

AZƏRBAYCAN MİLLİ ELMLƏR AKADEMİYASI
GENETİK EHTİYATLAR İNSTİTUTU

Əlyazması hüququnda

NİYAZI ƏVƏZ oğlu QULİYEV

AZƏRBAYCAN MƏNŞƏLİ YEMİŞ (*Cucumis melo* L.)
GENOTİPLƏRİNİN QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ VƏ SELEKSİYADA
İSTİFADƏSİ

3103.04 – SELEKSİYA VƏ TOXUMÇULUQ

biologiya üzrə fəlsəfə doktoru elmi dərəcəsi almaq üçün
təqdim olunmuş dissertasiyanın

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

BAKİ – 2018

Dissertasiya işi Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun “Tərəvəz və bostan bitkiləri” və “Biotexnologiya” şöbələrində yerinə yetirilmişdir.

Elmi rəhbər: AMEA-nın müxbir üzvü: **Zeynal İba oğlu Əkpərov**

Elmi məsləhətçi: Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru,

dosent: **Sabir Ramazan oğlu Həsənov**

Rəsmi opponentlər: Aqrar elmlər üzrə elmlər doktoru,

Ələddin Əlirza oğlu Tağıyev

Aqrar elmlər üzrə elmlər doktoru,

Vüqar Süleyman oğlu Səlimov

Aparıcı təşkilat: Azərbaycan Dövlət Aqrar Universiteti “Ümumi əkinçilik, genetika və seleksiya” və “Bağçılıq” kafedraları

Dissertasiyanın müdafiəsi “27” “Sentyabr” 2018-ci il saat 14⁰⁰-da AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu nəzdində fəaliyyət göstərən FD.01.261 Dissertasiya şurasının iclasında keçiriləcəkdir.

Ünvan: Bakı şəhəri, AZ1106, Azadlıq prospekti 155.

Dissertasiya ilə AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Dissertasiyanın avtoreferatı “27” “Avqust” 2018-ci il tarixində göndərilmişdir.

FD.01.261 Dissertasiya

şurasının elmi katibi, aqrar

elmlər üzrə fəlsəfə doktoru, dosent:

L.Ş.Şahməmmədova

GİRİŞ

Mövzunun aktuallığı: Azərbaycan bitkilər aləminin çox zəngin genetik müxtəlifliyinə malik olmaqla bir çox bitkilərin ilkin əmələgəlmə və mədəniləşdirmə mərkəzlərindəndir [Vavilov N., 1926]. Burada bostan-tərəvəz bitkilərinin becərilmə tarixi çox qədim olub, onların çoxsaylı yerli sort və formaları ölkəyə hər zaman şöhrət gətirmişdir. Bu bitkilər Azərbaycanda ərzaq təhlükəsizliyinin təmin edilməsində prioritetliyinə görə dənli bitkilərdən sonra ikinci yeri tutur. Onların da içərisində qida rasionunun vitaminlərlə zənginləşdirilməsi baxımından yemiş mühüm rol oynayır. Azərbaycanda yemiş bitkisinin yerli genofondunun toplanması, tədqiqi və yeni sortların alınması sahəsində müəyyən dövrlərdə fasilələrlə də olsa, işlər aparılmışdır [Əliyev Ş.A., 1997]. Lakin müxtəlif səbəblərdən bu işlər tam yerinə yetirilməmiş, bir çox nümunələr kolleksiyalara daxil edilməmiş, bəziləri isə ümumiyyətlə itirilmiş, becərilən sortların genetik potensialı müasir tələblərə cavab vermir.

Son dövrlərdə biotexnologiya və gen mühəndisliyinin nailiyyətlərinin seleksiyaya tətbiqi, heterozis hibrid istehsalının güclənməsi və yayılması bir sıra ənənəvi xalq seleksiyası sortlarının, qiymətli gen mənbələrinin sürətlə itirilməsinə səbəb olur [Sarı N., 2007].

Bu baxımdan, respublikanın müxtəlif bölgələrində yayılmış və qiymətli gen mənbəyi olan yerli yemiş sort, forma və hibridlərinin toplanması, artırılaraq kolleksiyaya daxil edilməsi, hərtərəfli tədqiqi və təsərrüfat qiymətli əlamətlərə malik formaların seçilməsi ilə gələcək seleksiya işləri üçün başlanğıc material bankının, əlamət kolleksiyalarının yaradılması olduqca əhəmiyyətlidir.

Yaradılmış milli yemiş kolleksiyası molekulyar metodlarla qiymətləndirilərək yeni davamlı, yüksək məhsuldar və keyfiyyətli sortların yaradılması və genetik fondun mühafizəsi baxımından xüsusi aktuallıq kəsb edir.

Tədqiqat işinin məqsəd və vəzifələri. Dissertasiya işinin əsas məqsədi Azərbaycanda yayılmış yemiş (*Cucumis melo* L.) genotiplərinin toplanması, genofondunun yaradılması, tədqiqi, təsərrüfat əhəmiyyətli genotiplərin seçilməsi və seleksiyada səmərəli istifadəsindən ibarət olmuşdur.

Bu məqsədə çatmaq üçün qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

- Azərbaycanın müxtəlif bölgələrində becərilən yemiş genotiplərinin toplanılması;

- Toplanmış genotiplərin toxum materialının çoxaldılması və yemiş genofondunun zənginləşdirilməsi;
- Milli yemiş kolleksiyasının genetik müxtəlifliyinin morfoloji və molekulyar markerlərlə tədqiqi;
- Qiymətli əlamət və xüsusiyyətlərə malik başlanğıc seleksiya materiallarının seçilməsi və heterozis effektinə malik hibrid kombinasiyalarının müəyyənləşdirilməsi;
- Təsərrüfat qiymətli əlamətlərinə görə seçilmiş genotiplərin seleksiyada istifadəsi.

Elmi yeniliklər. İlk dəfə olaraq, Azərbaycanda yayılmış yüksək əlamət və xüsusiyyətlərə malik yerli yemiş sort, forma və xətlərindən ibarət milli kolleksiya yaradılmış, müasir morfoloji və molekulyar metodlarla tədqiq edilmiş, genotiplər arasında məhsuldarlıq və meyvələrin uzunluğuna görə yüksək variasiya əmsalının (uyğun olaraq, 20.32% və 17.35%) mövcudluğu, məhsuldarlıq əlamətinə görə irsiliyin 0.96 olması müəyyən edilmişdir.

Molekulyar markerlər əsasında genotiplər arasında ən yüksək və ən yaxın genetik oxşarlığın, müvafiq olaraq, 0.97 və 0.36-ya, genofonddakı genetik müxtəliflik indeksinin isə 0.70-ə bərabər olması, yəni kifayət qədər yüksək genetik variasiyaların mövcudluğu aşkar edilmişdir. Biomorfoloji əlamətlər və ISSR markerlər arasında statistik əhəmiyyətli korrelyasiyanın olmadığı ($r = 0.012$) müəyyən olunmuşdur.

