq üçün təqdim olunan dissertasiyanın

A V T O R E F E R A T I

Bakı – 2014

Dissertasiya işi Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Molekulyar sitogenetika şöbəsində yerinə yetirilmişdir.

Elmi məsləhətçi: Biologiya üzrə elmlər doktoru,
professor **N.X. ƏMİNOV**

Rəsmi opponetlər: Biologiya üzrə elmlər doktoru
K.Q. QASIMOV
Biologiya üzrə elmlər doktoru
K.U. KURKIYEV
Biologiya üzrə elmlər doktoru
E.M. RƏSULOV

Aparıcı təşkilat: Bakı Dövlət Universitetinin Genetika və Təkamül təlimi kafedrası

Dissertasiyanın müdafiəsi “_10_” “_12_” 2014-cü il tarixdə saat _____-da Azərbaycan MEA Botanika İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən D.01.061 Dissertasiya Şurasının yığıncağında keçiriləcəkdir.

Ünvan: Bakı şəhəri, AZ 1073, Badamdar şossesi, 40.

Dissertasiya ilə Azərbaycan MEA-nın Botanika İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Avtoreferat “_____” “_____” 2014-cü il tarixdə göndərilmişdir.

D.01.061 Dissertasiya Şurasının elmi katibi, biologiya üzrə elmlər doktoru, professor

S.C. İBADULLAYEVA

İŞİN ÜMUMİ XARAKTERİSTİKASI

Mövzunun aktuallığı. Hazırkı demoqrafik artım və əkin üçün yararlı torpaqların tədricən azalması, qlobal iqlim dəyişkənlikləri və ekoloji tarazlığın pozulması, ətraf mühitin biotik və abiotik amillərinin təsiri ilə kənd təsərrüfatı, o cümlədən dənli taxıl bitkilərinin məhsuldarlığının aşağı düşməsi fonunda əhalinin çörəyə olan tələbatının ödənilməsi problemi daha böyük aktuallıq kəsb edir. Odur ki, ərzaq bitkilərinin, xüsusilə, buğdanın genetika və seleksiyası ilə məşğul olan alim və mütəxəssislər son dövrlərdə yalnız yüksəkməhsuldar deyil, həm də stress amillərə davamlı və ayrı-ayrı bölgələrin torpaq-iqlim şəraitinə uyğun sortların yaradılmasına böyük önəm verirlər.

Buğdanın məhsuldarlıq potensialının yüksəldilməsi istiqamətində çalışan tədqiqatçıların bir qismi buna yatmaya davamlı qısa boylu sortlar yaratmaqla, digər qismi isə sünbülün morfolojiyasını dəyişməklə nail olmaq istəyirlər. Sünbül morfolojiyasını dəyişmək yollarından biri də hər sünbüldə sünbülcüklərin sayını artırmaq, yəni şaxəli və supersünbülcüklü buğda formaları almaq istiqamətində seçmə aparmaqdır ki, bu da məhsuldarlığı, periodik olaraq, artırmağa imkan verir.

Genetik materialın bir növ və ya cinsdən digərinə introqressiyası artıq xeyli vaxtdır ki, mütəxəssislərin diqqət mərkəzindədir. Hazırda, dünyanın qabaqcıl genetik və seleksionerlərinin qarşısında duran başlıca məsələ bir sıra faydalı və qiymətli təsərrüfat əlamətlərini özündə ehtiva edən yeni intensiv buğda sortları yaratmaqdan ibarətdir. Buna isə genetik materialın yabarı əcdad və qohum cinslərdən buğdaya ötürülməsi yolu ilə nail olmaq olar. Məlum olduğu kimi, buğdaya (*Triticum* L.) qohum olan egilops (*Aegilops* L.) və çovdar (*Secale* L.) cinsləri xəstəlik və zərərvericilərə, şaxta və quraqlığa qarşı davamlı olub, dənlərinin yüksək zülal tərkibi ilə fərqlənirlər. Bu cür əlamətlərin buğdaya introqressiyası məqsədilə indiyədək buğda, egilops və çovdar növlərinin müxtəlif kombinasiyalarından ibarət çoxlu sayda nümunələr yaradılmışdır. Qeyd edək ki, bizim də qısa boylu xətlərin alınmasında ilk dəfə olaraq qısa boyluluq genlərinin mənbəyi kimi istifadə etdiyimiz üçcinsli natamam amfidiploid (NAD) - *Aegilotriticale* keçən əsrin 70-ci illərində N.X. Əminov tərəfindən yapon mütəxəssis H. Kiharanın *Triticum durum* Desf. ilə *Aegilops tauschii* Coss. arasında aldığı amfidiploidə çovdar (*Secale cereale* subsp. *segetale* Zhuk.) genomunun əlavə edilməsi yolu ilə əldə edilmişdir.

Uzaq hibridləşmə yolu ilə yaradılan və yadəcinsli xromatinə malik forma və xətlərin tədqiqini sitogenetik metodlarsız təsəvvür etmək qeyri-mümkündür. Sitogenetika – molekulyar genetikada erasında da öz vacib rolunu qoruyub saxlamışdır. Belə ki, növ- və cinsarası çarpazlaşmadan alınan əvəz- və əlavə olunmuş, eləcə də translokasiyalı xətlərdə genom və xromosom tərkibinin mükəmməl analizi biokimyəvi və molekulyar bioloji hadisələr sitogenetikaya əlavə olunduqdan sonra meydana çıxan molekulyar sitogenetik metodlar (C-bəndləmə, FISH, GISH) sayəsində mümkün olmuşdur. Qeyd edək ki, bizim yaratdığımız qısa boylu və şaxəli xətlərin molekulyar sitogenetik metodlarla tədqiqi Azərbaycan Respublikası Prezidenti yanında Elmin İnkişafı Fondunun maliyyə dəstəyi ilə həyata keçirilmişdir [**Qrant № EIF-2011-11(3)-82/52/3**].

Tədqiqatın məqsəd və vəzifələri. Tədqiqatın aparılmasında əsas məqsəd ətraf mühitin biotik və abiotik təsirlərinə qarşı davamlı, yerli torpaq və iqlim şəraitinə uyğunlaşmış yüksək məhsuldar qısa boylu və şaxəli buğda xətlərinin yaradılması, qısa boyluluğu və yeni tipli şaxəliliyi şərtləndirən genlərin irsiliyinin öyrənilməsi, həmin genləri daşıyan buğda xətlərinin klassik və müasir sitogenetik metodlarla tədqiqidir. Bunun üçün bizim tərəfimizdən xüsusi strategiya işlənib hazırlanmışdır ki, bu da istər qısa boylu, istərsə də şaxəli buğdaların yaradılmasında tamamilə yeni və yerli genetik mənbələrin axtarışı və istifadəsinə əsaslanmışdır.

Bu məqsədə çatmaq üçün qarşıya qoyulan əsas vəzifələr:

- Qısa boyluluq və şaxəlilik genlərinin mənbəyi kimi yeni və yerli genetik mənbələrdən istifadə etməklə qısa boylu və şaxəli buğda xətlərinin yaradılması;
- Qısa boylu və şaxəli xətlərin genom və xromosom tərkibinin klassik və molekulyar sitogenetik metodlarla tədqiqi;
- Qısa boyluluq və yeni tipli şaxəlilik əlamətlərinin genetik xarakterinin təyini məqsədilə qısa boylu və şaxəli xətlərin müvafiq hibridləşmələrə cəlb edilməsi;
- Alınan hibrid populyasiyalarda qısa boyluluq və şaxəlilik əlamətlərini idarə edən genlərin sonrakı nəsillər üzrə irsiliyinin tədqiqi;
- Yeni tipli şaxəliliyə nəzarət edən gen və ya genlərin xromosomdakı yerinin təyini (lokallaşdırılması);
- Qısa boylu və şaxəli xətlərin biokimyəvi, elektroforetik və əsas məhsuldarlıq elementlərinə görə qiymətləndirilməsi.

Elmi yeniliklər. İlk dəfə olaraq, qısa boyluluq genlərinin mənbəyi kimi üçcinsli NAD – *Aegilotriticale* -dən, yeni tipli şaxəlilik genlərinin

mənbəyi kimi isə 171ACS xəttindən istifadə etməklə yerli torpaq-iqlim şəraitinə uyğunlaşmış, xəstəlik və zərəvericilərə qarşı davamlı qısa boylu (karlıq və yarımkarlıq) və şaxəli buğda xətlərindən ibarət kolleksiya yaradılmışdır.

İlk dəfə olaraq, yeni yaradılmış həmin qısa boylu xətlərin molekulyar sitogenetik metodlarla (FISH və GISH) tədqiqi nəticəsində onlardan birinin translokant (377YK – T4DS-7RL), səkkizinin əvəz olunmuş, digər səkkizinin isə yalnız buğda xromosomlarından ibarət olduqları müəyyən edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, NAD ilə yumşaq buğdanın Chinese Spring sortu arasındakı hibridləşmədən alınan 171ACS xəttinin akademik C.Ə. Əliyevin rəhbərliyi altında yaradılmış yerli bərk buğda sortu Bərəkətli-95 ilə çarpazlaşmasından dünyada analoqu olmayan yeni şaxəli buğda forması alınmış və sonrakı tədqiqatlar sayəsində 171ACS xəttinin yeni tipli şaxəliliyin mənbəyi olduğu aşkar edilmişdir.

Yeni tipli şaxəlilik əlamətinin irsiliyinin tədqiqi zamanı hibridoloji analizin nəticələrinə görə, bu yeni əlamətin bir resessiv genlə idarə olunduğu müəyyən edilmişdir.

Həmin 171ACS xətti ilə buğdanın tetra- və oktoploid (D genomu daşımayan) növ və sortları arasındakı hibrid kombinasiyalarda da parçalanma nəticəsində ikinci nəsildən etibarən yeni tipli şaxəlilik əlamətinə malik formaların meydana çıxdığı aşkar edisə də, onunla buğdanın heksaploid (D genomu daşıyan) növ və sortları, eləcə də D genomuna malik tetra- və heksaploid amfidiploidləri arasındakı hibrid populyasiyaların ikinci və sonrakı nəsillərində şaxəli bitkilərə təsadüf edilməməsi səbəbindən, D genomu xromosomlarının yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsiri haqda mülahizə irəli sürülmüşdür.

İlk dəfə olaraq, yeni tipli şaxəliliyə D genomu xromosomlarından hansının supressor təsir göstərdiyini təyin etmək məqsədilə, həmin əlamətə malik 166-şaxəli xətti ilə Langdon bərk buğda sortunun A və B genomu xromosomlarının yumşaq buğdanın müvafiq D genomu xromosomları ilə disom əvəz olunmuş xətlər seriyası arasında hibridləşmələr aparılmış və hibridoloji analizin nəticələrinə görə, 5D və 6D xromosomlarının yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsiri müəyyən edilmişdir.

Həmçinin, 171ACS xəttinin istər AABB, istərsə də AAGG genomlu buğdalarla çarpazlaşmasından alınan hibrid populyasiyalarda şaxəli formaların meydana çıxması sayəsində, həmin əlaməti idarə edən

gen və ya genlərin buğdanın məhz A genomunda yerləşdiyinə dair mühakimə irəli sürülmüşdür.

İlk dəfə olaraq, mikrosatellit markerlərdən istifadə etməklə, 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı F₂ hibrid populyasiyalarında yeni tipli şaxəliliyi idarə edən genin xəritələnməsi həyata keçirilmiş və şərti olaraq *shr*^{171ACS} adlandırılmış həmin genin, həqiqətən də, 5A xromosomunun uzun çiyində yerləşdiyi və əlavə sünbülcük pulcuğu əlamətini idarə edən *exg* (extra glume - əlavə sünbülcük pulcuğu) geni ilə sıx ilişikli olduğu, habelə *T. jakubzineri* növünün vaviloid tipli şaxəliliyinə nəzarət edən *shr1* geninə allel olduğu aşkar edilmişdir.

Elmi və təcürbi əhəmiyyəti. Tədqiqatlar nəticəsində indiyədək heç bir yerdə rast gəlinməyən və mövcud şaxəli buğdalardan tamamilə fərqlənən, yeni şaxəli buğda forması alınmış və onun əsasında 166-şaxəli xətti yaradılmışdır. Bu xəttin yeni və fərqli morfoloji əlamətlərə malik olduğu nəzərə alınaraq, ona bizim tərəfimizdən sintetik tetraploid növ statusu verilmişdir: *×Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov sp. nova. Bununla da, buğda (*Triticum* L.) cinsində yeni növ- və formaəmələgəlmə potensialının hələ də tükənmədiyi nümayiş etdirilmişdir.

171ACS xəttinin yeni tipli şaxəliliyin mənbəyi olması eksperimental olaraq sübuta yetirilmişdir ki, bu da həmin xəttin və onun iştirakı ilə alınan şaxəli xətlərin hər sünbüldə sünbülcüklərin sayının artırılmasına yönəldilmiş seleksiya işlərində istifadəsi üçün geniş imkanlar açır.

NAD-dan istifadə etməklə yaradılmış yeni qısaboşlu – karlıq və yarımkarlıq xətlərin genom və xromosom tərkibinin identifikasiyası nəticəsində onlar arasında buğda və çovdar xromosomu çiyinlərindən ibarət bir translokant və səkkiz əvəz olunmuş xətt aşkar edilmişdir ki, bunların da seleksiya işlərində məqsədyönlü istifadəsi bir sıra təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin buğdaya introqressiyasını xeyli asanlaşdırma bilər.

Bundan başqa, yeni qısaboşlu və eləcə də şaxəli xətlərdən ibarət iki böyük kolleksiya yaradılmışdır ki, gələcəkdə onlardan məqsədyönlü seleksiya işlərində istifadə etməklə, intensiv buğda sortlarının yaradılması sahəsində müəyyən uğurlar qazanmaq olar. Təsədüfi deyildir ki, 2010-cu ildə qısaboşlu buğdaların alınması istiqamətində aparılan işlərin bəhrəsi kimi, biri bərk və digəri yumşaq buğda olmaqla, iki sort (Saray və Abşeron) Azərbaycan Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi “Seleksiya nailiyyətlərinin sınağı və mühafizəsi” üzrə Dövlət Komissiyasına təhvil verilmiş (müəlliflik hüququ 30 % olmaqla) və onlardan biri – payızlıq bərk buğda sortu Saray yüksək göstəricilərinə görə rayonlaşdırılmışdır (Patent № 00168).

Digər tərəfdən, həmin kolleksiyaların yaradılması müxtəlif səbəblərdən getdikcə kasadlaşan biomüxtəlifliyin zənginləşdirilməsi baxımından da mühüm əhəmiyyət kəsb edir.

Aprobasiya. Tədqiqat işinin nəticələri haqda “Yeni və qeyri-ənənəvi bitkilər və onların praktiki istifadə perspektivləri” mövzusunda keçirilən II Beynəlxalq simpoziumda (Puşino, 1997), “Qeyri-ənənəvi bitkiçilik, eniologiya, ekologiya və sağlamlıq” mövzusunda keçirilən VI (Simferopol, 1997), VII (Simferopol, 1998), VIII (Simferopol, 1999), IX (Aluşta, 2000), XI (Simferopol, 2002) və XVII (Simferopol, 2008) Beynəlxalq elmi-praktik konfranslarda, Azərbaycan Genetiklər və Seleksiyaçılar Cəmiyyətinin VII qurultayında (Bakı, 1998), “Qeyri-ənənəvi və nadir kənd təsərrüfatı bitkilərinin tədqiqi” mövzusunda həsr olunmuş Ümum-Rusiya elmi-praktik konfransında (Moskva-Penza, 1998), Azərbaycan Biokimyəçilər və Molekulyar Bioloqlar Cəmiyyətinin I Konfransında (Bakı, 2001), ADU-nun biologiya fakültəsinin «Biokimya bugün və sabah» mövzusunda keçirilən elmi konfransında (Bakı, 2003), Dənli və dənli-paxlalı bitkilər üzrə Beynəlxalq Qafqaz konfransında (Tbilisi, 2004), “Biomüxtəlifliliyin genetik ehtiyatları” mövzusunda I Beynəlxalq elmi konfransda (Bakı, 2006), VI Beynəlxalq Triticeae simpoziumunda (Kyoto, Japan, 2009), “Mədəni bitkilərin genetik ehtiyatları. Mədəni bitkilərin təkamül və sistematikasını ilə əlaqədar problemlər” mövzusunda keçirilən Beynəlxalq elmi konfransda (Sankt-Peterburq, 2009), “İqlim dəyişkənliyinə uyğunlaşmanı gücləndirmək məqsədilə bitki genetik ehtiyatlarının müxtəlifliyi, xarakteristikası və istifadəsi” mövzusunda Beynəlxalq konfransda (Bakı, 2011), “Qeyri-ənənəvi və nadir bitkilərin introduksiyası” mövzusunda keçirilən X Beynəlxalq elmi-praktik konfransda (Ulyanovsk, 2012), DNT molekulunun ikiqat spiral quruluşunun kəşfinin 60 illiyinə həsr olunmuş IV Dünya DNT və Genom Günü konqresində (Nanjinq, Çin, 2013), “Mədəni bitkilərin təkamül və sistematikasını problemləri” mövzusunda II Beynəlxalq elmi konfransda (Sankt-Peterburq, 2014), eləcə də AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi seminarında məruzələr edilmiş və alınan nəticələr müzakirə olunmuşdur.

Nəşr olunmuş əsərlər. Dissertasiya mövzusunun əsas müddəalarına aid 60 elmi əsər (1 kitab, 38 məqalə və 21 tezis) nəşr olunmuşdur.

Mövzunun həcmi və quruluşu. Dissertasiya işi giriş, beş fəsil, xülasə, nəticə, tövsiyələr və istifadə edilmiş ədəbiyyat siyahısından ibarətdir. Dissertasiyada 452 – 16 azərbaycan, 102 rus və 334 ingilis və digər dillərdə olan ədəbiyyat mənbələrindən istifadə olunmuşdur.

Dissertasiyada, həmçinin 68 cədvəl və 72 şəkildən istifadə edilmişdir. İşin ümumi həcmi 356 səhifədən ibarətdir.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işi 1997-2013-cü illər ərzində GEİ-nin Molekulyar Sitogenetika şöbəsində, Abşeron Elmi-Tədqiqat Bazasında və Saray Dayaq Məntəqəsində aparılmışdır. Tədqiqatın materialı kimi, qısbəyüllüq genlərinə malik üçcinsli NAD [(*T. durum* Desf. – *Ae. tauschii* Coss.) × *Secale cereale* ssp. *segetale* Zhuk.] ilə yumşaq buğdanın Chinese Spring sortu arasında yaradılmış qısbəyüllü – karlık (K) və yarımkarlık (YK) xətlərdən, eyniadlı hibridləşmənin məhsulu olan və yeni tipli şaxələliyin mənbəyi sayılan 171ACS xəttindən, onunla bərk buğdanın Bərəkətli-95 sortu arasında sintez olunmuş şaxəli xətlərdən, eləcə də həmin qısbəyüllü və şaxəli xətlərin müxtəlif tetra-, hekşa- və oktoploid buğda növ, amfidiploid, sort və xətləri ilə çarpazlaşmasından alınmış çoxlu sayda hibrid populyasiyalarından istifadə edilmişdir.

İstifadə edilmiş metodlar. Tədqiqatların aparıldığı dövrdə hibridoloji, biokimyəvi, elektroforetik, klassik və molekulyar sitogenetik, yəni FISH (flüoressent *in situ* hibridləşmə) və GISH (genom *in situ* hibridləşmə), eləcə də mikrosatellit xəritələmə metodlarından istifadə edilmişdir.

Hibridoloji metod. Hibrid bitkilər almaq məqsədilə ümumi qəbul olunmuş metodikadan istifadə edilmişdir (Горин и др., 1968; Тихомирова, 1990).

Bitkilər yetişdikdən sonra kökündən çıxarılmışdır. Bitkilərin hündürlüyü əsas gövdənin kökündən sünbülün ucuna qədər ölçülərək təyin edilmişdir. Dominantlıq dərəcəsi (hp) G.M. Beil və R.E. Atkins (1965) formulu üzrə hesablanmışdır. Nəticələr riyazi-statistik olaraq işlənmişdir (Доспехов, 1979).

Klassik sitogenetik metod. Hibridlərin sitogenetik tədqiqi meyotik və mitotik xromosomların standart metodlar (Паушева, 1988; Пухальский и др., 2004) və onların bəzi modifikasiyaları əsasında hazırlanmış müvəqqəti preparatlar üzərində həyata keçirilmişdir. Həm kökcüklər, həm də tozluqlar asetokarminlə rəngləndikdən sonra, onlardan 45 %-li sirkə turşusu məhlulunda müvəqqəti əzmə preparatlar hazırlanmış və onlar Leitz Orthoplan (Almaniya) və Motic (Çin) mikroskopları altında tədqiq edilmişdir.

Molekulyar sitogenetik metodlar (differensial rəngləmə (C-bəndləmə), FISH (flüoressent *in situ* hibridləşmə) və GISH (genom *in situ* hibridləşmə):

C-banding (C-bəndləmə) - ayrı-ayrı xromosomların identifikasiyası məqsədilə C.G.Vosa və P. Marche (1972) tərəfindən işlənib hazırlanmış differensial rəngləmə metodundan istifadə edilmişdir. Hazırlanmış preparatlar Gimza boyası ("BDH Chemicals", İngiltərə) ilə rənglənmişdir.

FISH – G. Linc və həmkarlarının (1999) təsvir etdikləri şəkildə həyata keçirilmişdir. Bu metoddan yaradılmış qısa boylu və şaxəli xətlərin xromosom tərkibini analiz etmək məqsədilə istifadə edilmişdir.

GISH – S. Rider və başqalarının (1994) metodikasına M. Molnar-Lang və başqalarının (2000) cüzi modifikasiyası əsasında aparılmışdır. Bu metoddan yaradılmış qısa boylu və şaxəli xətlərin genom tərkibini analiz etmək məqsədilə istifadə edilmişdir. Xromosomlar, FITC üçün 10, rodamin üçün 15, DAPI üçün 01 sayılı filtr dəstlərindən istifadə edilməklə, Zeiss Axioskop-2 epiflüoressens mikroskopunda tədqiq olunmuşdur. Şəkillər Spot CCD kamerasının (Diagnostic Instruments, Sterling Heights, MI, USA) köməyiylə çəkilmiş və Image-Pro Plus 4.0 Software proqramı (Media Cybernetics, Silver Spring, MA, USA) ilə kompilə edilmişdir.

Molekulyar genetik metod - mikrosatellit xəritələmə metodu. Genom DNT-si S.L. Dellaporta və həmkarlarının (1983) metodikasına əsasən F₂ hibrid populyasiyasına məxsus cücərtillərin yarpaqlarından ekstraksiya edilmişdir. Mikrosatellit xəritələmə zamanı M.S. Röder və həmkarlarının (1998), Q.J. Song və həmkarlarının (2005), eləcə də A. Torada və həmkarlarının (2006) işləyib hazırladıqları və 5A xromosomuna spesifik mikrosatellit markerlərdən istifadə edilmişdir. Genetik əlamətlərin ilişikliyi əks etdirən xəritəni hazırlamaq üçün minimum (>3.0) LOD göstəricilərindən istifadə edilmişdir. Tədqiq olunan əlamətləri idarə edən genlərin yerini xəritədə çizmək üçün genetik məsafəni, D.D. Kosambinin (1944) təklif etdiyi kimi, santiMorqanlarla (cM) hesablayan kompüter proqramından istifadə olunmuşdur.

Biokimyəvi metodlar. Qısa boylu xətlərdə ümumi zülal, zülalə görə lizin və triptofanın faizlə miqdarı təyin edilərkən, müvafiq olaraq, A.İ. Yermakov və M.P. Yaroşun (1969), A.S. Museyko və A.F. Sısoyevin (1970), A.İ. Yermakovun (1972) işləyib hazırladıqları metodlardan istifadə olunmuşdur.

Elektroforetik metod. Qısa boylu və şaxəli xətlərin dənələrindəki ehtiyat zülallarının (qliadinin) elektroforetik analizi V. Bushuk və R.R.

Zillman (1978) tərəfindən işlənib hazırlanmış A-PAGE (Acid-polyacrylamide gel electrophoresis və ya acid-PAGE) metodunun F.A. Poperelya və başqalarının (1989) modifikasiyalaşmış üsulu ilə həyata keçirilmişdir. Genetik fərqlilik və oxşarlıq SPSS (2003) kompüter proqramı ilə təyin edilmişdir. Klaster analizi UPGMA metodu və Cakkardın oxşarlıq əmsali əsasında həyata keçirilmişdir.

İŞİN ƏSAS MƏZMUNU

1. Qısa boylu (karlık və yarımkarlık) buğda xətlərinin yaradılması və onların sitogenetik tədqiqi

Qısa boylu – karlık və yarımkarlık formaların buğdanın genetikə və seleksiyasında xüsusi əhəmiyyət kəsb etdiyini nəzərə alıb, biz, ilk dəfə olaraq, karlık genlərinin mənbəyi kimi üçcinsli NAD – *Aegilotriticale* -dən (Аминов, Мамедов, 1981) istifadə etmişik. Qeyd edək ki, bizim başlanğıc material kimi götürdüyümüz üçcinsli NAD həm qısa gövdəyə (70-90 sm), həm də iri və çoxçiçəkli sünbüllərə malik olduğundan, onunla yumşaq buğdanın Chinese Spring sortu arasında çarpazlaşma aparılmış və qısa boylu xətlərin alınması istiqamətində məqsədyönlü seçmə işləri həyata keçirilmişdir.

Qeyd etmək lazımdır ki, F_1 hibridlər homomorf olub, sünbülün forması və bitkinin boyu etibarlı ilə aralıq xarakter daşımışlar. F_2 -də uzaq hibridləşmələr üçün xarakterik olan güclü forma-əmələgəlmə nəticəsində meydana çıxmış boyca bir-birindən fərqli fraksiyalar içərisindən karlık (55-60 sm) və yarımkarlık (61-80 sm) formalar seçilmiş və onlar üzərində sonrakı nəsillərdə də genetik-seleksion tədqiqat işləri davam etdirilmişdir. Qısa boylu formaların əksəriyyəti qısa gövdəlilik əlamətini sonrakı nəsillərdə də qoruyub saxlamış və onların bəzilərinin fertilliyi, xəstəlik və zərərvericilərə qarşı davamlılığı çox yüksək olmuşdur. Həmin qısa boylu formalar əsasında yüksək fertilliyə malik və xəstəliklərə qarşı davamlı aşağıdakı stabil qısa boylu xətlər yaradılmışdır.

Ümumiyyətlə, müxtəlif genom tərkibinə malik genetik materialın yaradılması dənli bitkilərin genomlarının formalaşma xüsusiyyətlərini və xromosom rekonstruksiyalarını aşkara çıxarmağa imkan verməklə bərabər, kənd təsərrüfatı bitkilərinin genetik müxtəlifliyinin zənginləşdirilməsi, adaptivlik potensialının və davamlılığının yüksəldilməsi baxımından da mühüm əhəmiyyət kəsb edir.

Karlik xətlər

373K – 59,3 sm
 374K – 54,5 sm
 374/1K – 55,4 sm
 374/2K – 56,9 sm
 376K – 59,1 sm
 382K – 55,4 sm
 384/1K – 58,1 sm
 384/2K – 57,3 sm
 385K – 59,2 sm
 386/1K – 55,2 sm
 386/2K – 60,0 sm
 386/3K – 59,6 sm
 387/1K – 58,2 sm
 625K – 60,0 sm

Yarımkarlik xətlər

375YK – 79,9 sm
 377YK – 64,2 sm
 378/1YK – 62,4 sm
 378/2YK – 72,4 sm
 378/3YK – 66,5 sm
 380YK – 64,0 sm
 381YK – 75,3 sm
 383YK – 71,8 sm
 383/1YK – 67,0 sm
 383/2YK – 65,2 sm
 383/3YK – 67,5 sm
 386YK – 61,8 sm
 387YK – 64,8 sm

Yaradılmış qısa-boylu (karlik və yarımkarlik) xətlər NAD ilə yumşaq buğda arasındakı hibridləşmənin məhsulu olduğundan, başlıca məqsədimiz onların tərkibində çovdar genomu xromosomlarının olub-olmadığını müəyyənləşdirmək və hər bir xəttin istər genom, istərsə də xromosom tərkibini analiz etmək olmuşdur. Bunun üçün qısa-boylu xətlər təkcə klassik (meyotik) deyil, habelə molekulyar sitogenetik (FISH və GISH) analizlərə də cəlb edilmişlər.

Cinsarası qısa-boylu xətlərdə, ilk növbədə, meyoza prosesi zamanı xromosom konyuqasiyasının xarakteri tədqiq olunmuş və alınan nəticələr öz əksini **Cədvəl 1**-də tapmışdır. Cədvəldən görüldüyü kimi, 380YK ($2n=44$) istisna olmaqla, qalan bütün xətlər heksaploid ($2n=42$) olmuşdur. Xromosom konyuqasiyası səviyyəsinin, yəni qapalı bivalentlərin sayının 373K, 374K, 376K, 382K, 383/2YK, 384/1K, 384/2K, 385YK, 386/1K, 387YK və 625K xətlərində yüksək (19,11-19,68), 375YK, 378/1YK, 378/3YK, 380YK və 383/1YK xətlərində isə bir qədər aşağı (14,63-17,74) olduğu müşahidə edilmişdir. Məhz bu səbəbdən də sonuncularda açıq bivalentlərin və univalentlərin sayının artdığı və onların, əvvəlkilərdən fərqli olaraq, üstəlik, tri- və kvadrivalentlər şəklində multivalent assosiasiyalara malik olduqları qeydə alınmışdır.

Cinsarası qısa-boylu (karlik və yarımkarlik) xətlərin, eyni zamanda, molekulyar sitogenetik metodlarla genom və xromosom tərkibi də tədqiq edilmişdir (**Cədvəl 2**). Həmin xətlərin FISH və GISH metodları ilə tədqiqi

sayəsində 17 xətdən 8-inin (373K, 374K, 376K, 382K, 383/2YK, 385YK, 387YK, 625K) yalnız buğda genomu xromosomlarından ibarət olduğu, digər 8-inin (375YK, 378/1YK, 378/3YK, 380YK, 383/1YK, 384/1K, 384/2K, 386/1K) genom tərkibində buğda xromosomları ilə yanaşı 2- dən 14-ədək çovdar xromosomunun və yalnız bir xətdə (377YK) bir cüt 4DS-7RL translokasiyasının varlığı aşkar edilmişdir.

Cədvəl 1.