Yemiş kolleksiyasında biomorfoloji əlamətlərin göstəricilərinə əsasən əlamətlərarası asılılıqların müasir statistik metodlarla öyrənilməsi ilə məhsuldarlığa kompleks şəkildə birbaşa müsbət təsir edən əlamətlər (yarpağın uzunluğu və meyvənin eni) müəyyən edilmişdir.

İşin praktiki əhəmiyyəti. Azərbaycanda yayılmış yerli yemiş genotiplərinin milli kolleksiyası yaradılmışdır ki, bu həm yemişin genetik müxtəlifliyinin qorunub-saxlanılmasını, həm də seleksiya işlərində və genetik tədqiqatlarda səmərəli istifadəsini təmin edəcəkdir. Tədqiq olunmuş yemiş genotiplərinin morfoloji əlamətlərinin beynəlxalq deskriptorlara əsasən qiymətləndirilərək məlumat bazasına daxil edilməsi onlar haqqında informasiyanın əlçatanlığını təmin etməklə, seleksiya işlərinin səmərəliliyini artıracaqdır. Yemiş kolleksiyasında genetik müxtəlifliyin, genetik məsafə baxımından bir-birinə daha yaxın və uzaq olan genotiplərin müəyyənləşdirilməsi seleksiya prosesində başlanğıc valideyn formalarının daha düzgün seçilməsinə kömək edəcəkdir. Məhsuldarlığa təsir edən biomorfoloji-kəmiyyət göstəricilərinin statistik üsullarla

müəyyənləşdirilməsi seleksiya prosesində arzu olunan əlamətlərin daha düzgün şəkildə idarə olunmasına zəmin yaradacaqdır. Morfoloji və molekulyar qiymətləndirmənin nəticələrinin ümumiləşdirilməsi ilə müəyyən edilmiş qiymətli başlanğıc seleksiya materialları və onların istifadəsilə alınmış hibridlər yeni müxtəlif istiqamətli seleksiya proqramlarının planlaşdırılmasına kömək edəcəkdir.

Müdafiəyə çıxarılan əsas müddəalar:

- Azərbaycanın milli yemiş kolleksiyasına daxil edilən genotiplərin beynəlxalq deskriptorlara əsasən kompleks qiymətləndirilməsi ilə perspektivli nümunələrin seçilməsi.

- Molekulyar markerlər vasitəsilə əldə edilmiş genetik məlumatlara görə milli yemiş kolleksiyasında müxtəlifliyin – polimorfizmin qiymətləndirilməsi ilə Azərbaycanın milli yemiş kolleksiyasında yüksək genetik müxtəlifliyin mövcudluğunun müəyyən edilməsi.

- Yemiş bitkisində məhsuldarlığa kompleks şəkildə birbaşa müsbət təsir edən əlamətlərin müəyyən edilməsi.

- Heterozis effektinə malik hibridlərin alınması üçün təsərrüfat qiymətli əlamətlərə görə başlanğıc material və kombinasiyaların seçilməsi.

İşin aprobasiyası. Dissertasiya işinin əsas nəticələri Ümummilli lider Heydər Əliyevin anadan olmasının 90 illiyinə həsr olunmuş “Heydər Əliyevin torpaq islahatları ərzaq təhlükəsizliyinin təminatıdır” mövzusunda elmi-praktiki konfransda (2013), Ulu öndər Heydər Əliyevin anadan olmasının 93 illiyinə həsr olunmuş Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda keçirilən VI Beynəlxalq Elmi Konfransda (2016), “Ekologiya: Təbiət və cəmiyyət problemləri” mövzusunda keçirilən III Beynəlxalq Elmi Konfransda (2017), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Şura iclaslarında və elmi seminarlarında (2013-2018) məruzə olunmuşdur.

Nəşrlər: Dissertasiya işinə aid 12 elmi iş (3-ü xaricdə) nəşr olunmuşdur.

Dissertasiyanın quruluşu və həcmi: Dissertasiya işi giriş, 5 fəsil, yekun, nəticə, tövsiyələr, istifadə edilmiş ədəbiyyat siyahısı və dissertasiyaya əlavələrdən ibarət olub, ümumi həcmi 182 səhifədir. İşdə 31 cədvəl və 56 şəkil verilmişdir. Tədqiqat işində 204 ədəbiyyat mənbəyindən istifadə edilmişdir ki, onların 196-sı xarici nəşrlərdir.

İŞİN ƏSAS MƏZMUNU

I FƏSİL. ƏDƏBİYYAT İCMALI

Bu fəsildə yemişin mənşəyi, yayılması, təsnifatı, əhəmiyyəti, genetik ehtiyatlarının toplanması, genetik müxtəlifliyin morfoloji və molekulyar markerlərlə tədqiqi, eyni zamanda heterozis hibridlərin alınması üsulları, bütün bunlarla bağlı bu günə kimi aparılmış tədqiqatlar haqqında ədəbiyyat mənbələrinə istinad edilməklə ətraflı məlumat verilmişdir.

II FƏSİL. TƏDQIQATIN ŞƏRAİTİ, MATERIALI VƏ ÜSULLARI

Yemiş bitkisinin biomorfoloji əlamətlərini və xüsusiyyətlərini qiymətləndirmək məqsədilə sahə təcrübələri AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Təcrübə Bazasında, Saray Dayaq Məntəqəsində və Tərəvəzçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun təcrübə sahəsində 2013-2016-cı illərdə yerinə yetirilmişdir. Hər üç sahənin iqlimi quru subtropik, torpağı isə boz-qonurdur.

Tədqiqat materialı kimi Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış və genbankdan götürülmüş (4 sort nümunə), ümumilikdə, 60 yemiş genotipindən istifadə olunmuşdur. Toplanan geotiplərlər xalq seleksiyası sortları (Şahnəzər, Turacı, Timsah, Qızıl yemiş), elmi seleksiya sortları, sort-formalar və hibrid populyasiyalardan ibarətdir.

Yemiş genotiplərinin tədqiqi məqsədilə becərilməsinə dair tarla təcrübələri “Kənd təsərrüfatı bitkilərinin sort sınağı metodikası” na əsasən həyata keçirilmişdir [Moskva, 1978]. Yemiş bitkilərinin biomorfoloji əlamətlərinin təyini və qiymətləndirilməsində Beynəlxalq Biomüxtəliflik İnstitutu tərəfindən hazırlanmış “Yemiş bitkisi üçün beynəlxalq deskriptorlar”dan istifadə edilmişdir [IPGRI, 2003].

Şəkərin və suda həll olunan quru maddənin miqdarı refraktometr vasitəsilə təyin olunmuşdur.