Cinsarası qısaoblu (karlik) və yarımkarlik (YK) xətlərdə meyoza prosesinin tədqiqi

Karlik xətlər	ATH	Qapalı bivalentlər	Açıq bivalentlər	Uni-valentlər	Tri-valentlər	Kvadri-valentlər	XƏT	2n
373K	129	19,61±0,20	0,98±0,25	0,84±0,37			40,21±0,29	42
374K	133	19,38±0,36	1,32±0,36	0,60±0,24			40,09±0,44	42
374/1K	126	18,14±0,25	2,44±0,32	0,84±0,23			38,71±0,30	42
374/2K	136	17,10±0,35	2,99±0,44	1,10±0,28		0,18±0,13	37,75±0,47	42
376K	157	17,57±0,32	2,59±0,40	1,68±0,33			37,74±0,31	42
382K	112	19,34±0,33	1,39±0,33	0,54±0,23			40,08±0,38	42
384/1K	145	19,01±0,39	1,34±0,30	1,07±0,24	0,08±0,11		39,54±0,41	42
384/2K	111	18,36±0,24	2,21±0,22	0,86±0,20			39,13±0,33	42
385YK	136	17,93±0,41	2,90±0,43	0,33±0,35			38,77±0,47	42
386/1K	104	14,75±0,24	4,96±0,28	2,58±0,44			34,48±0,35	42
387/1K	132	19,08±0,34	1,60±0,31	0,64±0,25			39,87±0,39	42
375YK	147	14,63±0,45	4,61±0,40	2,95±0,38	0,07±0,10	0,09±0,12	34,30±0,34	42
377YK	131	18,60±0,26	1,57±0,32	1,66±0,33			38,78±0,49	42
378/1YK	133	4,40±0,63	8,86±0,58	15,49±1,14			17,72±1,01	42
378/2YK	145	16,78±0,49	3,65±0,46	0,90±0,39	0,04±0,11	0,03±0,10	37,43±0,43	42
378/3YK	103	17,19±0,39	1,79±0,22	2,74±0,20	0,18±0,14	0,19±0,17	37,12±0,41	42
380YK	154	18,77±0,22	1,49±0,25	3,49±0,42			39,05±0,36	44
381YK	111	19,24±0,34	1,23±0,35	1,06±0,24			39,72±0,40	42
383YK	131	19,41±0,32	1,28±0,34	0,63±0,24			40,11±0,43	42
383/1YK	100	18,41±0,60	1,36±0,68	0,96±0,15	0,50±0,15		39,19±0,71	42
383/2YK	122	18,76±0,59	0,58±0,37	1,48±0,25	0,32±0,20		39,41±0,46	42
383/3YK	124	18,16±0,49	1,86±0,31	1,26±0,38			38,77±0,56	42
386YK	119	19,66±0,30	1,06±0,23	0,56±0,21			40,40±0,33	42
387YK	127	19,32±0,47	1,29±0,44	0,77±0,27			39,95±0,42	42

Tədqiqatlar sayəsində 375YK xəttinin 12 ədəd A (1A-4A, 6A-7A) genomu xromosomuna malik olmaqla, 5A xromosomuna görə nullisom, 5B xromosomuna görə isə tetrasom olduğu, habelə bir cüt 2D və 12 ədəd çovdar (1R, 3R-7R) genomu xromosomuna malik olduğu müəyyən edilmişdir. Eyni zamanda, 375YK xəttinin genom tərkibində bir ədəd modifikasiyalaşmış 1B xromosomu aşkar edilmişdir. Bundan əlavə, çatışmayan bir cüt 5A xromosomunun (nullisom) ikiqat dozada iştirak edən (tetrasom) 5B xromosomlarından ikisi ilə [5B(5A)], çovdarın bir cüt 2R xromosomunun isə buğdanın bir cüt 2D xromosomu ilə əvəzləndiyi [2D(2R)] aşkar edilmişdir (**Şəkil 1**).

386/1K, 384/1K, 384/2K və 383/1YK xətlərində, əksinə, buğdanın çatışmayan xromosom cütlərinin müvafiq çovdar xromosomu cütləri ilə

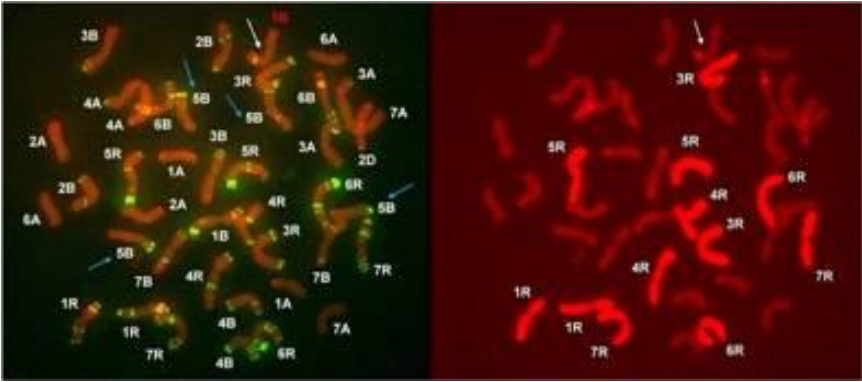
Cinsarası qısbəyulu (karlık və yarımkarlık) xətlərin genom və xromosom tərkibi

Ge-nom	Xro-mo-som	375YK	377YK	378/1YK	378/3YK	380YK	383/1YK	384/2K	386/1K
A	1	++	++	++	++	++	++	++	++
	2	++	++	++	++	++	++	++	++
	3	++	++	++	++	++	++	++	++
	4	++	++	++	++	++	++	++	++
	5	--	++	++	++	++	++	++	--
	6	++	++	++	++	++	++	++	++
	7	++	++	++	++	++	++	++	++
B	1	+	++	--	--	++	++	++	++
	2	++	++	++	++	++	++	++	++
	3	++	++	++	++	++	++	++	++
	4	++	++	++	++	++	++	++	++
	5	++++	++	++	++	++	++	++	++
	6	++	++	++	++	++	++	++	++
	7	++	++	++	++	++	++	++	++
D	1	--	++	++	++	++	--	--	++
	2	++	++	--	++	++	--	++	++
	3	--	++	--	++	++	++	++	++
	4	--	T	--	--	--	++	++	++
	5	--	++	--	--	--	++	++	++
	6	--	++	--	++	++	++	++	++
	7	--	++	--	--	++	++	++	++
R	1	++	--	++	++	--	++	++	--
	2	--	--	++	--	--	++	--	--
	3	++	--	++	--	--	--	--	--
	4	++	--	++	++	++	--	--	--
	5	++	--	++	++	++	--	--	++
	6	++	--	++	--	--	--	--	--
	7	++	T	++	++	t t	--	--	--
ə/O		2D(2R) 5B(5A)		1D(1B)	1R(1B) 2D(2R) 3D(3R) 6D(6R)	1D(1R) 2D(2R) 3D(3R) 6D(6R)	1R(1D) 2R(2D)	1R(1D)	5R(5A)
T			T4DS- 7RL						
2n		42	42	42	42	44	42	42	42

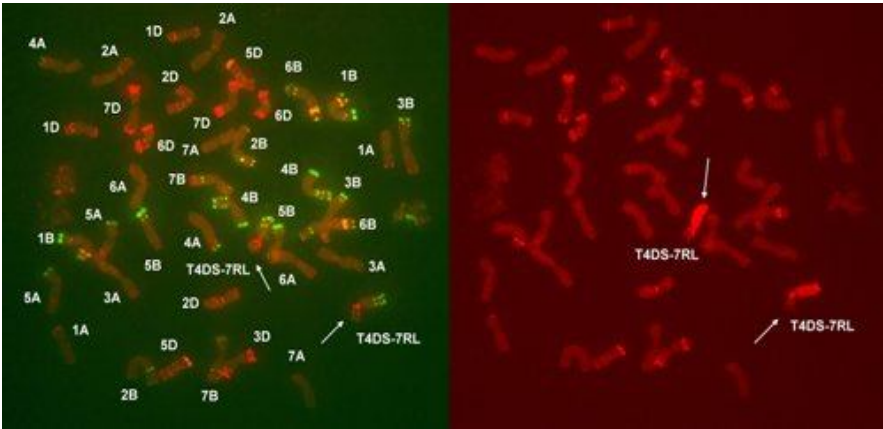
Burada: T – translokasiyanı, t – telosentrik xromosomu, ə/O - əvəzlənməni ifadə edir.

əvəzləndiyi müəyyənləşdirilmişdir. Belə ki, birinci xətdə buğdanın 5A xromosomu çovdarın 5R [5R(5A)], ikinci və üçüncüdə buğdanın 1D xromosomu çovdarın 1R [1R(1D)], dördüncüdə isə buğdanın iki cüt (1D və 2D) xromosomu çovdarın müvafiq 1R və 2R xromosomları ilə əvəz olunmuşdur [1R(1D) və 2R(2D)].

Yuxarıda haqqında bəhs etdiyimiz 386/1K, 384/1K, 384/2K və 383/1YK xətlərinin genom tərkibinə gəlincə, 386/1K xəttinin 12 ədəd A (1A-4A, 6A-7A), 14 ədəd B (1B-7B), 14 ədəd D (1D-7D) və 2 ədəd R (5R), 384/1K və 384/2K xətlərinin hər birinin 14 ədəd A (1A-7A), 14 ədəd B (1B-7B), 12 ədəd D (2D-7D) və 2 ədəd R (1R), 383/1YK xəttinin isə 14



Şəkil 1. 375YK xəttinə məxsus eyni metafaz lövhədə xromosomların FISH (solda) və GISH (sağda) vasitəsilə identifikasiyası zamanı bu xəttin nullisom(5A)-tetrasom(5B) olduğu müəyyən edilmişdir (5B xromosomları mavi oxla göstərilib). Eyni zamanda, 1B xromosomlarından birinin modifikasiyaya uğradığı aşkar edilmişdir (ağ oxla göstərilib).



Şəkil 2. 377YK xəttinə məxsus eyni metafaz lövhədə xromosomların FISH (solda) və GISH (sağda) vasitəsilə identifikasiyası zamanı bu xəttin T4DS-7RL translokasiyasına malik olduğu aşkar edilmişdir.

ədəd A (1A-7A), 14 ədəd B (1B-7B), 10 ədəd D (3D-7D) və 4 ədəd R (1R və 2R) genomu xromosomlarından ibarət olduğu aşkar edilmişdir.

Növbəti iki xəttin (378/3YK və 380YK) xromosom tərkibi daha böyük maraq doğurmuşdur. Belə ki, 378/3YK xəttinin genom tərkibinin 14 ədəd A (1A-7A), 12 ədəd B (2B-7B), 8 ədəd D (1D-3D, 6D) və 8 ədəd çovdar (1R, 4R, 5R, 7R) genomu xromosomlarından təşkil olunduğu aşkar edilmişdir. Diqqətlə nəzər saldıqda, bu xətdə çovdar və buğda xromosomları arasında 4 cinsarası əvəzlənmənin baş verdiyini görmək olar: 1R(1B), 2D(2R), 3D(3R) və 6D(6R). Göründüyü kimi, əvəzlənmələrdən biri çovdar xromosomu ilə buğdanın B genomu xromosomu, qalanları isə çovdar xromosomları ilə buğdanın D genomu xromosomları arasında baş vermişdir. Qeyd etmək lazımdır ki, 378/3YK xətti digərlərindən həm də sünbüllərinin şaxəli olması ilə fərqlənmişdir.

380YK xətti A (1A-7A) və B (1B-7B) genomu xromosomlarının tam heyəti, eləcə də 10 ədəd D (1D-3D, 6D-7D) və 6 ədəd R (4R-5R, 7Rt) genomu xromosomları ilə təmsil olunmuşdur ki, ən sonuncu cüt telosentrik xromosomlardır. Bu xətdə R və D genomu xromosomları arasında baş vermiş 4 cinsarası əvəzlənməni aşağıdakı qaydada sıralamaq olar: 1D(1R), 2D(2R), 3D(3R) və 6D(6R). Qeyd edək ki, bu xəttin xromosom dəsti, digərlərindən fərqli olaraq, $2n=42+2$ olmuşdur ki, bu da həmin xəttin, həm də 7R xromosomuna görə ditelosom əlavə olunmuş xətt olduğunu nümayiş etdirmişdir.

378/1YK xəttində buğdanın A (1A-7A) və çovdarın R (1R-7R) genomu xromosomlarının tam heyətlə təmsil olunduqları, bundan əlavə 12 ədəd B (2B-7B) və iki ədəd D (1D) genomu xromosomunun varlığı müşahidə edilmişdir. Bu xətdə çatışmayan iki ədəd 1B xromosomu 1D xromosomu ilə disom əvəz olunmuşdur [1D(1B)]. Bu əvəzlənmənin əvvəlkilərdən fərqi ondadır ki, burada əvəzlənmə çovdar və buğda genomu xromosomları arasında deyil, yalnız buğda genomu (B və D) xromosomları arasında baş vermişdir.

377YK xəttində buğdanın A, B və D genomu xromosomlarının tam tərkibdə iştirak etdikləri və buğdanın bir cüt 4DS xromosomu ilə çovdarın bir cüt 7RL xromosomu arasında translokasiyanın (T4DS-7RL) baş verdiyi qeydə alınmışdır (**Şəkil 2**).

Beləliklə, ayrı-ayrı xromosomların təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin ekspressiyasına təsirinin öyrənilməsində və eləcə də həmin əlamətlərə cavabdeh olan genlərin yerinin təyininə və xəritələnməsinə E. Sirsin

Chinese Spring sortundan istifadə etməklə aldığı aneuploid və əvəzolunmuş xətlərdən geniş istifadə olunduğunu və hazırda əsas diqqətin arzuolunan əlamətləri daşıyan ayrı-ayrı xromosom və ya xromosom sahələrini qohum cins və növlərdən yumşaq buğdaya tez bir zamanda və məqsədyönlü ötürməyin effektiv metodlarının işlənib hazırlanmasına yönəldiyini nəzərə alsaq, genom tərkibi tədqiq olunan karlıq və yarımkarlıq xətlər arasında əvəz- və əlavəolunmuş, eləcə də translokant xətlərin aşkar edilməsinin genetik və seleksiya baxımından nə qədər mühüm əhəmiyyət kəsb etdiyini təsəvvür etmək çətin olmaz. Məsələn, 1R(1D), 5R(5A) və 1D(1B) əvəzlənmələrinə malik 384/2K, 386/1K və 378/1YK xətlərinin əsas məhsuldarlıq elementlərinə görə yüksək göstəricilər nümayiş etdirməsi, həmin əvəzlənmələrdən gələcəkdə genetik-seleksion işlərdə sitogenetik marker kimi istifadənin mümkünlüyünü göstərmişdir.

2. Şaxəli buğda xətlərinin yaradılması və yeni tipli şaxəliliyin genetik xarakterinin tədqiqi

İlk dəfə olaraq yeni tipli şaxəlilik genlərinin mənbəyi kimi istifadə etdiyimiz 171ACS (AABBDD, $2n=6x=42$) xətti də NAD (AABBDRR, $2n=6x=42$) ilə yumşaq buğdanın (*T. aestivum* L.) Chinese Spring sortu arasındakı hibridlərin yuxarı nəslə arasından seçilmişdir. Morfoloji görünüşcə o, yumşaq buğda ilə spelta arasında aralıq mövqə tutur və asandöyüləndir. 171ACS xətti ilk dəfə bərk buğdanın (*T. durum* Desf.) Bərəkətli-95 sortu ilə hibridləşməyə cəlb edilərkən, ikinci nəsilə gözlənilmədən tamamilə yeni tipli şaxəlilik əlamətinə malik forma meydana çıxmışdır ki, bu da böyük marağa səbəb olmuşdur. Elmi mənbələrdə belə tip şaxələnmə haqda heç bir məlumat yoxdur.

Xatırladaq ki, hazırda, sünbül şaxələnməsinin iki tipi məlumdur: 1) turgidoid tipli şaxələnmə (*T. turgidum* L. növünə xasdır) və 2) vaviloid tipli şaxələnmə (*T. vavilovii* Jakubz. və *T. jakubzineri* Udacz. et Schachm. növlərinə xasdır). Turgidoid tipli şaxələnmədə əlavə sünbüclüklər bilavasitə sünbül oxu üzərində pərakəndə şəkildə əmələ gəlmiş halda, vaviloid tiplidə əlavə sünbüclüklər uzanmış sünbüclük oxları üzərində yaranır. Bundan başqa, turgidoid tiplidə sünbülün yalnız aşağı $\frac{1}{2}$ hissəsi, vaviloid tiplidə isə tam sünbül şaxələnməyə məruz qalır. Yeni tipli şaxəliliyin qeyri-adiliyi ondadır ki, istisnasız olaraq, sünbülün hər bir sünbüclük oxu 3,5-5,0 sm-ədək uzanaraq, adəti üzrə yuxarıya deyil, yanlara

doğru yönəldiyindən, sünbül öz formasına görə miniatur (dekorativ) küknar ağacını xatırladır (**Şəkil 3**).

Yeni tipli şaxəli formanın spontan mutasiyanın nəticəsi olub-olmadığını aydınlaşdırmaq məqsədilə 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasında yenidən hibridləşmə aparılmış və bu dəfə həm resiprok və həm də bekkross çarpazlaşmalardan istifadə edilmişdir. Hər iki resiprok kombinasiyanın F_1 hibridləri homomorf olmuş və birinci nəsildə 171ACS xəttinin tam dominantlıq təşkil etdiyi aşkar edilmişdir. Hər bir kombinasiyanın 3 dəfə təkrarından alınmış F_1 hibridlər ayrı-ayrılıqda əkilmiş və ikinci nəsil bitkilər üzərində sünbül morfolojiyasına görə genetik



Şəkil 3. Yeni tipli şaxəlilik əlamətinə malik 166-şaxəli xətti (\times *Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov sp. nova.).

analiz işləri aparılmışdır (**Cədvəl 3**). Cədvəldən göründüyü kimi, ikinci nəsildə həm (171ACS \times Bərəkətli-95), həm də (Bərəkətli-95 \times 171ACS) kombinasiyalarına məxsus hibrid populyasiyalarda, ilk dəfə olduğu kimi, yeni tipli şaxəli bitkilərin meydana çıxdığı müəyyən edilmişdir ki, bu da düzünə və tərsinə kombinasiyalar arasında şaxəlilik əlamətinə görə resiprok effektin olmadığını nümayiş etdirməklə bərabər, həmin əlamətin spontan mutasiya deyil, məhz rekombinasiya sayəsində əmələ gəldiyini sübut etmişdir. Digər tərəfdən, 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_2 hibridlərdə sünbül morfolojiyasına görə faktiki parçalanmanın nəzəri cəhətdən gözlənilən rəqəmlərə uyğunluq dərəcəsinin etibarlılığının (χ^2) da kifayət qədər yüksək olduğu müəyyən edilmişdir. Birinci nəsildə meydana çıxan (171ACS \times Bərəkətli-95) kombinasiyasına məxsus 54 bitkidən ikinci nəsildə 983 normal- və 362 şaxəlisünbüllü, (Bərəkətli-95 \times 171ACS) kombinasiyasına məxsus 18 bitkidən isə 958 normal- və 313 şaxəlisünbüllü bitki alınmış, yəni normalsünbüllü bitkilər populyasiyanın

Cədvəl 3.

171ACS xətti ilə Bərkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_1 - F_3 və bekkross BC_1F_1 - BC_1F_3 hibrid populyasiyalarında yeni tipli şəxəlilik əlamətinə görə hibridoloji analizin nəticələri

Hibrid kombinasiyalar	F_1 və BC_1F_1		Faktiki parçalanma	Nəzəri parçalanma	χ^2	F_2 və BC_1F_2		Faktiki parçalanma	Nəzəri parçalanma	χ^2	F_3 və BC_1F_3		Faktiki parçalanma	Nəzəri parçalanma	χ^2
	N	Ş				N	Ş				N	Ş			
171ACS × B-95	24					223	64	3:1		1,1300	128	68	5:3		0,6584
	22					394	180	3:1		12,38*	393	225	5:3		0,3191
	8					366	118	3:1		0,0990	178	111	5:3		0,0997
	54					983	362	3:1		2,6396	699	404	5:3		0,3564
B-95 × 171ACS	6					442	153	3:1		0,1580	361	237	5:3		1,1690
	4					122	37	3:1		0,2626	132	75	5:3		0,1393
	8					394	123	3:1		0,3966	271	136	5:3		2,8888
	18					958	313	3:1		0,0965	764	448	5:3		0,1486
(171 × B-95) × B-95	24	3				109	15	7:1		0,0184	105	57	5:3		0,3801
	13					79	11	7:1		0,0040	57	36	5:3		0,0554
	32	2				96	14	7:1		0,0032	58	45	5:3		1,6971
	66	5	7:1	normal	1,9538	284	40	7:1	7:1	0,0069	220	138	5:3	13:3	0,2102
(171 × B-95) × 171	18	3				30	19	5:3		0,0312	26	40	5:11		1,0577
	10	2				53	22	5:3		2,1174	15	36	5:11		0,0739
	12					19	13	5:3		0,1333	22	51	5:11		0,0407
	40	5	7:1	1:1	0,0733	101	59	5:3	3:5	0,0266	63	127	5:11	5:11	0,3173
(B-95 × 171) × 171	14	2				38	13	5:3		3,1145	23	32	5:11		2,8457
	15					43	14	5:3		4,10*	17	36	5:11		0,0139
	27	2				36	30	5:3		1,7466	19	33	5:11		0,7028
	56	4	7:1	1:1	1,8666	117	57	5:3	3:5	1,6492	59	101	5:11	5:11	2,3563
(B-95 × 171) × B-95	16	2				78	13	7:1		0,2566	164	92	5:3		0,2666
	11	4				127	18	7:1		0,0005	179	83	5:3		3,7632
	18	1				98	11	7:1		0,5678	215	141	5:3		0,6741
	45	7	7:1	normal	0,0438	303	42	7:1	7:1	0,0320	558	316	5:3	13:3	0,6796

$\frac{3}{4}$, şaxəlisünbüllü bitkilər $\frac{1}{4}$ -ini təşkil etmişlər. Bu isə parçalanmanın ikinci nəsildə 3:1 nisbətində baş verdiyini nümayiş etdirmişdir.

Üçüncü nəsildə (171ACS × Bərəkətli-95) kombinasiyasına məxsus populyasiyalarda normal- və şaxəlisünbüllü bitkilərin sayı, müvafiq olaraq, 699 və 404, (Bərəkətli-95 × 171ACS) kombinasiyasına məxsus populyasiyalarda isə 764 və 448 ədəd təşkil etmişdir ki, bu da üçüncü nəsildə parçalanmanın, monogen sxemə uyğun olaraq, 5:3 nisbətində baş verdiyini nümayiş etdirmişdir.

Lakin maraqlıdır ki, hər iki resiprok kombinasiyanın F_1 hibridlərinin hər iki valideyn forma ilə bekkrosslaşmasından alınan istər $P_1BC_1F_1$, istərsə də $P_2BC_1F_1$ hibridlərdə sünbül morfolojiyasına görə parçalanma monogen sxemə uyğun şəkildə baş verməmişdir. Belə ki, monogen parçalanma modelinə görə, BC_1F_1 hibridlərin Bərəkətli-95 sortu ilə bekkrosslaşmasından alınan hibridlərin hamısı normalsünbüllü, 171ACS xətti ilə bekkrosslaşmadan alınan BC_1F_1 hibridlərin isə yarısı normal- və yarısı şaxəlisünbüllü olmalı, yəni parçalanma 1:1 nisbətində baş verməli idi. **Cədvəl 3**-dən isə görüldüyü kimi, BC_1F_1 hibrid populyasiyalarda bekkrosslaşmanın istiqamətindən asılı olmayaraq, normal- və şaxəlisünbüllü formaların sayı, müvafiq olaraq, 66 və 5 [(171ACS × Bərəkətli-95) × Bərəkətli-95], 40 və 5 [(171ACS × Bərəkətli-95) × 171ACS], 56 və 4 [(Bərəkətli-95 × 171ACS) × 171ACS], 45 və 7 [(Bərəkətli-95 × 171ACS) × Bərəkətli-95] ədəd təşkil etmişdir ki, bu da parçalanmanın 7:1 nisbətində baş verdiyini, yəni yeni tipli şaxəlilik əlamətinə sanki iki genin nəzarət etdiyini göstərmişdir.

Qeyd edək ki, Bərəkətli-95 sortu ilə bekkrosslaşdırılan BC_1F_1 hibridlərdən alınmış BC_1F_2 hibridlərdə parçalanma nisbəti yenə də 7:1 olaraq qalmışdır ki, bu da əlamətin yenidən sanki monogen sxem üzrə ötürüldüyünü göstərmişdir. Lakin 171ACS ilə bekkrosslaşdırılan BC_1F_1 hibridlərdən alınmış BC_1F_2 hibridlərdə normal və şaxəli bitkilərə görə parçalanma, nəzəri cəhətdən gözlənilməli kimi, 3:5 nisbətində deyil, faktiki olaraq, 5:3 nisbətində baş vermişdir ki, bu da Mendel qanunlarına ziddir.

Üçüncü nəsildə isə, Bərəkətli-95 sortu ilə bekkrosslaşdırılan BC_1F_2 hibridlərdən alınmış BC_1F_3 hibridlərdə, normal və şaxəli bitkilərin nəzəri cəhətdən gözlənilən 13:3 nisbəti əvəzinə, yenə də Mendel qanununa sığmayan 5:3 nisbəti müşahidə olunduğu halda, 171ACS ilə bekkrosslaşdırılan BC_1F_2 hibridlərdən alınmış BC_1F_3 hibridlərdə parçalanmanın, nəzəri cəhətdən gözlənilməli kimi, 5:11 nisbətində baş

verdiyi, yəni yeni tipli şaxəlilik əlamətinin monogen model üzrə ötürülməsinin sanki yenidən bərpa olunduğu müəyyən edilmişdir.

3. Yeni tipli şaxəliliyə malik formaların sitogenetik analizi

Məlumdur ki, hər hansı bir yeni əlamətin meydana gəlməsi xromosom və genlərdə baş verən bir sıra dəyişkənliklərlə əlaqədardır. Həmin dəyişkənliklərə xromosom sayının artıb-azalması, müxtəlif xromosom aberrasiyaları (inversiya, delesiya, defisiensiya, duplikasiya, translokasiya) və s. aiddir. Biz yeni tipli şaxəlilik əlamətinin xromosom sayı və konfiqurasiyası ilə bağlı dəyişkənliklərdən asılı olub-olmadığını aşkara çıxarmaq məqsədilə, 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_1 hibridləri həm də sitogenetik cəhətdən tədqiq etmişik (**Cədvəl 4**).

Meyoz, gözlənilmədiyi kimi, bəzi meyotik pozuntularla – xromosomların qütblərə qeyri-bərabər paylanması və asinxron bölünmə ilə müşayiət olunmuş, anafaza 2 və telofaza 2-də, eləcə də tetrada mərhələsində çoxlu miqdarda mikronüvəciklər qeydə alınmışdır. Tədqiq olunan F_1 hibrid bitkilərin hamısının pentaploid olduğu müəyyən edilmiş və onlarda xromosom dəsti, nəzəri cəhətdən gözlənilmədiyi kimi, $2n=5x=35$ olmuşdur. Qapalı bivalentlər hər bir ATH üçün, təqribən 12-13, açıq bivalentlər – 1-2, univalentlər – 6-10 ədəd təşkil etmişdir. Hər iki kombinasiyanın F_1 hibridlərində cüzi sayda tri- və kvadrivalentlər müşahidə edilmişdir. XƏT F_1 hibridlərdə 24-28 ədəd arasında variasiya etmişdir.

Cədvəl 4.

171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_1 hibridlərdə meyoz prosesinin tədqiqi

ATH	Qapalı bivalentlər	Açıq bivalentlər	Uni-valentlər	Tri-valentlər	Kvadrivalentlər	XƏT	2n
171ACS × Bərəkətli-95							
251	12,26±0,39	1,50±0,36	7,49±0,45	-	-	26,01±0,46	35
128	11,80±0,29	0,78±0,19	9,84±0,40	-	-	24,38±0,46	35
205	11,54±0,41	2,03±0,23	6,79±0,34	0,15±0,12	0,16±0,11	26,03±0,42	35
Bərəkətli-95 × 171ACS							
158	13,08±0,38	1,20±0,56	6,44±0,28	-	-	27,35±0,48	35
177	13,09±0,15	1,39±0,18	6,04±0,18	-	-	27,57±0,18	35
203	12,24±0,43	1,29±0,31	7,24±0,61	0,08±0,09	0,11±0,11	26,39±0,69	35

İkinci nəşildə normalsünbüllü formalarla yanaşı, yeni tipli şaxəli bitkilər də meydana gəlmişdir ki, bu da həmin kombinasiyaya olan marağın daha da artmasına səbəb olmuşdur. İlk növbədə, bu əlamətin xromosom sayından və aberrasiyalarından asılı olub-olmadığını aydınlaşdırmaq lazım idi və məhz bu səbəbdən də biz F_2 hibrid populyasiyası içərisindən fiksə edilmiş sünbüllərdə də meyoz prosesini tədqiq etməyi qərara aldığımız (**Cədvəl 5**). Bunun üçün düzünə ($171ACS \times$ Bərəkətli-95) kombinasiyaya məxsus 7, tərsinə ($Bərəkətli-95 \times 171ACS$) kombinasiyaya məxsus 12 ədəd F_2 bitki meyotik analizə məruz qoyulmuşdur. Cədvəldən göründüyü kimi, birinci kombinasiyanın F_2 hibridlərində xromosom sayı 28-31, ikincidə - 28-35 ədəd arasında variasiyalaşmışdır. Qapalı və açıq bivalentlərin sayı birinci kombinasiyaya məxsus hibridlərdə, hər bir ATH üçün, müvafiq olaraq, 10-14 və 0,4-3,0 ədəd arasında dəyişmişdir. Həmin göstəricilər ikinci kombinasiya üçün, müvafiq olaraq, 12-14 və 0-1,5 ədəd təşkil etmişdir. Univalentlərin sayı hər iki kombinasiya üçün, müvafiq olaraq, 0-4 və 0-7 ədəd arasında tərəddüd etmişdir. Onların heç birində, nə qədər qərribə olsa da, multivalent assosiasiyalara rast gəlinməmişdir. F_2 hibridlərdə XƏT 22,24-31,42 ədəd arasında dəyişmişdir. Ən başlıcası, qeyd etmək lazımdır ki, dəyişkən xromosom sayı həm normal, həm də şaxəli bitkilərdə qeydə alınmışdır. Meyotik pozuntulara gəlincə, bunlara daha çox aneuploid xromosom sayına malik bitkilərdə rast gəlinmişdir.