Təcrübələrdən əldə edilmiş bütün nəticələr SPSS kompüter proqramının köməyi ilə statistik təhlil olunmuş və etibarlılığı yoxlanılmışdır. Korrelyasiyalar müvafiq düstür əsasında təyin olunmuşdur (formul 2.1).

$$r = \frac{\sum x_i y_i - n \bar{x} \bar{y}}{\sqrt{(\sum x_i^2 - n \bar{x}^2)(\sum y_i^2 - n \bar{y}^2)}} \quad (\text{formul 2.1})$$

burada, x və y ayrı-ayrı əlamətləri, n isə genotiplərin sayını ifadə edir.

Tədqiq olunan genotiplər arasında məhsuldarlıq komponentlərinin variasiya dərəcəsi və bu variasiyanın statistik əhəmiyyəti ANOVA metodu ilə qiymətləndirilmişdir. Əlamətlər arasında fenotipik korrelyasiya hesablanmış, fenotipik əlamətlərə görə variasiyaya cavabdeh olan komponentləri aşkar etmək üçün əsas komponent analizindən, nümunələr arasındakı genetik məsafəni təyin etmək üçün isə klaster analizindən istifadə edilmişdir. Path analizi isə tədqiq edilən məhsuldarlıq elementlərinin bitkinin məhsuldarlığına təsirinin birbaşa və ya dolayı xarakter daşmasını müəyyən etməyə imkan vermişdir. Aqronomik göstəricilər üçün klaster analizi UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Average-Riyazi orta qiymətli ölçüsüz qrup cütü) metodu Euklid genetik məsafəsi əsasında həyata keçirilmişdir [Rohlf F., 2004].

Heterozis effekti valideyn formaların məhsuldarlığının orta göstəricisinə (heterozis) və üstün valideyn göstəricisinə görə (heterobeltiosis) iki formada hesablanmışdır [Şehirali S., Özgen M., 1988, Robnson R., 1999].

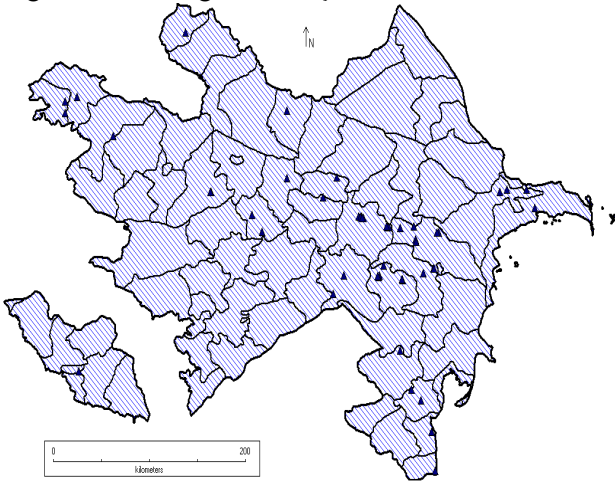
Genotiplərin genetik müxtəlifliyinin tədqiqi məqsədilə PZR əsaslı ISSR DNT markeri tətbiq olunmuşdur ki, bu zaman DNT-nin ekstraksiyası üçün Doyle J. (1987) təklif etdiyi üsuldən istifadə edilmişdir. DNT-nin qatılığı və təmizlik dərəcəsi Nanodrop spektrofotometri vasitəsilə təyin olunduqdan sonra 50 nq/m qatılığına qədər durulaşdırılmışdır. 10 ISSR praymeri ilə qoyulmuş PZR reaksiyasının məhsulları 1,2%-li agarozda gelində elektroforez edilmiş, alınmış profillər BioRad UV cihazında vizuallaşdırılaraq şəkilləri çəkilmişdir. Daha sonra hər bir praymer üçün alınmış şəkillər analiz edilmiş, amplitudasiya olunmuş fraqmentlərə uyğun bəndlər nömrələnərək polimorf və monomorf bəndlərin sayı və buna müvafiq olaraq hər bir praymerin polimorfluq dərəcəsi müəyyənləşdirilmişdir.

Genotiplərin genetik oxşarlığının təyini və qruplaşdırılmasında çoxölçülü statistik metod kimi klaster analizi tətbiq olunmuşdur [Johnson R., Wichern D., 2007]. Bu metod əsasında genetik cəhətdən yaxın olan nümunələr bir qrup daxilində yerləşdirilmişdir. Qruplaşdırma nəticələri dendroqram şəklində təsvir edilmişdir. Rəqəmlərdəki informasiyanı dəyişdirmədən onların həcmi azaltmaq üçün PCA (Əsas Component Analizi) üsulundan istifadə edilmişdir. Məhsulun rentabellik göstəriciləri ümumi qəbul edilmiş metodlarla hesablanmışdır [Шеремед А.Д., 2009].

Yemiş nümunələrinin toplanma yerlərinin xəritəsi Diva-GIS proqramı vasitəsi ilə hazırlanmışdır.

III FƏSİL. YEMİŞ (*CUCUMIS MELO L.*) GENOTİPLƏRİNİN TOPLANMASI, QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ VƏ STATİSTİK TƏHLİLİ

Azərbaycanın Abşeron, Mərkəzi Aran, Gəncə-Qazax, Şirvan və Cənub bölgələrində aparılmış ekspedisiyalar zamanı formasına, rənginə, üzərindəki naxışına və digər xüsusiyyətlərinə görə bir-birindən fərqlənən 56 yemiş genotipi (16 genotip Kürdəmir, 5-i Saatlı, 4-ü Sabirabad, 2-si Lənkəran, 2-si Masallı, 1-i Astara, 13-ü Abşeron, 1-i Samux, 2-si Bərdə, 3-ü Ağstafa, 1-i Qazax, 1-i Tovuz, 1-i Cəlilabad, 1-i Ağdaş, 1-i Göyçay, 1-i İmişli, 1-i Biləsuvar rayonundan, 1-i isə Naxçıvan MR ərazisindən) ərazinin GPS koordinatları götürülməklə toplanmışdır (Şəkil 3.1). Eyni zamanda meyvənin biomorfoloji əlamətləri, forması, rəngi, uzunluğu, eni, meyvənin qabığının bərkliyi, lətinin rəngi və qalınlığı, dad keyfiyyətləri də qeyd olunmuşdur. 4 sortun (Katriç, Ağ xəndələk, Zamça, Koçka) toxumları isə institutun genbankından götürülmüşdür.



Şəkil 3.1. Yemiş genotiplərinin toplanma yerləri

Toplanan və genbankdan götürülən genotiplərin toxumları əkilərək beynəlxalq deskriptora əsasən qiymətləndirilmişdir. Onlardan 19-u küre, 22-si oval, 14-ü uzunsov, 5-i isə yastı-yumru formalı olmuşdur. Dadına görə qiymətləndirmə zamanı 3 genotip şirin sulu (çox şirəli), 24-ü şirin, 25-i az şirin, 8-i isə dadsız kimi qiymətləndirilmişdir. Bütün yemiş genotipləri qalın lətli (>32,18 mm) olmuşdur. Vegetasiya müddətinin uzunluğuna görə

12 genotip tezyetişən (70-75 gün), 33-ü ortayetişən (90-100 gün), 15-i isə gecyetişən (110-120 gün) kimi qiymətləndirilmişdir.