Eyni zamanda, 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_1 bitkilərin hər iki valideynlə bekkrosslaşmasından alınmış BC_1F_1 hibridlərdə meyoz prosesi tədqiq edilmişdir (**Cədvəl 6**). Bərəkətli-95 sortu ilə olan BC_1F_1 hibridlərinin hamısında, 29 xromosomlu bir bitki istisna olmaqla, xromosom sayı $2n=4x=28$, 171ACS xətti ilə olan BC_1F_1 hibridlərinin beşində $2n=5x=35$, birində $2n=36$ və sonuncuda $2n=6x=42$ olmuşdur. Başqa sözlə desək, həmin bekkross hibridlərdə xromosom sayı bilavasitə bekkrossun istiqamətindən, yəni bekkrosslaşmanın 28 (Bərəkətli-95) və ya 42 (171ACS) xromosomlu valideyn forma ilə aparılmasından asılı olmuşdur. Qapalı və açıq bivalentlərin, eləcə də xiazmların sayına görə hər iki qrup bekkross hibridlər arasında əhəmiyyətli fərq nəzərə çarpmasa da, univalentlərin sayına görə onlar kəskin surətdə fərqlənmişlər. Belə ki, univalentlərin sayı Bərəkətli-95 sortu ilə bekkrosslaşdırılanlarda 0-1, 171ACS ilə bekkross olunanlarda isə 5-8 ədəd arasında variasiya etmişdir. Bu isə sonuncularda xromosom sayının, biricilərdə olduğundan bir qədər (təxminən 7-8 ədəd) artıq olması ilə izah edilə bilər. Bir bitki istisna olmaqla, bekkross hibridlərin heç birində multivalentlər qeydə

Cədvəl 5.

171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_2 hibridlərdə meyoza prosesinin tədqiqi

Hibridlər	ATH	Qapalı bivalentlər	Açıq bivalentlər	Uni-valentlər	XƏT	2n
171ACS × Bərəkətli-95						
221	129	13,66±0,20	0,36±0,15	1,97±0,25	27,67±0,30	30
223	110	13,38±0,32	0,99±0,25	1,26±0,22	27,75±0,41	30
289 fik 1	138	12,24±0,29	1,52±0,23	2,48±0,20	26,00±0,37	30
fik 2	174	12,66±0,54	1,49±0,40	2,70±0,45	26,81±0,65	31
313	113	13,60±0,17	0,95±0,13	-	27,05±0,14	28
325 fik 1	106	12,99±0,17	0,89±0,14	0,24±0,18	26,87±0,23	28
fik 2	135	9,62±0,06	3,00±0,00	3,76±0,12	22,24±0,12	29
Bərəkətli-95 × 171ACS						
226	121	12,69±0,22	0,98±0,24	1,66±0,21	26,36±0,24	29
227	99	13,57±0,07	0,43±0,07	1,00±0,00	27,57±0,07	29
229	101	12,48±0,07	1,52±0,07	7,00±0,00	26,48±0,07	35
330 fik 1	89	14,00	-	-	28,00	28
fik 2	113	13,57±0,17	1,05±0,14	1,00±0,00	26,95±0,14	29
fik 3	120	13,52±0,07	0,48±0,07	1,00±0,00	31,42±0,32	29
331 fik 1	122	13,63±0,16	0,96±0,13	-	27,04±0,13	28
fik 2	160	12,24±0,36	1,29±0,33	0,94±0,32	25,78±0,46	28
fik 3	115	13,04±0,16	1,43±0,22	5,06±0,34	27,51±0,26	34
fik 4	108	13,77±0,19	0,60±0,15	-	27,40±0,15	28
334	101	13,67±0,19	0,86±0,14	1,00±0,00	27,14±0,14	29
341	128	13,02±0,15	0,67±0,15	0,61±0,20	26,72±0,21	28

alınmamışdır. Meiotik pozuntulara daha çox 171ACS xətti ilə bekkrosslaşdırılan hibridlərdə təsadüf edilmişdir ki, bunu da 171ACS xəttinin özünün mürəkkəb hibrid mənşəli olması ilə izah etmək olar.

171ACS xətti və Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok F_1 və F_2 , eləcə də BC_1F_1 hibrid populyasiyalarında maraqlı doğuran mühüm cəhət kimi, ikinci nəsiləndən etibarən, xromosom sayının tetraploid istiqamətdə qərarlaşmağa meyilli olmasını göstərmək olar ki, bunun da yeganə səbəbini D genomu xromosomlarının öz homoloqlarını tapa bilmədikləri üçün konyuqasiyaya qoşula bilməmələri və eliminasiyaya uğramaları ilə izah etmək olar. Diqqəti cəlb edən digər mühüm hadisə aneuploid bitkilərə istər normal-, istərsə də şaxəlisümbüllü F_2 hibrid populyasiyaları arasında təsadüf edilməsidir. Məsələn, istər normal-, istərsə də şaxəlisümbüllü bitkilər arasında 28, 29 və 30 xromosomlu formalar qeydə alınmışdır (**Cədvəl 6**).

Cədvəl 6.

171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok hibridlərin hər iki valideyn forma ilə bəkkrosslaşdırılmasından alınan BC₁F₁ hibridlərdə meyoz prosesinin tədqiqi

ATH	Qapalı bivalentlər	Açıq bivalentlər	Uni-valentlər	tri-valentlər	XƏT	2n
	(171ACS × Bərəkətli-95) × Bərəkətli-95					
97	13,61±0,07	0,39±0,07	-	-	27,61±0,07	28
118	13,64±0,07	0,36±0,07	-	-	27,64±0,07	28
155	12,99±0,14	0,82±0,12	1,37±0,14	-	26,81±0,19	29
139	12,84±0,14	0,81±0,14	0,71±0,19	-	26,49±0,19	28
	(171ACS × Bərəkətli-95) × 171ACS					
123	12,84±0,17	0,71±0,16	7,91±0,22	-	26,38±0,24	35
182	13,21±0,29	0,75±0,18	6,48±0,30	0,20±0,10	27,42±0,50	35
185	13,18±0,20	1,40±0,46	5,83±0,19	-	27,77±0,24	42
	(Bərəkətli-95 × 171ACS) × 171ACS					
154	13,94±0,14	0,69±0,14	6,75±0,18	-	28,56±0,19	36
127	13,61±0,09	0,94±0,13	5,91±0,18	-	28,15±0,13	35
222	13,70±0,21	1,33±0,17	4,89±0,40	-	28,45±0,37	35
195	12,62±0,17	1,29±0,17	7,20±0,24	-	26,52±0,24	35
	(Bərəkətli-95 × 171ACS) × Bərəkətli-95					
169	13,05±0,11	0,95±0,11	-	-	27,05±0,11	28
117	14,00±0,00	-	-	-	28,00±0,00	28
154	13,18±0,12	0,82±0,12	-	-	27,18±0,12	28

Odur ki, biz belə hesab edirik ki, tədqiq etdiyimiz yeni tipli şaxəlilik əlaməti gen dozasından, yəni xromosom sayında baş verən hər hansı bir nəzərə çarpacaq dəyişiklikdən asılı deyildir. Eyni zamanda, tədqiq etdiyimiz hibrid populyasiyalarda meyoz prosesində inversiya, delesiya, translokasiya və s. kimi xromosom yenidənqurmalarına təsadüf edilməməsi də bu yeni əlaməti hazırkı halda hər hansı bir əsaslı konfigurativ dəyişkənlik ilə izah etməyə tutarlı əsas vermir.

Digər tərəfdən, 171ACS xəttinin, eləcə də onunla Bərəkətli-95 sortu arasındakı normal- və şaxəlisünbüllü hibrid formaların GISH metodu ilə analizi zamanı onlarda nə çovdar xromosomunun, nə də hər hansı bir buğda-çovdar translokasiyasının varlığının təsbit edilməməsi yeni tipli şaxəlilik geninin buğdaya aid olub, çovdar genomu ilə heç bir əlaqəsinin olmadığını əyani surətdə göstərmişdir.

3. Buğdanın D genomunun yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsiri

Yeni tipli şaxəlilik əlamətinin irsiliyini daha müfəssəl öyrənmək məqsədilə 171ACS xətti ilə tetra- və heksaploid buğda növ və amfidiploidləri arasında hibridləşmə işləri aparılmışdır. Alınan F₁ hibridlərin əksəriyyəti morfoloji cəhətdən valideyn formalar arasında aralıq mövqə tutmuş, bəziləri isə daha çox valideynlərdən birinə doğru meyillənmişdir.

171ACS xətti ilə AABB genomlu (yəni D genomu daşımayan) bütün tetraploid buğda növləri arasındakı hibrid populyasiyaların ikinci və üçüncü nəsillərində də normalsünbüllü bitkilərlə yanaşı, şaxəlisünbüllü formaların meydana çıxdığı müşahidə edilmişdir. Həmin hibrid populyasiyalarda yeni tipli şaxəlilik əlamətinə görə parçalanmanın xarakterinə (**Cədvəl 7**) gəlincə, tədqiqatlar sayəsində həmin xəttin bütün tetraploid buğda növlərində yeni tipli şaxəlilik əlamətinin mənbəyi olduğu, həmçinin, yeni tipli şaxəlilik əlamətinə görə parçalanmanın həmin hibridlərin ikinci nəsində 3:1, üçüncü nəsində 5:3 nisbətində baş verdiyi, yəni bu əlamətin bütün tetraploid buğda növlərinə bir resessiv genlə ötürüldüyü aşkar edilmişdir.

Lakin 171ACS xətti ilə D genomuna malik tetraploid amfidiploid (AADD), eləcə də heksaploid amfidiploid (AADDSS) və buğda növləri (AABBDD) arasındakı F₂ və F₃ hibrid populyasiyalarında şaxəlisünbüllü formalara təsadüf edilməməsi, bizdə, buğdanın D genomunun yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsiri haqda fikrin formalaşmasına səbəb olmuşdur.

Cədvəl 7-dən göründüyü kimi, bu baxımdan yalnız 171ACS xətti ilə *T. vavilovii* Jakubz. və *T. petropavlovskiyi* Udacz. et Migusch. arasındakı hibrid populyasiyalar istisna təşkil etmişdir. Belə ki, həmin hibrid populyasiyalarda, hər iki növün D genomu daşmasına rəğmən, normalsünbüllü bitkilərlə yanaşı, şaxəlisünbüllü formalar da meydana çıxmışdır. İlk baxışdan elə görünə bilər ki, bu hadisə D genomunun yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsirini sanki təkzib edir. Lakin, əslində, bu belə deyil. Hər şeydən öncə, nəzərə almaq lazımdır ki, *T. vavilovii* növünün özü şaxəlidir.

T. petropavlovskiyi –yə gəlincə, qeyd etmək ki, bu növün D genomuna malik və normalsünbüllü olmasına baxmayaraq, 171ACS xətti ilə olan resiprok hibrid populyasiyalarının ikinci və üçüncü nəsillərində formaəmələgəlmə prosesi nəticəsində şaxəlisünbüllü formaların meydana

Cədvəl 7.

171ACS xətti ilə tetra- və heksaploid buğda növ və amfidiploidləri arasındakı ikinci və üçüncü nəsil hibrid populyasiyalarda yeni tipli şaxəlilik əlamətinə görə parçalanma

Hibrid kombinasiyalar	F ₂		nis- bət	χ^2	F ₃		nis- bət	χ^2
	N	Ş			N	Ş		
AABB (2n=4x=28) genomlu tetraploid buğda növləri ilə								
171ACS × <i>T. dicoccoides</i>	4	1	3:1	0,0438	39	15	5:3	2,1386
<i>T. dicoccum</i> × 171ACS	76	19	3:1	1,2915	20	9	5:3	0,5305
171ACS × <i>T. palaeocolchicum</i>	89	26	3:1	2,9944	42	23	5:3	0,1285
<i>T. palaeocolchicum</i> × 171ACS	71	21	3:1	0,2318	73	54	5:3	1,3763
171ACS × <i>T. ispahanicum</i>	67	32	3:1	2,7889	40	29	5:3	0,5939
171ACS × <i>T. turanicum</i>	11	4	3:1	0,0140	13	11	5:3	0,7110
<i>T. turanicum</i> × 171ACS	97	43	3:1	2,4380	92	65	5:3	1,0110
171ACS × <i>T. polonicum</i>	51	25	3:1	2,5262	31	13	5:3	1,1878
171ACS × <i>T. turgidum</i>	14 8	51	3:1	0,0385	54	38	5:3	0,5680
<i>T. turgidum</i> × 171ACS	11 9	46	3:1	0,7453	85	63	5:3	1,6216
171ACS × <i>T. carthlicum</i>	71	30	3:1	1,2181	19	9	5:3	0,3427
<i>T. aethiopicum</i> × 171ACS	79	35	3:1	1,9765	78	53	5:3	0,4954
AAGG (2n=4x=28) genomlu buğda növü ilə								
171ACS × <i>T. araraticum</i>	7	2	3:1	0,5219	28	21	5:3	0,5873
AADD (2n=4x=28) genomlu tetraploid amfidiploid ilə								
171ACS × AD	1	-			46	-		
AD × 171ACS	22	-			101	-		
AABDD (2n=6x=42) genomlu heksaploid buğda növləri ilə								
171ACS × <i>T. macha</i>	5	-			49	-		
171ACS × <i>T. spelta</i>	2	-			24	-		
<i>T. compactum</i> × 171ACS	31	-			48	-		
171ACS × <i>T. sphaerococcum</i>	39	-			100	-		
171ACS × <i>T. vavilovii</i>	71	26	3:1	0,1783	37	21	5:3	0,0469
<i>T. vavilovii</i> × 171ACS	15 4	63	3:1	1,9043	17	16	5:3	1,6742
171ACS × <i>T. petropavlovskiyi</i>	34	1	15:1	0,6984	56	21	3:1	0,2247
<i>T. petropavlovskiyi</i> × 171ACS	35	2	15:1	0,0416	64	22	3:1	0,0154
AAGDD (2n=6x=42) genomlu sintetik heksaploid buğda növü ilə								
171ACS × <i>T. kiharae</i>	4	-			30	-		
AADDSS (2n=6x=42) genomlu heksaploid amfidiploid ilə								
171ACS × ADS	16	-			11	-		
ADS × 171ACS	30	-			54	-		
AABRR (2n=6x=42) genomlu tritikale ilə								
ABR × 171ACS	8	3	3:1		40	8	7:1	
A^aA^aA^bA^bBBGG (2n=8x=56) genomlu sintetik oktoploid buğda növü ilə								
171ACS × <i>T. fungicidum</i>	15	2	3:1	0,5305	16	13	5:3	0,6481

* $P_{0.05}=3,84$; $df=1$

** N – normalsünbüllü, Ş – şaxəli

gəlməsini, bizim fikrimizcə, iki cür izah etmək olar: ya AABBDD genom formuluna malik həmin hibrid formalarda, *T. vavilovii* –də olduğu kimi, D genomu xromosomlarının yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına ingibirləşdirici təsirini aradan qaldıran hansısa genetik mexanizm mövcuddur, ya da D genomunun tam və ya qismən eliminasiyası baş vermişdir. Yalnız 171ACS xətti ilə *T. petropavlovskiyi* arasındakı resiprok hibridlərdə yeni tipli şaxəlilik əlamətinin ikinci nəsildə 15:1, üçüncü nəsildə isə 3:1 nisbətində parçalanma verməsi bir qədər çətinlik doğursa da, bizim zənnimizcə, bunu ikinci nəsildə, əsasən, hələ heksaploid, yəni tərkibində D genomu olan, üçüncü nəsildə isə artıq tetraploid, yəni D genomu olmayan formaların üstünlük təşkil etməsi ilə izah etmək olar. Belə ki, (171ACS × *T. petropavlovskiyi*) kombinasiyasına məxsus F₂ hibrid populyasiyasında 34 normalsünbüllü bitkiyə qarşı yalnız 1, (*T. petropavlovskiyi* × 171ACS) kombinasiyasına məxsus F₂ hibrid populyasiyasında isə 35 normalsünbüllü bitkiyə qarşı cəmi 2 şaxəlisünbüllü forma qeydə alınmışdır. Görünür, F₂ hibrid populyasiyasında bitkilərin əksəriyyətini D genomlu heksaploid formalar təşkil etdiyindən, parçalanma nisbəti D genomlu formaların xeyrinə 15:1 olmuşdur (yəni populyasiyanın 15/16 hissəsini D genomlu normalsünbüllü heksaploid (AABBDD), 1/16 hissəsini D genomu olmayan şaxəlisünbüllü tetraploid (AABB) formalar təşkil etmişdir. Hibrid populyasiyanın üçüncü nəsində isə, çox ehtimal ki, bitkilərin əksəriyyətində D genomu eliminasiyaya uğradığından, populyasiyada D genomu olmayan tetraploid formalar üstünlük təşkil etmiş və buna görə də üçüncü nəsildə parçalanma, 171ACS xətti ilə tetraploid buğda növləri arasındakı hibridlərin ikinci nəsində olduğu kimi, 3:1 nisbətində baş vermişdir.