Genotiplərin sort tipinə görə qiymətləndirilməsi aparılmışdır. Onlardan 54-nün “Cənubun payız-qış yemişləri (zərd)” qrupuna, 5 genotipin “Faraş Orta Asiya yemişləri – xəndəklər” qrupuna, 1-nin isə “Bərk lətli Rus yemişləri” qrupuna aid olduğu müəyyənləşdirilmişdir.

Yemiş genotiplərinin ümumi görünüşünə görə üç tip yarpaq forması müəyyən edilmişdir. 60 genotipdən 23-də yarpaq forması bütöv-tam ayalı, 11-də dərin beş bölümlü, qalan 26-da isə dayaz beş bölümlü olmuşdur. Deskriptora əsasən yarpaq kənarlarının çıxıntılılığına görə üç forma müəyyən edilmişdir: zəif, orta və kəskin dişli (çixıntılı) formalar. Yarpaq ayası bütöv olan genotiplərin yarpağı zəif dişli, yarpaq ayası dayaz beş bölümlü olan genotiplərin yarpağı orta dişli, yarpaq ayası dərin beş bölümlü olan genotiplərin yarpağı isə kəskin dişli kimi qiymətləndirilmişdir.

Məhsuldarlıq göstəricisinə görə Nazlı sortu ən yüksək nəticə (23,32 t/ha) göstərmişdir. Turacı sortunda məhsuldarlıq 22,55 t/ha, Zamça sortunda 22,5 t/ha, Timsah sortunda 22,24 t/ha, Torpedo sortunda 21,7 t/ha, Şahnəzər sortunda 21,35 t/ha, Katriç sortunda 20,49 t/ha, Ağ xəndək sortunda 19,8 t/ha, Koşka sortunda isə 19,25 t/ha olmuşdur. Ağdaş, İmişli, Göyçay, Cəlilabad, Lənkəran-2, Lənkəran-3, Astara-4 genotiplərində isə məhsuldarlıq bir qədər az, müvafiq olaraq, 21,75 t/ha, 21,15 t/ha, 20,33 t/ha, 20,74 t/ha, 17,74 t/ha, 17,46 t/ha və 17,37 t/ha olmaqla onlar da məhsuldar genotiplər kimi qiymətləndirilmişdir. Ən aşağı məhsuldarlıq Kürdəmir-9 genotipində (9,98 t/ha) qeydə alınmışdır.

Qiymətləndirmə zamanı məhsuldarlığına, dad keyfiyyətinə, formasına və lətinin qalınlığına görə 17 genotip (Nazlı, Timsah, Şahnəzər, Turacı, Lənkəran-2, Kürdəmir-3, Bərdə-2, Ağstafa, Saatlı-12, Saray-5, Saray-6, Sabirabad-4, Masallı (uzun), Cəlilabad, Ağdaş, Göyçay, İmişli) seçilmişdir. Onlardan yeni məhsuldar və keyfiyyətli sort almaq məqsədilə başlanğıc material kimi istifadə etmək məqsədamüvafiqdir.

Tədqiq edilən bütün əlamətlər üzrə genotiplərin variasiya analizinin nəticələri cədvəl 3.1-də verilmişdir. Eyni zamanda 11 əlamət üzrə orta qiymət müqayisəsi üçün LSD (List Signification Different - ən kiçik əhəmiyyətli dəyişkənlik) miqdarı 95 % etibarlılıqda həmin cədvəldə verilmişdir.

Azərbaycanın müxtəlif bölgələrinə aid yerli yemiş genotipləri arasında 11 biomorfoloji-kəmiyyət əlaməti əsasında əsaslı fərqin olub-olmadığını

müəyyənləşdirmək, onların genetik müxtəlifliyini müqayisə etmək və genotiplər arasındakı genetik məsafəni təyin etmək məqsədilə 48 yemiş genotipinin klaster analizi aparılmışdır. Tədqiq olunmuş yemiş genotipləri qurulmuş dendroqramda 4 qrupda qruplaşmışdır (Şəkil 3.2).

Dendroqrama nəzər saldıqda məlum olur ki, birinci klasterdə 14 yemiş genotipi qruplaşmışdır. Bu klasterdə Kürdəmir-4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 və 13, Saray-1, 2 və 3, Saatlı-12 və Saatlı-11, həmçinin Bərdə-2 genotipləri yerləşmişdir. Bu genotiplər arasında ən böyük oxşarlıq 0.563, 0.751, 0.845, 0.861 və 1.04 Evkilid genetik məsafə ədədi ilə uyğun olaraq Saray-1 ilə Saatlı-12, Kürdəmir-5 ilə Saatlı-11, Kürdəmir-8 ilə Saray-2, Kürdəmir-4 ilə Saray-1 və Kürdəmir-8 ilə Saray-12 genotipləri arasında qeydə alınmışdır. Eyni zamanda birinci qrup daxilində 148.089, 144.795 və 137.635 genetik məsafə indeksi ilə ən uzaq genetik məsafə müvafiq olaraq Kürdəmir-9 ilə Bərdə-2, Saatlı-12 ilə Bərdə-2 və Saray-2 ilə Bərdə-2 genotipləri aralarında müşahidə edilmişdir. Bu qrupda birləşən genotiplərdə digər qruplarla müqayisədə toxumun eni əlamətinin orta qiyməti yüksək olmuşdur.

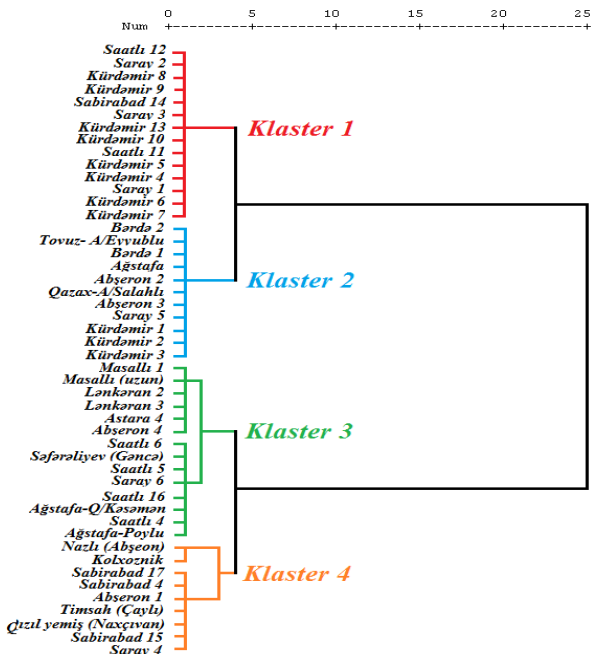
Cədvəl 3.1.