Konkret olaraq, hansı D genomu xromosomlarının supressorluq fəaliyyəti göstərdiyini təyin etmək məqsədilə, Langdon bərk buğda sortunun A və B genomu xromosomlarının müvafiq D genomu xromosomları ilə disom əvəz olunmuş xətlər seriyasının köməyi ilə tetraploid 166-şaxəli xəttində yeni tipli şaxəlilik əlamətini idarə edən genin məhz 5A xromosomunda lokallaşdığına, habelə D genomu xromosomlarından 5D və 6D-nin həmin əlamətin ekspressiyasına supressor təsirinə dair mülahizə irəli sürülmüşdür.

5. 171ACS xəttinin iştirakı ilə alınan şaxəli formalarda yeni tipli şaxəlilik əlamətinə nəzarət edən genin mikrosatellit xəritələnməsi

Kənd təsərrüfatı əhəmiyyətli genlərin xəritələnməsində müxtəlif molekulyar markerlərdən geniş istifadə olunur.

Mikrosatellit markerlər *Triticum* L. cinsi üçün daha çox ümidvericidir. Bir çox polimorf mikrosatellit markerlər buğdanın genetik işçi xəritəsinə daxil edilmişdir. Hazırkı tədqiqat işinin məqsədi 171ACS xəttinə məxsus yeni tipli şaxəlilik əlamətini idarə edən genləri mikrosatellit markerlərdən istifadə etməklə xəritələndirmək olmuşdur.

İlk öncə biz yapon həmkarlarımızla birgə şaxəlilik əlamətinin tetraploid buğda növü *T. jakubzineri* Udachin et Shakhm. –də ($2n=4x=28$, AABB) *shr1*, *T. turgidum* L. –də ($2n=4x=28$, AABB) *shr2* genləri ilə idarə olunduğu və bu genlərin, müvafiq olaraq, 5AL və 2AL xromosomlarında yerləşdikləri haqda məlumat vermiş, həmçinin, *shr1* geninin əlavə sünbülcük pulcuqlarının formalaşmasına nəzarət edən *exg* (extra glume - əlavə sünbülcük pulcuğu) geni ilə sıx ilişikliyi aşkara çıxarmışdıq.

Az sonra, 171ACS xəttinin yeni tipli şaxəlilik əlamətinin mənbəyi olduğunu nəzərə alıb, həmin yeni əlaməti idarə edən geni (*shr*^{171ACS}) də mikrosatellit markerlərin köməyi ilə xəritələndirməyi qərara aldıq. Bunun üçün aşağıdakı sxem üzrə hibridləşmə işləri həyata keçirilmişdir:

- 1) 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasında (resiprok);
- 2) 171ACS xətti ilə bərk buğda LD222 arasında;
- 3) D genomunun yeni tipli şaxəliliyə inhibitor təsirindən qaçmaq üçün 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı F₂ hibrid populyasiyasından seçilmiş şaxəliünbüllü və əlavə sünbülcük puluqlarına malik #145 və #629 sayılı bitkilərlə bərk buğda LD222 arasında;
- 4) 171ACS xətti ilə *T. jakubzineri* növündə sünbül şaxəliliyini idarə edən genlərin (*shr*^{171ACS} və *shr1*) allel olub-olmadıklarını müəyyənləşdirməkdən ötrü #145 və #629 sayılı F₂ bitkilərlə *T. jakubzineri* (PI 585014) arasında.

Hibridoloji analiz və genom ekstraksiyası üçün yalnız F₂ hibrid populyasiyalarından istifadə edilmişdir.

Şəkil 4-də hibridləşmədə istifadə olunan 171ACS xətti, bərk buğdanın Bərəkətli-95 və LD222 sortları, *T. jakubzineri* növü (PI 585014), #145 və #629 sayılı şaxəli F₂ bitkilərə məxsus sünbüllər sərgilənmişdir.



Şəkil 4. 171ACS xəttinə, Bərəkətli-95 və LD222 bərk buğda sortlarına, (171ACS × Bərəkətli-95) kombinasiyasının ikinci nəslı arasından seçilmiş #145 və #629 sayılı şaxəli bitkilərə və *T. jakubzineri* növünə (PI 585014) məxsus sünbüllər (soldan sağa).

Cədvəl 8-də tədqiq olunan F_2 hibrid populyasiyalarında sünbülün şaxəliliyinə və əlavə sünbülçük pulcuqlarına görə parçalanmanın nəticələri verilmişdir. Cədvəldən görüldüyü kimi, 171ACS × Bərəkətli-95 kombinasiyasına məxsus F_2 hibridlərdən 103-ünün normal və əlavə pulcuqsuz, 23-ünün isə uzanmış sünbülçük oxu ilə yanaşı, həm də əlavə pulcuqlara malik olduqları qeydə alınmışdır ($\chi^2 = 3,058$; $df=1$). Bərəkətli-95 × 171ACS kombinasiyasına məxsus hibridlərin ikinci nəslində də 169 ədəd normal sünbülçük oxuna malik bitkidən heç birində əlavə sünbülçük pulcuğu müşahidə edilməmiş, sünbülçük oxu uzanmış 36 bitkidə isə yenə də əlavə sünbülçük pulcuqlarının varlığı qeydə alınmışdır ($\chi^2=6,050$). 171ACS × LD222 kombinasiyasına məxsus F_2 hibridlərdən 196-sı normal, 56-sı uzanmış sünbülçük oxuna malik olmuşdur. Əvvəlkilərdə olduğu kimi, əlavə sünbülçük pulcuqlarına yalnız sünbülçük oxu uzanmış 56 bitkidə təsadüf olunmuşdur ($\chi^2=0,924$; $df=1$). Beləliklə, 171ACS xətti ilə

Cədvəl 8.

Tədqiq olunan F₂ hibridlərdə sünbülün şaxələliyinə və əlavə sünbülcük pulcuqlarına görə parçalanmanın xarakteri

(1) Şaxəlilik

Hibrid kombinasiyalar	Sünbülcük oxu		Ümumi	χ^2 (3:1)
	normal	uzanmış		
171ACS × Bərəkətli-95	103	23	126	3,058
Bərəkətli-95 × 171ACS	169	36	205	6,050 *
171ACS × LD222	196	56	252	0,924
#145 × LD222	78	38	116	3,724
#629 × LD222	90	46	136	5,647 *
#145 × PI 585014	0	149	149	-
#629 × PI 585014	0	151	151	-

(2) Əlavə sünbülcük pulcuğu

Hibrid kombinasiyalar	Əlavə pulcuqlar		Ümumi	χ^2 (3:1)
	yoxdur	var		
171ACS × Bərəkətli-95	103	23	126	3,058
Bərəkətli-95 × 171ACS	169	36	205	6,050*
171ACS × LD222	196	56	252	0,924
#145 × LD222	78	38	116	3,724
#629 × LD222	90	46	136	5,647*
#145 × PI 585014	0	149	149	-
#629 × PI 585014	0	151	151	-

$P_{0.05}=3,84$; $df=1$

bərk buğdalar arasındakı hər üç F₂ hibrid populyasiyasında istər şaxələliyə və istərsə də əlavə sünbülcük pulcuqlarına görə parçalanmanın 3:1 nisbətində baş verdiyi, yəni yeni tipli şaxələliyin bir resessiv genlə idarə olunduğu müəyyən edilmişdir.

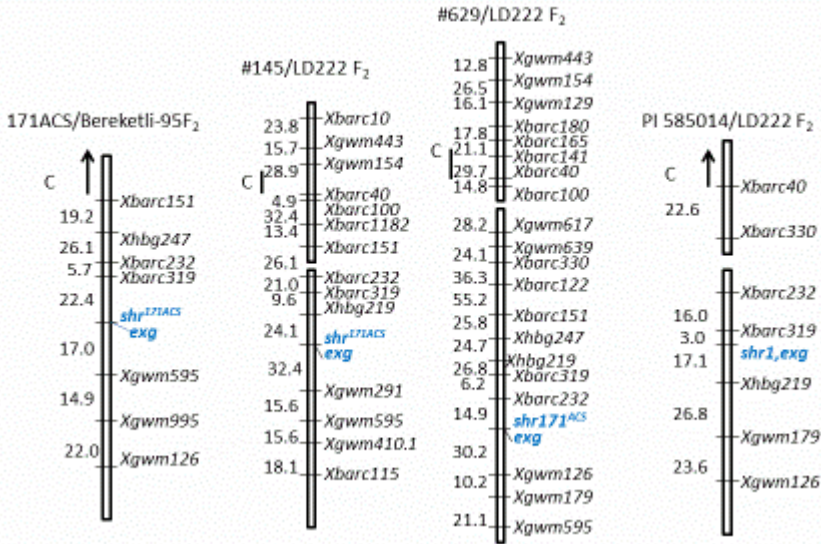
shr^{171ACS} və *exg* genlərini xəritələndirməyin alternativ yolu həmin genləri daşıyan tetraploid (2n=28) F₂ bitkilərdən istifadədir. Çünki onlarda D-genomu xromosomları yoxdur. (171ACS × Bərəkətli-95) kombinasiyasına məxsus #145 və #629 sayılı F₂ hibridlərin yenidən bərk

buğda LD222 ilə çarpazlaşmasından alınan F_2 bitkilər məhz belələrindəndirlər.

(#145 × LD222) və (#629 × LD222) kombinasiyalarına məxsus F_2 hibridlərdə şaxəliliyə və əlavə sünbülcük pulcuğuna görə parçalanma nəticəsində birincidə 78 normal və 38 uzanmış, ikincidə 90 normal və 46 uzanmış sünbülcük oxuna malik bitkilər meydana çıxmışdır. Əlavə sünbülcük pulcuqlarına hər iki hibrid kombinasiyanın yalnız uzanmış sünbülcük oxuna malik bitkilərdə, yəni şaxəli bitkilərdə rast gəlinmişdir. Başqa sözlə desək, əlavə sünbülcük pulcuqlarının yoxluğuna və varlığına görə parçalanma nisbəti (#145 × LD222) kombinasiyasının F_2 hibridlərində 78 : 38 ($\chi^2=3,724$; $df=1$), (#629 × LD222) kombinasiyasının F_2 populyasiyasında 90 : 46 ($\chi^2=5,647$; $df=1$) kimi olmuşdur (**Cədvəl 8**). Bu isə yeni tipli şaxəliliyin, yuxarıda qeyd etdiyimiz kimi, 3 : 1 nisbətində meydana çıxdığını, yəni bir resessiv genlə nəsələ ötürüldüyünü bir daha təsdiq etmişdir.

Şəkil 5-də (171ACS × Bərəkətli-95), (#145 × LD222), (#629 × LD222) və (PI 585014 × LD222) kombinasiyalarına məxsus F_2 bitkilərin 5AL xromosomlarında şaxəlilik və əlavə sünbülcük pulcuğu genlərinin ilişikli xəritələri verilmişdir.

(171ACS × Bərəkətli-95) kombinasiyasına məxsus F_2 bitkinin 5AL xromosomunda mikrosatellit markerlər sentromerdən başlayaraq aşağıdakı qaydada sıralanmışdır: *Xbarc232* - (5.7 cM) - *Xbarc319* - (22.4 cM) - *shr^{171AC}/exg* - (1.2 cM) – *Xgwm595*. Marker ardıcılığı (#145 × LD222) kombinasiyasına məxsus F_2 bitkinin 5AL xromosomunda *Xbarc232* - (21.0 cM) - *Xbarc319* - (9.6 cM) – *Xhbg219* (24.1 cM) - *shr^{171AC}/exg* - (1.2 cM) – *Xgwm291*, (#629 × LD222) kombinasiyasına məxsus F_2 bitkinin 5AL xromosomunda *Xbarc319* - (6.2 cM) – *Xbarc232* - (18.9 cM) - *shr^{171AC}/exg* - (30.2 cM) – *Xgwm126* kimi olmuşdur. Hibridoloji analizin nəticələri də, heksaploid 171ACS xəttinin *shr^{171ACS}* və *T. jakubzineri* növünün *shr1* genlərinin müxtəlif mənşəli olmalarına baxmayaraq, hər ikisinin *exg* (extra glume - əlavə sünbülcük pulcuğu) geni ilə sıx ilişikli olduğunu təsdiq etmişdir. Xatırladaq ki, ilk dəfə əlavə sünbülcük pulcuqları, 1970-ci ildə R.A. Udaçin və İ.Ş. Şahmedov tərəfindən VİR-in Daşkənd yaxınlığındakı təcrübə stansiyasında N.İ. Vavilovun hələ 1924-cü ildə Əfqanıstandan toplayıb gətirdiyi yarımpayızlıq *T. turgidum* var. *turgidum* (k-11597) nümunəsi arasından tapılmış bir formada aşkar edilmişdir.



Şəkil 5. Tədqiq olunan F₂ hibrid bitkilərin 5AL xromosomlarında şaxəlilik (*shr^{171ACS}* və *shrI*) və əlavə sünbülcük pulcuğu (*exg*) genlərinin ilişikli xəritələri. Mikrosatellit markerlər arasındakı məsafələri santimorqanlarla (cM) verilmişdir.

Biz ikinci nəşildə *shr^{171ACS}* və *shrI* lokusları arasında, bir dənə də olsun, rekombinant bitkiyə rast gəlmədiyimiz üçün bu genlərin bir-birinə çox yaxın yerləşdiklərini zənn etmişdik. Mikrosatellit xəritələr hazır olduqdan sonra, həqiqətən də, *shr^{171ACS}* geninin *shrI* geni ilə sıx ilişikli olduğu əyani olaraq sübuta yetirilmişdir. (#145 × PI 585014) və (#629 × PI 585014) hibrid kombinasiyalarına məxsus F₂ hibrid populyasiyalarında bitkilərin hamısının şaxəli, yəni uzanmış sünbülcük oxuna malik olması isə *shr^{171ACS}* və *shrI* genlərinin həm də allel olduqlarını nümayiş etdirmişdir.

NƏTİCƏLƏR

1. Üçcinsli natamam amfidiploid – *Aegilotriticale* ilə yumşaq buğdanın Chinese Spring sortu arasındakı hibrid populyasiyadan seçmə yolu ilə qısa boylu (karlıq və yarımkarlıq) xətlər yaradılmışdır.

2. Cinsarası 17 karlıq və yarımkarlıq xəttin molekulyar sitogenetik metodlarla (FISH, GISH) genom və xromosom tərkibinin tədqiqi sayəsində həmin xətlərdən birinin translokant, səkkizinin əvəzlənmiş (onlardan biri, eyni zamanda, ditelosom əlavə olunmuş, digəri nulli-tetrasomdur) və qalanlarının isə yalnız buğda xromosomlarından ibarət olduğu müəyyən edilmişdir.

3. Məhsuldarlıq elementlərinə görə analizin nəticələri əsasında 1R(1D), 5R(5A) və 1D(1B) əvəzlənmələrinə malik qısa boylu xətlərdə məhsuldarlıq göstəricilərinin yüksək olduğu müəyyən edilmişdir.