Öyrənilən əlamətlər üzrə RCBD üsulu əsasında variasiya analizinin nəticələri

s/s	Əlamətlər	Təkrar	Genotip	Xəta	LSD	C.V %
		1	49	49	% 95	-
1	Ə.T.U	2.958 ^{n.s}	243.878 ^{**}	1.833	2.65	6.38
2	Ə.I.TS	0.04 ^{n.s}	0.869 ^{**}	0.305	1.08	13.24
3	T.U.	0.049	0.946 ^{**}	0.121	0.681	3.98
4	T.E.	1.69	0.832 ^{**}	0.263	1	5.14
5	G.D.	0.152 ^{n.s}	0.222 ^{**}	0.058	0.47	2.1
6	M.E.	0.203 [*]	0.13 ^{**}	0.022	0.29	2.8
7	L.Q.	0.689 [*]	0.456 ^{**}	0.122	0.68	3.04
8	M.	0.238 ^{n.s}	25.2 ^{**}	0.318	1.1	2.65
9	Y.U.	2.18 ^{n.s}	10.45 ^{**}	2.18	1.45	7.85
10	Y.E.	0.0001 ^{n.s}	0.197 ^{**}	0.013	0.223	2.8
11	M.U.	0.245 ^{n.s}	16.33 ^{**}	0.306	0.542	3.97

İkinci klasterdə Bərdə-2, Tovuz-A/Eyyublu, Bərdə-1, Ağstafa, Abşeron-2, Qazax-A/Salahlı, Abşeron-3, Saray-4, Kürdəmir-1, Kürdəmir-2 və Kürdəmir-3 genotipləri qruplaşmışdır. Bu qrup daxilində Kürdəmir-1 ilə Kürdəmir-2 (GM=1.988), Bərdə-2 ilə Tovuz-A/Eyyublu (GM=2.941), Abşeron-2 ilə Qazax-A/Salahlı (GM=3.948) və eyni zamanda Abşeron-3

ilə Qazax-A/Salahlı (GM=5.19) ən oxşar genotiplər kimi qiymətləndirilmişdir. Lakin həmin qrup daxilində Evkilid genetik məsafə indeksinin 174.34, 140.07 və 131.49 qiymətləri ilə uyğun olaraq Kürdəmir-3 ilə Ağstafa, Kürdəmir-1 ilə Ağstafa və Kürdəmir-2 ilə Ağstafa genotipləri aralarında yüksək genetik məsafənin varlığı müəyyən edilmişdir. Tədqiqat zamanı ikinci qrupda yerləşən genotiplərin digər qruplarla müqayisədə uzun yarpaqlı olmaları qeydə alınmışdır.



Şəkil 3.2. Azərbaycanın yerli yemiş genotiplərinin biomorfoloji-kəmiyyət xüsusiyyətləri əsasında qruplaşması

Öyrənilən yemiş genotiplərinin 32%-i, yəni 14 genotip üçüncü klasterdə qruplaşmışdır. Bu qrupda Masallı-1, Masallı (uzun), Lənkəran-2, Lənkəran-3, Astarə-4, Abşeron-4, Saatlı-6, Səfərəliyev, Saatlı-5, Saray-6, Saatlı-16, Ağstafa-Q/Kəsmən, Saatlı 4 və Ağstafa-Poylu kimi yemiş genotiplərinə rast gəlmək mümkündür. Burada Evkilid məsafə indeksi ilə yüksək genetik məsafə 190.238, 171.649, 154.831, 143.092 və 134.102 qiymətləri ilə, uyğun olaraq, Lənkəran-2 və Ağstafa-Poylu, Lənkəran-3 və Ağstafa-Poylu, Masallı (uzun) və Ağstafa-Poylu genotipləri aralarında

olmuşdur. Eyni zamanda təcrübə zamanı üçüncü qrupda ən yaxın genetik məsafə 2.955, 3.382 və 4.636 indeksi ilə, müvafiq olaraq, Saatlı-16 və Ağstafa-Q/Kəsəmən, Saatlı-6 və Səfərəliyev, Lənkəran-2 və Lənkəran-3 genotipləri aralarında müəyyən edilmişdir. Ən maraqlı nəticədən biri bu olmuşdur ki, bu qrupda yerləşən genotiplərdə əlavə tağın sayı və həmçinin meyvənin uzunluğu əlamətinin orta qiyməti digər qruplarla müqayisədə daha yüksək olmuşdur.

Dördüncü, ən kiçik qrup isə 9 genotipi (Nazlı, Kolxoznitsa 749/753, Sabirabad-17, Sabirabad-4, Abşeron-1, Timsah, Qızıl yemiş, Sabirabad-15 və Saray-4) özündə birləşdirmişdir. Onlar arasında genetik məsafə baxımından ən yaxın genotiplər Sabirabad-17 və Sabirabad-20 (GM=4.247), Timsah və Qızıl yemiş (GM=5.484) genotipləri olmuşdur. Bu qrup daxilində 456.087, 387.269, 340.599, 324.817 və 311.171 Evkilid genetik məsafə indeksi ilə ən uzaq genetik fərq uyğun olaraq Nazlı ilə Abşeron-1, Sabirabad-4 ilə Nazlı, Sabirabad-17 ilə Nazlı, Timsah ilə Nazlı və Abşeron-1 ilə Kolxoznitsa 749/753 genotipləri aralarında müəyyən edilmişdir. Dördüncü qrupda yerləşən genotiplər ən məhsuldar genotiplər kimi qiymətləndirilmişdir.

Ümumiyyətlə, Azərbaycan mənşəli 48 yemiş genotipi arasında ən uzaq genetik məsafə Nazlı ilə Kürdəmir-9, Saatlı-12 ilə Sabirabad-14 genotipləri arasında qeydə alınmışdır.

Beləliklə, Azərbaycan mənşəli 48 yemiş genotipinin biomorfoloji-kəmiyyət əlamətləri əsasında yüksək genetik müxtəliflik qeydə alınmışdır ki, bu da yemiş genotiplərinin münasib valideyn formalar kimi gələcək seleksiya və digər genetik proqramların yerinə yetirilməsində istifadəsinə geniş imkanlar yaradır.

IV FƏSİL. YEMİŞ GENOTİPLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN MOLEKULAR MARKERLƏRLƏ TƏDQIQI

Azərbaycanda yemişin zəngin genetik ehtiyatları mövcud olsa da, bizə qədər onların biomüxtəlifliyinin molekulyar səviyyədə tədqiqi aparılmamışdır. Bu fəsildə 48 yerli yemiş genotipində genetik müxtəlifliyin 10 ISSR praymeri vasitəsilə qiymətləndirilməsinin nəticələri verilmişdir.