4. *Aegilotriticale* ilə Chinese Spring sortunun çarpazlaşmasından alınan 171ACS xətti ilə bərk buğdanın Bərəkətli-95 sortu və digər tetraploid buğdalar arasındakı hibrid populyasiyaların ikinci nəsində indiyədək analoqu olmayan yeni tipli şaxəlisünbüllü buğda formalarının meydana çıxması ilə əlaqədar 171ACS xəttinin yeni tipli şaxəlilik geninin mənbəyi olduğu aşkar edilmişdir.

5. Yeni tipli şaxəliliyə malik buğda formasının spontan mutasiya deyil, rekombinasiya sayəsində meydana çıxdığı eksperimental olaraq sübuta yetirilmişdir.

6. 171ACS xətti ilə istənilən tetraploid buğda növü arasındakı F_2 hibrid populyasiyalarda genetik analizin nəticələrinə görə, yeni tipli şaxəlilik əlamətinin bir resessiv genlə (*shr*^{171ACS}) idarə olunduğu müəyyən edilmişdir.

7. 171ACS və 166-şaxəli xətlərində meyoza prosesinin tədqiqi ilə yeni tipli şaxəlilik əlamətinin gen dozəsindən, yəni xromosom sayında və konfigurasiyasında baş verən hər hansı bir nəzərə çarpacaq dəyişiklikdən asılı olmadığı aşkara çıxarılmışdır.

8. 171ACS xətti ilə heksaploid buğda növləri və eləcə də D genomuna malik tetra- və heksaploid amfidiploidlər arasındakı hibridlərin heç birində yeni tipli şaxəlisünbüllü bitkilərin qeydə alınmaması nəticəsində D genomu xromosomlarının yeni tipli şaxəliliyin ekspresiyasına supressor təsiri eksperimental olaraq sübuta yetirilmişdir.

9. Bərk buğdanın Langdon sortunun disom əvəz olunmuş xətlər seriyasının köməyiylə 5D və 6D xromosomlarının yeni tipli şaxəliliyin ekspressiyasına supressor təsiri müəyyən edilmişdir.

10. Mikrosatellit markerlərdən istifadə etməklə, yeni tipli şaxəliliyi idarə edən *shr*^{171ACS} və *T. jakubzineri* növünün vaviloid tipli şaxəliliyini idarə edən *shr1* genlərinin 5A xromosomunun uzun çiyində yerləşdikləri və bir-birinə allel olduqları, eləcə də hər iki genin əlavə sünbülcük pulcuğu əlamətini idarə edən *exg* (extra glume) geni ilə sıx ilişikli olduqları aşkar edilmişdir.

11. Hibridoloji analizin nəticələrinə görə, yeni tipli şaxəlisünbüllü xətlərlə mövcud şaxəli buğda növlərinin bir allel genlə fərqləndikləri aşkar olunmuşdur.

12. 166-şaxəli xəttinə məxsus 100494 sayılı herbari VİR-in herbari fonduna daxil edilmiş və onun yeni sintetik tetraploid növ (*× Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov sp. nova.) kimi təsviri verilmişdir.

13. Mürəkkəb hibridləşmə yolu ilə alınan Saray bərk buğda sortu Azərbaycan Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi “Seleksiya nailiyyətlərinin sınağı və mühafizəsi” üzrə Dövlət Komissiyası tərəfindən yüksək qiymətləndirilərək rayonlaşdırılmışdır (Patent № 00168).

TÖVSIYƏLƏR

1. Yeni qısa boyluluq genlərindən istifadə etməklə yaradılmış və yerli torpaq-iqlim şəraitinə uyğunlaşmış qısa boylu xətlərdən intensiv buğda sortlarının yaradılması seleksiyasında istifadə etmək məqsəduyğundur.
2. Molekulyar sitogenetik metodlar sayəsində qısa boylu xətlər içərisindən aşkar edilmiş və bir sıra kənd təsərrüfatı əhəmiyyətli əlamətlərə malik translokant və əvəz olunmuş xətlərin donor kimi istifadəsi tövsiyə olunur.
3. Sünbüldəki dənlərin sayını artırmaq məqsədilə çoxsünbülcüklü buğda sortlarının alınması istiqamətində aparılan seleksiya işlərində yeni tipli şaxəlilik əlamətinə malik xətlərdən istifadə edilməsi məsləhət görülür.
4. Mürəkkəb hibridləşmədən alınan və yeni tipli şaxəliliyin mənbəyi hesab olunan 171ACS xəttinin iştirakı ilə alınan maraqlı hibrid formalar

buğdanın son vaxtlar kasadlaşan müxtəlifliyinin zənginləşdirilməsi baxımından da çox əlverişlidir.

DİSSERTASIYA MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC EDİLMİŞ ELMİ ƏSƏRLƏRİN SİYAHISI

1. Алиева А.Дж. Получение геномно-хромосомных замещенных линий пшеницы. Материалы научной конференции аспирантов АН Азерб., Баку: Элм, 1992, с. 18

2. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Исследование мейоза у межродовых гибридов полученных от беккрасса. Материалы 6-го съезда АЗОГиС, Баку: Азернешр, 1994, с. 41

3. Алиева А.Дж. Изучение мейоза у отдаленных гибридов и их регенерантов. Материалы 6-го съезда АЗОГиС, Баку: Азернешр, 1994, с. 48

4. Алиева А.Дж. Изучение завязываемости семян у межродовых гибридов, полученных от беккрасса. Тезисы докладов респуб. научно-практич. конференции молодых ученых и специалистов, Баку, 1994, с. 66

5. Əliyeva A.C. Üçcinsli konstant buğda-egilops-çovdar hibridi ilə bəzi buğda növlərinin çarpazlaşma qabiliyyətinin öyrənilməsi. «Genetika və seleksiya problemləri» mövzusunda respublika elmi konfransının materialları, Genetika və Seleksiya institutu, Bakı, 1996, s. 65

6. Əliyeva A.C., Əminov N.X. Mürəkkəb hibridlərdə sitogenetik stabilliyin öyrənilməsi. «Genetika və seleksiya problemləri» mövzusunda respublika elmi konfransının materialları, Genetika və Seleksiya institutu, Bakı, 1996, s. 66

7. Аминов Н.Х., Алиева А.Дж., Г.К. Рафиева. Хромосомные факторы, влияющие на конъюгацию у межамфидиплоидных гибридов. Материалы 2-го Международного симпозиума “Новые и нетрадиционные растения и перспективы их практического использования”, Пушино, 1997, том 4, с. 262

8. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х., Г.К. Рафиева. Материалы 6-ой Международной научно-практич. конференции “Нетрадиционное растениеводство, экология и здоровье”, Симферополь, 1997, с. 286

9. Əliyeva A.C., Əminov N.X. Egilotritikale × yumşaq buğda hibridlərində formaəmələgəlmə. Azərbaycan Genetiklər və Seleksiyaçılar

Cəmiyyətinin VII qurultayının materialları, Genetika və Seleksiya İnstitutu, 1998, s. 50-52

10. Əliyeva A.C. Egilotritikale × yumşaq buğda hibridlərində qısa gövdəlilik əlamətinin irsiliyi. Azərbaycan Genetiklər və Seleksiyaçıları Cəmiyyətinin VII qurultayının materialları, Genetika və Seleksiya İnstitutu, 1998, s. 59-61

11. Əliyeva A.C. Cırt danboyluluq geni daşıyan formaların seleksiyada istifadəsi. Azərbaycan Aqrar Elmi, 1998, № 1-2, s. 11

12. Аминов Н.Х., Алиева А.Дж. О наследовании признака короткостебельности у сложных гибридов пшеницы. Материалы Всероссийской науч.-практич. конференции по интродукции растений. “Исследование нетрадиционных и редких сельхоз. культур”, Москва-Пенза, 1998, том 3, с. 21

13. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Рекомбинация и формообразование у сложных гибридов пшеницы F₂. Материалы 7-ой Международной научно-практич. конференции “Нетрадиционное растениеводство, экология и здоровье”, Симферополь, 1998, с. 360

14. Əminov N.X., Əliyeva A.C. Buğdanın cırt danlılıq genlərinə malik qısa boylu konstant hibrid formalarında sitogenetik stabilləşmə. Azərbaycan EA-nın Xəbərləri, Bakı, 1998, № 1-6, s. 117-120

15. Алиева А.Дж. Расщепление по высоте растений у карликового гибрида. Материалы 8-ой Международной научно-практич. конференции “Нетрадиционное растениеводство, экология и здоровье”, Симферополь, 1999, с. 77-78

16. Ибрагимова З.Ш., Алиева А.Дж., Карагезов Т.Г. Сомаклональная вариабильность и ее цитогенетическое проявление у растений-регенерантов. Материалы 9-го Международного симпозиума «Нетрадиционное растениеводство. Эниология. Экология и здоровье», Алушта, 2000, с. 312-313

17. Əliyeva A.C., Əminov N.X. Mürəkkəb buğda hibridlərində aneuploidiya. Genetika və Seleksiya institutunun əsərləri, Bakı, 2000, s. 164-172

18. Əliyeva A.C. Seleksiya məqsədi ilə qısa boylu buğdanın yaradılmasının genetik əsasları. Azərbaycan Aqrar Elmi, Bakı, 2000, s. 208-210

19. Əminov N.X., Əliyeva A.C. Üşcinsli natamam amfidiploid–egilotritikalenin elektroforetik tədqiqi. Azərbaycan Biokimyəçilər və

Molekulyar Bioloqlar Cəmiyyətinin I Konfransının tezislər toplusu, 2001, s. 71-72

20. Ибрагимова З.Ш., Алиева А.Дж., Карагезов Т.Г., Аминов Н.Х. Цитогенетический анализ у растений-регенерантов с выщепляющимися мейотическими мугантами. Известия АН Азербайджана, Баку, 2002, № 1-6, 391-396

21. Ибрагимова З.Ш., Алиева А.Дж., Карагезов Т.Г., Алиев Дж.А. Особенности мейоза у растений-регенерантов трехродового неполного константного амфидиплоида-егилотритикале. Материалы XI Международного симпозиума «Нетрадиционное растениеводство. Эниология. Экология и здоровье», Симферополь, 2002, с. 327-328

22. Əliyeva A.C., Əhmədova A.Ə. Egilotritikale və çovdarın *Aegilops* və *Triticum* cinsləri ilə qarqazlaşma qabiliyyətinin tədqiqi. Azərbaycan Aqrar Elmi, 2003, № 1-3, s. 95-96

23. Ибрагимова З.Ш., Алиева А.Дж., Карагезов Т.Г. Особенности изменчивости в культуре *in vitro* у твердой и мягкой пшеницы и НАД-егилотритикале. ADU-nun biologiya fakultəsinin «Biokimya bugün və sabah» mövzusunda elmi konfransının materialları, Bakı, 2003, s. 109-111

24. Алиева А.Дж., Акпаров З.И., Аминов Н.Х. Потенциал новообразования зерновых злаков Азербайджана. Материалы Международной Кавказской конференции по зерновым и зернобобовым культурам, Тбилиси, 2004, с. 10-12

25. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Генетический потенциал новообразования в роде *Triticum* L. Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук, Москва, 2004, № 6, с. 8-10

26. Əliyeva A.C., Əminov N.X. Yeni şaxəli buğda formalarında şaxəlilik əlamətinin genetik xarakterinin öyrənilməsi. Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Xəbərləri, 2005, № 1-2, s. 151-156

27. Əhmədova A.Ə., Əliyeva A.C. Üçcinsli konstant NAD – egilotritikale ilə egilops və buğdalar arasındakı resiprok hibridlərdə qarşılıqlı nüvə-sitoplazma münasibətlərinin meyoz prosesinə təsirinin tədqiqi. Azərbaycan Aqrar Elmi, 2005, № 1-2, s. 106-109

28. İbrahimova Z.Ş., Əliyeva A.C. Qiymətli 2/17 sortunun *in vitro* alınmış regenerant bitkilərinin F₁ və F₂ nəsillərində meyozun tədqiqi. «Biomüxtəlifliliyin genetik ehtiyatları» mövzusunda I Beynəlxalq elmi konfransının materialları, Bakı: Elm, 2006, s. 41-42

29. Əliyeva A.C. Buğda hibridlərində otvari cırtanlılığı şərtləndirən genlər. «Biomüxtəlifliliyin genetik ehtiyatları» mövzusunda I Beynəlxalq elmi konfransının materialları, Bakı: Elm, 2006, s. 55-56

30. Kərimova F.Ə., Əliyeva A.C. Qısaboylu mürəkkəb buğda populyasiyalarına məxsus dənərdə zülal və əvəzölunmaz amin turşularının təyini. Azərbaycan Aqrar Elmi, 2007, № 1-3, s. 95-96

31. Əminov N.X., Əhmədli A.Ə., Əliyeva A.C. Alloplazmatik buğda və çovdar xətlərində endospermogenezin müqayisəli tədqiqi. AMEA Botanika İnstitutunun elmi əsərləri, Bakı: Elm, 2008, XXVIII cild, s. 311-316

32. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Характер наследования нового типа ветвистости колоса у пшеницы. Материалы XVII Международного симпозиума «Нетрадиционное растениеводство. Селекция. Охрана природы. Эниология. Экология и здоровье», Алушта- Симферополь, 2008, с. 482-484

33. Əliyeva A.C., Əminov N.X. Buğdanın stabil 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı resiprok hibridlərdə şaxəlilik əlamətinin boya görə paylanması. AMEA Botanika İnstitutunun elmi əsərləri, Bakı: Elm, 2009, XXIX cild, s. 754-758

34. Алиева А.Дж. Источник нового типа ветвистоколосости у твердых пшениц. Доклады РАСХН, 2009, № 3, с. 10-11

35. Aliyeva A.J., Aminov N.Kh. A novel source of germplasm for development of branched ear wheat. Abstracts of 6th International Triticeae Symposium, Kyoto, Japan, 2009, p. 71

36. Əliyeva A.C. Bərk buğdadada yeni tip şaxəlilik əlamətinin mənbəyi. Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Məruzələri, 2009, № 3, s. 95-102

37. Əliyeva A.C. Buğdanın *T. turgidum* L., *T. jakubzinerii* Udacz. et Schachm., *T. vavilovii* Jakubz. növləri ilə yeni tipli şaxəli buğda xətləri arasındakı hibridlərin genetik analizi. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, 2009, I cild, s. 47-56

38. Алиева А.Дж. Характер наследования высоты растений у гибридов пшеницы, полученных с участием карликового сорта Ai-bian 1. Международная научная конференция «Генетические ресурсы культурных растений. Проблемы эволюции и систематики культурных растений», Санкт-Петербург, 2009, с. 251-254

39. Əminov N.X., Əhmədli A.Ə., Əliyeva A.C. Alloplazmatik buğda və çovdar xətlərində endosperm nüvə bölünmələrinin müqayisəli tədqiqi. AMEA-nın Xəbərləri (biologiya elmləri), 2009, c. 64, № 3-4: s. 96-100

40. Əliyeva A.C. Tetraploid buğda növləri ilə yeni şaxəli buğda xətti (166-şaxəli) arasındakı hibrid populyasiyalarda meyotik və hibridoloji analizin nəticələri. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, 2011, II cild, səh. 33-44

41. Aliyeva A.J., Aminov N.Kh. Inheritance of the branching in hybrid populations among tetraploid wheat species and the new branched spike line 166-Shakheli. Genetic Resources and Crop Evolution, 2011, v. 58, № 5, p. 621-628

42. Aminov N.Kh., Aliyeva A.J. The conservation and enrichment strategy for genetic diversity of the genus *Triticum* L. Abstracts of International Conference "Diversity, characterization and utilization of plant genetic resources for enhanced resilience to climate change", Baku, Azerbaijan, 2011, p. 40-42

43. Əliyeva A.C. Buğdalarda yeni tip şaxəlilik əlamətinin mənbəyi 171ACS xətti ilə Bərəkətli-95 sortu arasındakı hibridlərin sitogenetik tədqiqi. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, Bakı: Elm, 2011, III cild, s. 39-47

44. Əminov N.X., Əliyeva A.C. *Aegilops* L. və *Triticum* L. cinsləri arasında qarşılıqlı genetik münasibətlər. Bakı: Elm, 2012, 480 s.