10 ISSR praymeri ilə ümumilikdə 41 allel sintez olunmuşdur ki, onlardan 6-sı monomorf, 35-i (toplam allellərin 85,4%) polimorf olmuşdur. Ən çox allel sintez edən ISSR-857 və UBC-860 praymerləri olmuşdur. Belə ki, onlar, müvafiq olaraq, 5 və 7 allelin sintezinə səbəb olmuşdur ki, bütün sintez olunmuş allellər 48 yemiş genotipində polimorfluğu aşkar edə

bilmişdir. ISSR-857 praymeri ilə müəyyən edilən genetik müxtəliflik indeksi 0,85-ə, UBC-860 ilə müəyyən edilən genetik müxtəliflik indeksi isə 0,94-ə bərabər olmuşdur. 100% polimorfluğu ilə seçilən digər praymerlər isə UBC-840 və ISSR-3 olmuşdur. Birinci halda sintez olunan 5, ikinci halda isə 4 allelin hamısı polimorf olmuşdur. Həmin praymerlər vasitəsilə nümunələr arasında aşkar olunan genetik müxtəliflik indeksi, müvafiq olaraq, 0,77 və 0,76-a bərabər olmuşdur. Ümumilikdə, 10 ISSR praymerinin müəyyən etdiyi polimorfluq dərəcəsi 50-100% arasında, genetik müxtəliflik indeksi isə 0,52-0,94 intervalında olmuşdur. Belə ki, 0,52 qiymətli ən zəif genetik müxtəliflik UBC-834 praymeri ilə, 0,94 qiymətli ən yüksək müxtəliflik isə UBC-860 praymeri ilə aşkar edilmişdir (cədvəl 4.1.).

Cədvəl 4.1.

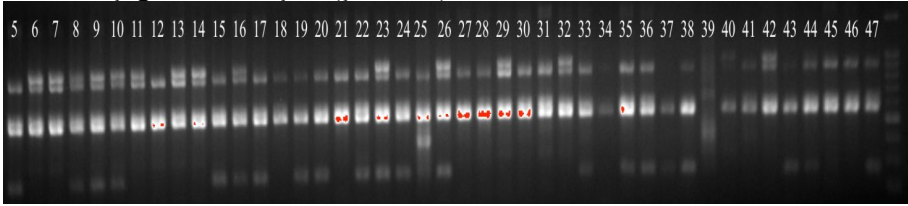
ISSR praymer, onlar vasitəsilə amplifikasiya olunmuş allellər və genetik müxtəliflik indeksi göstəriciləri

Praymerlər	PNA (5'3')	ƏT (T _m)	ÇFÜS	PBS	PD (%)	GMİ
UBC-840	(GA) ₈ T	47,4	5	5	100	0,77
UBC-888	TAC(CA) ₇	47,0	3	2	67	0,54
UBC-825	(AC) ₅ T	51,4	5	4	80	0,77
UBC-834	(AG) ₅ YT	49,2	4	3	75	0,52
ISSR-857	(AC) ₈ YT	53,1	5	5	100	0,85
UBC-860	(TG) ₅ RA	53,1	7	7	100	0,94
UBC-818	(CA) ₈ G	52,1	3	2	67	0,58
UBC-848	(CA) ₈ RG	50,6	3	2	67	0,67
ISSR-3	TGTA(CA) ₇	43,0	4	4	100	0,76
ISSR35	TCGA(CA) ₇	54,7	2	1	50	0,56
Orta qiymət			4,1	3,5	85,6	0,70

Qeyd: PNA- praymerlərin nukleodid ardıcılığı, ƏT- erimə temperaturu, ÇFÜS- çoxalmış fraqmentlərin ümumi sayı, PBS- polimorf bəndlərin sayı, PD- polimorfluq dərəcəsi, GMİ- genetik müxtəliflik ineksi.

Ən çox allel sintez edən praymer UBC-860 (7), ən az allel sintez edən ISSR-35 (2) olmuşdur. Hər praymerə görə orta polimorfluq dərəcəsi isə 85,6-ya bərabər olmuşdur. Amplifikasiya olunmuş allellərin orta sayı 4,1, polimorf allellərin orta qiyməti 3,5-ə, genetik müxtəliflik indeksinin orta qiyməti 0,70-ə bərabər olmuşdur. 10 ISSR praymeri ilə qoyulmuş PZR reaksiyasının məhsulları 1,2%-li agarozda gelində elektroforez edilmiş, alınmış profillər BioRad UV cihazında vizuallaşdırılaraq şəkilləri çəkilməmişdir. İstifadə olunan praymerlərlə alınmış elektroforetik şəkillərin

bəziləri aşağıda verilmişdir (şəkil 4.1).



Şəkil 4.1. ISSR-857 praymeri vasitəsilə sintez olunmuş allellərin elektroforeqramması

Nəticələr yerli yemiş genotipləri arasında zəngin müxtəlifliyin olmasını deməyə əsas verir. Əldə olunmuş nəticələr fərqli genotiplərin müəyyənləşdirilməsi, özək kolleksiyaların yaradılması, həmçinin öyrənilən genotiplərin seleksiya proqramlarında daha səmərəli və məqsədli şəkildə istifadə olunmasına imkan yaradır.

V FƏSİL. YEMİŞ HİBRİDLƏRİNİN ALINMASI VƏ TƏDQIQI

Tədqiqat göstərir ki, heterozis hibridlərin alınması üçün əsas məsələ başlanğıc materialın düzgün seçilməsidir. Hibridləşmə aparmaq üçün genetik məsafəsi uzaq olan sort genotiplərin götürülməsi məqsədəuyğundur. Hibridləşmə nəticəsində yüksək məhsuldar və keyfiyyətli əlamətlərə malik hibrid kombinasiyalar seçilmişdir. Müəyyən əlamətə görə bir-birindən fərqli yemiş genotipləri arasında hibridləşmə nəticəsində heterozis effektiv altı hibrid kombinasiya (*Kürdəmir-3 x Ağstafa*, *Saatlı-12 x Bərdə-2*, *Saray-2 x Bərdə-2*, *Lənkəran-2 x Ağstafa-Poylu*, *Lənkəran-2 x Sabirabad-4*, *Masallı-uzun x Ağstafa-Poylu*) müəyyənləşdirilmişdir.

Bizim təcrübəmizdə bütün öyrənilən əlamətlər üzrə birinci nəsil (F₁) hibridlər onların valideyn formalarından üstün nəticə göstərmişdir. Hibridlərin məhsuldarlığı valideyn formaların məhsuldarlığından 14-45% yüksək olmuşdur. Heterozis effektini hesablayarkən bir bitkidən əldə olunan məhsulun orta qiymətindən istifadə edilmişdir (cədvəl 5.1).

Hibrid kombinasiyalarda iştirak edən valideyn formaların orta məhsuldarlıq göstəricisi 1550-1850 q arasında dəyişir. Hibridlərdə ən aşağı göstərici 1950 q, ən yüksək göstərici isə 2420 q olmuşdur. Valideynlərin orta məhsuldarlıq göstəricisinin (VO) ən aşağı qiyməti 1625 q, ən yüksək qiyməti isə 1750 q-dır.

Heterozisin faizlə ifadəsi nə qədər yüksək olarsa, hibrid də bir o qədər qiymətli hesab olunur (Robinson R., 1999). Valideynlərin orta məhsuldarlıq göstəricisinə görə ən yüksək heterozis 40,41% olmaqla, *Lənkəran-2 x Ağstafa-Poylu* hibridində, ondan bir qədər aşağı isə 36,62%-lə *Saray-2 x Bərdə-2* hibridində alınmışdır. Ən aşağı heterozis isə 20,0% olmaqla, *Masallı-uzun x Ağstafa-Poylu* hibridindən əldə edilmişdir. Üstün valideynin məhsuldarlıq göstəricisinə görə heterobeltiosiz (heterozis) göstəricisi 36,0%-lə 14,70% arasında dəyişir. Ən yüksək heterobeltiozis *Lənkəran-2 x Ağstafa-Poylu* hibridində müşahidə olunmuşdur (36%). Məhsuldarlıq göstəricisinə görə də dörd hibrid nəzarət sortdan yüksək nəticə göstərmişdir. Ən yüksək məhsul verən isə *Lənkəran-2 x Sabirabad-4* hibridi olmuşdur.

Cədvəl 5.1.

Hibridlər və valideyn formalarında bir bitkinin orta məhsuldarlıq göstəricisinə görə heterozisin hesablanması

Valideyn formalar		Orta məhsul (q/bitki)			VO (q/bitki)	Heterozis (%)	Heterobeltiozis (%)
Ana	Ata	Ana	Ata	F ₁		VOHG	ÜVHG
Kürdəmir-3	Ağstafa	1800	1700	2300	1750	31.42	27.77
Saatlı-12	Bərdə-2	1730	1760	2100	1745	20.34	19.31
Saray-2	Bərdə-2	1680	1760	2350	1720	36.62	33.52
Lənkəran-2	Ağstafa-Poylu	1750	1640	2380	1695	40.41	36.0
Lənkəran-2	Sabirabad-4	1810	1850	2420	1830	32.24	30.81
Masallı-uzun	Ağstafa-Poylu	1700	1550	1950	1625	20.0	14.70

Şəkərin və suda həll olan quru maddənin miqdarına, bir meyvənin orta kütlə göstəricisinə, məhsuldarlıq göstəricisinə, həm də rentabellik səviyyəsinə görə birinci nəsil hibridlər valideyn formalardan yüksək nəticə göstərmişdir.

F₁ hibridlərdən gələcəkdə yüksək məhsuldar, keyfiyyətli, xəstəlik və zərərvericilərə qarşı davamlı sortların alınması məqsədilə tədqiqat işi davam etdirilmişdir. İkinci nəsil yemiş hibridləri Kolxoznitsa 749/753 (nəzarət) sortu ilə müqayisəli öyrənilmişdir. İkinci nəsil hibridlərdə birinci nəsil hibridlərdən fərqli olaraq, parçalanma baş vermiş, məhsuldarlıq 20-30% aşağı düşmüşdür.

Tədqiqatın nəticəsi olaraq demək olar ki, ikinci nəsil (F₂) yemiş hibridlərindən *Lənkəran-2 x Ağstafa-Poylu* və *Masallı-uzun x Ağstafa-*

Poylu hibrid kombinasiyalarından alınmış hibridlər həm məhsuldarlığına, həm də dad keyfiyyətinə görə nəzarət sortdan aşağı nəticə göstərmişdir. Digər üç hibridin (*Kürdəmir-3 x Ağstafa*, *Saray-2 x Bərdə-2* və *Lənkəran-2 x Sabirabad-4*) dadı şirin, bir hibridin (*Saatlı-12 x Bərdə-2*) dadı isə çox şirin kimi qiymətləndirilmişdir.

İkinci nəsil yemiş hibridlərindən dördü seçilərək toxum materialı götürülmüşdür. Bunlar *Kürdəmir-3 x Ağstafa*, *Saatlı-12 x Bərdə-2*, *Saray-2 x Bərdə-2* və *Lənkəran-2 x Sabirabad-4* hibridləridir.

NƏTİCƏ

1. Genotiplər arasında məhsuldarlığa (20.32%) və meyvələrin uzunluğuna (17.35%) görə variasiya əmsalinin yüksək, məhsuldarlıq əlamətinə görə irsiliyin 0.96-ya bərabər olması müəyyənləşdirilmişdir.

2. İlk dəfə olaraq, yemiş genofondunun genetik müxtəlifliyinin molekulyar markerlərlə qiymətləndirilməsi zamanı istifadə edilən 10 ISSR praymerindən ISSR-857 və UBC-860 praymerlərinin genetik müxtəliflik indeksinin, uyğun olaraq, 0,85 və 0,94-ə, indeksin orta qiymətinin isə 0,70-ə bərabər olması müəyyən edilmişdir ki, bu da Azərbaycan mənşəli yemiş genotipləri arasında yüksək genetik müxtəlifliyin olduğunu göstərir.

3. İlk dəfə olaraq, yemiş genotiplərində biomorfoloji kəmiyyət göstəricilərinə əsasən əlamətlərarası asılılıqlar müasir statistik metodlarla öyrənilmiş, yarpağın uzunluğu və meyvənin eni əlamətlərinin məhsuldarlığa kompleks olaraq birbaşa müsbət təsir etdiyi müəyyən edilmişdir.

4. Meyvələrin iriliyini, şəkərin miqdarı və məhsuldarlıq əlamətlərinə görə heterozis effekti yaradan hibrid kombinasiyalar seçilmişdir.

5. *Kürdəmir-3 x Ağstafa*, *Saatlı-12 x Bərdə-2*, *Saray-2 x Bərdə-2*, *Lənkəran-2 x Sabirabad-4* kombinasiyalarından alınmış F₂ nəsil hibridlərinin göstəriciləri (şəkərin miqdarı, dad keyfiyyəti, bir meyvənin orta kütləsi və məhsuldarlıq) nəzarət Kolxoznitsa 749/753 sortundakından yüksək olmuşdur.

6. Biomorfoloji əlamətlər və ISSR markerlər arasında statistik əhəmiyyətli korrelyasiya ($r=0.012$) aşkar olunmamışdır.

TÖVSIYƏ

1. Yemiş genofondunun təsərrüfat qiymətli əlamətlərə görə beynəlxalq deskriptorlarla kompleks qiymətləndirilməsi nəticəsində nəzarət sortu

(Kolxoznitsa 749/753) və digər nümunələri üstələyən 17 genotipin (Nazlı, Timsah, Şahnəzər, Turacı, Lənkəran-2, Kürdəmir-3, Bərdə-2, Ağstafa, Saatlı-12, Saray-5, Saray-6, Sabirabad-4, Masallı (uzun), Cəlilabad, Ağdaş, Göyçay, İmişli) və yeni alınmış hibrid formalarından gələcəkdə yeni keyfiyyətli və məhsuldar sortların alınması məqsədilə seleksiya işlərinin aparılmasında qiymətli başlanğıc material kimi istifadəsi məqsədmüvafiqdir.