45. Алиева А.Дж., Мехтиева С.П., Аминов Н.Х. Сравнительное изучение мейоза и формообразования у гибридов, полученных с участием видов пшеницы *T. polonicum* L. и *T. petropavlovskiyi* Udacz. et Migusch. Материалы X Международной научно-методической конференции "Интродукция нетрадиционных и редких растений», Ульяновск, 2012, с. 10-17

46. Əliyeva A.C., Mehdiyeva S.P., Əminov N.X. Uzun sünbülcük pulcuğuna malik buğda növlərinin iştiraki ilə alınmış hibrid populyasiyalarda formaəmələgəlmə və meyozun müqayisəli tədqiqi. AMEA Botanika institutunun elmi əsərləri, Bakı, 2012, XXXII cild, s. 330-334

47. Aliyeva A.J., Ojaghi J., Mehdiyeva S.P. Electrophoretic profiles of gliadin subunits to evaluate genetic diversity of Azerbaijan synthetic branched spike wheat accessions. American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci., 2012, v. 12, № 10, p. 1343-1349

48. Əliyeva A.C., Əminov N.X. 171ACS xətti ilə tetra- və heksaploid buğda növ və amfidiploidləri arasındakı hibrid populyasiyalarda meyozun və yeni tipli şaxəlilik əlamətinin irsiliyinin genetik xarakterinin tədqiqi. AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri), Bakı: Elm, 2012, c. 67, № 2, s. 48-58

49. Əminov N.X., Əliyeva A.C. 171ACS xətti ilə uzun sünbülcük pulcuğuna malik buğda növləri arasındakı hibrid populyasiyalarda formaəmələgəlmənin tədqiqi. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, 2012, IV cild, s. 10-17

50. Əliyeva A.C. 166-şaxəli xəttində yeni tipli şaxəlilik əlamətinə nəzarət edən genin lokallaşdırılması. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, 2012, IV cild, s. 26-31

51. Emçiyeva V.Q., Əliyeva A.C. Buğda hibridlərində genetik uyarlılıq haqqında. Akad. Z. Əliyevanın 90 illik yubileyinə həsr olunmuş gənc alimlərin və tədqiqatçıların “Müasir biologiyanın innovasiya problemləri” mövzusunda III Beynəlxalq elmi konfransının materialları, BDU, Bakı, 2013, s. 127-128

52. Aliyeva A.J., Aminov N.Kh. Genetic Analysis of the New Source of Novel Spike Branchiness Trait in Wheat. BIT's 4th Annual World DNA and Genome Day-2013, “Grand Celebrations of 60th Anniversary of DNA Structure Discovery”, Nanjing, China, 2013, v. 1, p. 196

53. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Влияние генома D пшеницы на проявление признака нового типа ветвистоколосости у гибридных популяциях линии 171ACS. Генетика, 2013, том 49, № 11, с. 1284-1291

54. Əliyeva A.C., Əminov N.X. *Aegilotriticale* ilə yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) arasındakı cinsarası qısaboylu xətlərin klassik və molekulyar sitogenetik metodlarla tədqiqi. AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri), Bakı: Elm, 2013, c. 68, № 2, s. 76-85

55. Смекалова Т.Н., Зуев Е.В., Аминов Н., Алиева А, Sato К, Tanaka Н. Генетические ресурсы зерновых культур на территории Азербайджана по материалам экспедиции 2008 года. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции, 2013, т. 172, с. 59-73

56. Алиева А.Дж., Аминов Н.Х. Новый вид тетраплоидной пшеницы *Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции, 2014, т. 175, вып. 2, с. 82-85

57. Аминов Н.Х., Алиева А.Дж. Пути создания и обогащения генофонда рода *Triticum* L. Тезисы докладов II Международная научная конференции «Проблемы эволюции и систематики культурных растений» (к 125-летию со дня рождения Е.Н. Синской), Санкт-Петербург, 9 –10 октября 2014 года, с. 13

58. Алиева А.Дж., Керимова Р.К. Исследование межвидовых гибридов, полученных от гибридизации между носителями генома G и мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.). Тезисы докладов II Международной научной конференции «Проблемы эволюции и систематики культурных растений» (к 125-летию со дня рождения Е.Н. Синской), Санкт-Петербург, 9 –10 октября 2014 года, с. 37

59. Amagai Y., Aliyeva A.J., Aminov N.Kh., Martinek P., Watanabe N., Kuboyama T. Microsatellite mapping of the genes for sham ramification and extra glume in spikelets of tetraploid wheat. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2014, v. 61, № 2, p. 491-498

60. Amagai Y., Aliyeva A.J., Aminov N.Kh., Martinek P., Watanabe N., Kuboyama T. Microsatellite mapping of the gene for sham ramification in spikelets derived from a hexaploid wheat accession 171ACS. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2014 (in press).

СТРАТЕГИЯ СОЗДАНИЯ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНЫХ И ВЕТВИСТОКОЛОСЫХ ПШЕНИЦ И ИХ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ

С целью создания короткостебельных и ветвистоколосых форм пшениц нами впервые был использован трехродовой неполный амфидиплоид (НАД) – *Aegilotriticale*. В результате гибридизации его с сортом мягкой пшеницы Чайниз Спринг и многолетнего отбора были созданы высокопродуктивные и цитогенетически стабильные короткостебельные (карликовые и полукарликовые) линии, адаптированные к местным почвенно-климатическим условиям, а также устойчивые к болезням и вредителям.

Исследованиями 17 короткостебельных линий молекулярно-цитогенетическими методами (FISH и GISH) выявлено, что восемь (375YK, 378/1YK, 378/3YK, 380YK, 383/1YK, 384/1K, 384/2K, 386/1K) оказались замещенными, один (377YK) – транслокантным (T4DS-7RL), а остальные восемь (373K, 374K, 376K, 382K, 383/2YK, 385YK, 387YK, 625K) состояли только из хромосом пшеницы. Установлено, что у четырех замещенных линий (378/1YK, 384/1K, 384/2K, 386/1K) замещение произошло между одной [1D(1B), 1R(1D), 1R(1D), 5R(5A), соответственно], у двух (375YK и 383/1YK) – между двумя [2D(2R), 5B(5A) и 1R(1D), 2R(2D), соответственно], у остальных двух (378/3YK и 380YK) между четырьмя [1R(1B), 2D(2R), 3D(3R), 6D(6R) и 1D(1R), 2D(2R), 3D(3R), 6D(6R), соответственно] пар хромосом. Выявление одной лишней пары телоцентрических хромосом (7Rt) у линии 380YK показало, что эта линия является также дителосомно-добавленной линией ($2n=42+2t$) по хромосоме 7Rt ржи. А у линии 375YK отсутствие одной пары 5A и присутствие двух пар 5B хромосом свидетельствовало, что она является нулли(5A)-тетрасомной(5B). Надо отметить, что у этой линии выявлена также одна модифицированная хромосома, которая, по всей вероятности, является гомологом хромосомы 1B пшеницы.

В то же время, между НАД и сортом мягкой пшеницы Чайниз Спринг была синтезирована линия 171ACS ($2n=6x=42$) – источник гена нового типа ветвистоколосости у пшеницы, которая от

скрещивания со всеми тетраплоидными видами пшеницы ($2n=4x=28$) в первом поколении дала нормальноколосые растения ($2n=5x=35$), а во втором поколении расщепление нормально- и ветвистоколосых форм произошло в соотношении 3:1, а в третьем – 5:3 ($2n=4x=28$), соответственно. Таким образом, установлено, что признак нового типа ветвистоколосости контролируется одним рецессивным геном.

В результате исследования молекулярно-цитогенетическими методами линии 171ACS и новых ветвистоколосых линий, полученных с ее участием не обнаружено ни одной ржаной хромосомы или сегмента, что значит признак нового типа ветвистоколосости связан не с геномом ржи, а с геномом пшеницы.

Кроме того, отсутствие новых ветвистоколосых растений в гибридных популяциях, созданных между линией 171ACS и гексаплоидными видами пшеницы, а также с тетра- (AADD) и гексаплоидным (AADDSS) амфидиплоидами, свидетельствовало об ингибирующем воздействии хромосом генома D пшеницы на экспрессию признака нового типа ветвистоколосости.

С другой стороны, наличие новых ветвистоколосых растений у обеих гибридных популяций, полученных между линией 171ACS и тетраплоидными видами пшеницы с геномными формулами AABB и AAGG, указывает на то, что ген, контролирующий новый тип ветвистоколосости находится в геноме A пшеницы, а результаты же гибридологического анализа гибридных популяций F_2 , полученных от скрещивания новой ветвистоколосой пшеницы (166-ветвистая) с серийными дисомно-замещенными линиями сорта твердой пшеницы Langdon, дали возможность предположить, что этот ген локализован в 5A хромосоме пшеницы, а также выявить супрессорное воздействие хромосом 5D и 6D генома D мягкой пшеницы на экспрессию нового типа ветвистоколосости.

Методом микросателлитного картирования генов ветвистоколосости выявлено, что у вида *T. jakubzineri* Udacz. et Schachm. он контролируется двумя – *shr1* и *shr2* генами, которые локализованы в хромосомах 5A и 2A, соответственно; а у линии 171ACS этот признак контролируется одним рецессивным геном (*shr¹⁷¹*), который также локализован в хромосоме 5AL. А также по результатам гибридологического анализа установлено, что *shr^{171ACS}* и

shr1 гены аллельные и оба тесно сцеплены с геном *exg* (extra glume), контролирующую признака дополнительного колоскового чешуя.

Гербарий линии 166-шахели внесено в Гербарный фонд ВИР под номером 100494 и описано как новый синтетический тетраплоидный вид: × *Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov sp. nova.

Наконец, анализ по основным элементам продуктивности новых созданных короткостебельных, а также ветвистокосых линий выявил сорто-формы, близкие к стандартным сортам и даже превзошедшие их. Две из таких сорто-форм – «Сарай» (твердая пшеница – *T. durum* var. *leucurum*) и «Апшерон» (мягкая пшеница – *T. aestivum* var. *graecum*) переданы в Государственную Комиссию по испытанию и сохранению селекционных достижений Азербайджанской Республики. За высокие показатели сорт твердой пшеницы «Сарай» был районирован (Патент № 00168).

STRATEGY OF GENERATION OF THE SHORT-STEMMED AND BRANCHED SPIKE WHEATS AND ITS CYTOGENETIC STUDY

A trigeneric incomplete amphidiploid (NAD) – *Aegilotriticale* used for the first time as a source of dwarfing genes have been crossed with a bread wheat variety Chinese Spring and were selected for many years the cytogenetic stable and high-yield short-stemmed (dwarf and semidwarf), disease- and pest-resistant lines adapted to local soil-climatic conditions.

Molecular cytogenetic study of 17 short-stemmed lines by FISH and GISH methods is revealed that eight of them (375YK, 378/1YK, 378/3YK, 380YK, 383/1YK, 384/1K, 384/2K, 386/1K) were substitution lines, one (377YK) was translocant (T4DS-7RL) line and last eight lines (373K, 374K, 376K, 382K, 383/2YK, 385YK, 387YK, 625K) were consisted of only wheat chromosomes. It has been found that a substitution was occurred in four lines (378/1YK, 384/1K, 384/2K, 386/1K) between one [1D(1B), 1R(1D), 1R(1D), 5R(5A), respectively], in two lines (375YK and 383/1YK) between two [2D(2R), 5B(5A) and 1R(1D), 2R(2D), respectively], in last two (378/3YK and 380YK) between four [1R(1B), 2D(2R), 3D(3R), 6D(6R) and 1D(1R), 2D(2R), 3D(3R), 6D(6R), respectively] pairs of chromosomes. Detection of one pair of extra telocentric chromosomes (7Rt) in a line 380YK showed that it is also ditelosomic addition line ($2n=42+2t$). But absence of one pair of chromosomes 5A and presence of two pairs of chromosomes 5B in a line 375YK testified that it is nullisomic(5A)-tetrasomic(5B). One modified chromosome also was identified in this line which is probably a homolog of 1B chromosome of wheat.

Simultaneously between NAD and bread wheat variety Chinese Spring was developed a line 171ACS ($2n=6x=42$) – a source of the novel type branching. All plants ($2n=5x=35$) in the first generation obtained from the crossings of this line with any tetraploid wheat species were normal spiked, but a segregation ratio in the second generation was 3:1 and in the third – 5:3 normal spiked and novel branched spike plants, respectively. So, it was established that a novel branched spike trait is controlled by a single recessive gene.

Studying of a line 171ACS and the branched spike lines by molecular cytogenetic methods no rye chromosome or segments were manifested. It means that this novel trait is not associated with the rye genome.

In addition, the presence of no branched spike plant in hybrid populations produced from the crossings between a line 171ACS and hexaploid wheat species (AABBDD), also tetra- (AADD) and hexaploid (AADDSS) amphidiploids having D genome experimentally confirmed the inhibitor effect of D genome chromosomes on expression of this novel branching trait.

On the other hand, an appearance of the novel branched spike plants in both hybrid populations obtained from the crossings of a line 171ACS with tetraploid wheat species having AABB or AAGG genomic formula, shows that a gene controlling this trait is localized in A genome of wheat. Results of morphogenetic analysis of hybrid populations F₂, obtained from the crossings of the branched spike line 166-Schakheli with disomic-substitution lines of durum wheat variety Langdon allowed to suppose that this gene is localized in 5A chromosome of wheat and the chromosomes 5D and 6D of D-genome are suppressed an expression of the novel branched spike trait

Microsatellite mapping of branching genes was revealed that branching (sham ramification) trait in species *T. jakubzineri* Udacz. et Schachm. is controlled by two genes - *shr1* и *shr2* which are localised on 5A and 2A chromosomes, respectively; but in a line 171ACS a novel branching trait was controlled by a single recessive gene (*shr*¹⁷¹), which is localised on the 5AL chromosome Also, according to the results of morphotypic analysis it has been found that the genes *shr*¹⁷¹ and *shr1* are allelic and the both genes are completely linked to gene *exg* (extra glume) controlling an extra spikelet glume trait.

Herbarium No 100494 of a line 166-Schakheli was registrated in Herbarium Fund of Institute of Plant Industry, and described as a novel synthetic tetraploid species: × *Triticum abscheronicum* Aliyeva et Aminov sp. nova.

In conclusion, analysis of major components of productivity of the new produced short-stemmed and also branched spike lines detected the forms close to wheat standards and even exceeded them. Two of those variety-forms – ‘Saray’ (hard wheat – *T. durum* var. *leucurum*) and

‘Absheron’ (bread wheat – *T. aestivum* var. *graecum*) were referred to State Commission of Testing and Conservation of Selection Progresses of the Azerbaijan Republic, and one of its – ‘Saray’ was districted (Patent No 00168).

НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК АЗЕРБАЙДЖАНА
ИНСТИТУТ БОТАНИКИ

На правах рукописи

АЙБЕНИЗ ДЖАВАД ГЫЗЫ АЛИЕВА

**СТРАТЕГИЯ СОЗДАНИЯ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНЫХ
И ВЕТВИСТОКОЛОСЫХ ПШЕНИЦ И ИХ
ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ**

Специальность: 2409.01 – Генетика

А В Т О Р Е Ф Е Р А Т

диссертации, представленной на соискание
ученой степени доктора биологических наук

Баку - 2014