2. Biomorfoloji-kəmiyyət əlamətləri əsasında aparılmış klaster analizi və molekulyar analizin nəticələri genotiplər arasındakı genetik məsafələri təyin etməklə, nümunələr arasındakı çarpazlaşmaları proqnozlaşdırmağa imkan verir.

3. UBC-860, UBC-840, ISSR-857, ISSR-3 praymerləri yemiş genotipləri arasında DNT polimorfizminin qiymətləndirilməsində ən effektiv praymerlərdir.

Dissertasiya mövzusu üzrə dərc olunmuş elmi işlərin siyahısı

1. Həsənov S., Ələsgərova T., Quliyev N. Azərbaycan Respublikası ərazisində yayılmış tərəvəz və bostan bitkilərinin inventarlaşdırılması və genofondunun yaradılması // AMEA-nın Naxçıvan Bölməsi. Naxçıvan: "Tusi", 2006, № 5, s.136-139

2. Əkrərov Z.İ., Həsənov S.R., Quliyev N.Ə. Xəndəlki (*C.melo Chandalak* Pang.) yemişlərinin filogenezi, Azərbaycanda qeyd alınmış yeni sortlarının biomorfoloji əlamətləri // AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri. Bakı, 2010, II cild, s.254-259

3. Əkrərov Z.İ., Həsənov S.R., Namazova Ç.T., Quliyev N.Ə. Tərəvəz və bostan bitkiləri genetik ehtiyatlarının toplanması və pasportlaşdırılması // AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri. Bakı, 2012, IV cild, s.167-175

4. Quliyev N.Ə. Azərbaycanın yerli yemiş genotiplərinin toplanması və tədqiqi // AMEA Mərkəzi Nəbatət Bağının əsərləri. Bakı, 2013, XI cild, s. 324-326

5. Quliyev N.Ə. *Cucumis melo* L. növünün Azərbaycanda yayılmış genotipləri / AMEA-nın Torpaqşünaslıq və Aqrokimya İnstitutu, "Heydər Əliyevin torpaq islahatları ərzaq təhlükəsizliyinin təminatıdır" mövzusunda elmi-praktiki konfrans. Bakı, 2013, XXI cild, № 1, s. 400-401

6. Quliyev N.Ə. Azərbaycanın müxtəlif yemiş (*Cucumis melo* L.) genotiplərinin beynəlxalq deskriptora əsasən qiymətləndirilməsi //

Azərbaycan Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun əsərləri. Bakı, XXVI cild, 2015, s.91-94

7. Quliyev N.Ə., Ocaqi C.M., Şərifova S.S., Abbasov M.Ə. Azərbaycan mənşəli yemiş genotiplərinin biomorfoloji-kəmiyyət əlamətləri əsasında tədqiqi / BDU, "Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri" mövzusunda VI Beynəlxalq Elmi Konfransın materialları. Bakı, 2016, s.142

8. Кулиев Н.А., Алиева З.А. Сбор, оценка и обогащение генофонда образцов дыни (*Cucumis melo* L.) // Агрэкологический вестник. Выпуск 8: Международный сборник научных трудов. Ч. I. Воронеж: ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ, 2017, с. 252-258

9. Quliyev N.Ə. Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış yemiş genotiplərinin biomorfoloji əlamətləri və təsərrüfat göstəriciləri // Azərbaycan Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun əsərləri. Bakı, 2017, XXVIII cild, s.73-75

10. Кулиев Н.А., Гусейнзаде Г.А. Получение и исследование гибридов дыни // Вестник Крас. ГАУ. Выпуск 11, 2017, с.16-20

11. Quliyev N.Ə. Müxtəlif bölgələrdən toplanmış yemiş genotiplərinin Abşeron şəraitinə qiymətləndirilməsi / BDU, "Ekologiya: Təbiət və cəmiyyət problemləri" mövzusunda III Beynəlxalq Elmi Konfransın materialları. Bakı, 2017, s.239-240

12. Niyazi Guliyev, Saida Sharifova, Javid Ojaghi, Mehraj Abbasov, Zeynal Akparov. Genetic diversity among melon (*Cucumis melo* L.) accessions revealed by morphological traits and ISSR markers // Turk J. Agric. For. (2018) 42: © TÜBİTAK doi:10.3906/tar-1707-18 (Çapdadır).

ОЦЕНКА И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ ГЕНОТИПОВ ДЫНИ (*CUCUMIS MELO L.*) АЗЕРБАЙДЖАНСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ

Было собрано 60 генотипов дыни распространяющихся в различных регионах Азербайджана и отличающихся по биоморфологическим признакам. Для определения отличающихся признаков, для сравнения генетических разнообразий и определения генетическую близость у 48 образцов, методами Ward и UPGMA, и способом определения генетического расстояния по Эвклиду, на основе 11 биоморфологическо-количественным признакам был проведен кластерский анализ и это дает возможность прогнозировать результат скрещивания. Изучением генетического разнообразия на основе биоморфо - количественных признаков 48 образцов местного происхождения было зарегистрировано высокое генетическое разнообразие и это дает возможность использовать эти образцы в селекции как родительские формы и использование в других генетических программах. Продукты реакций проведенных PZR поставленные плаймерами 10 ISSR подвергались электрофарезу в геле 1,2% агарозы. Профили, полученные с помощью прибора BioRad UV были сфотографированы. С помощью плаймера 10 ISSR было проведено 41 аллельных синтез. Из них 6 были мономорфами, а 35 полиморфами. Полиморфные аллели составляли 85,4 %. Плаймеры ISSR-857 вэ UBC-860 были самыми продуктивными синтезирующими аллелов. Между генотипами выбранными по некоторым признакам были получены следующие гибриды: *Курдамир-3 х Акстафа*, *Саатлы-12 х Барда-2*, *Сарай-2 х Барда-2*, *Ленкорань-2 х Акстафа-Пойлу*, *Ленкорань-2 х Сабирабад-4*, *Масаллы-узун х Акстафа-Пойлу*. Полученные гибриды, в первый год с родительскими формами, а во второй год с контрольным сортом (Колхозница) были применены сравнительным образом. Гибриды дыни (F₁) по всем показателям показали высокие результаты, по сравнению с родительскими формами. А самый высокий урожай был получен из гибридов *Ленкорань-2 х Сабирабад-4*. Из (F₂) гибридов: Гибриды *Ленкорань-2 х Акстафа-Пойлу* и *Масаллы-узун х Акстафа- Пойлу* и по урожайности и по вкусовым показателям показали низкие результаты, чем контрольный гибрид.

**EVALUATION AND USAGE IN BREEDING OF MELON
(*CUCUMIS MELO* L.) GENOTYPES WITH AZERBAIJAN ORIGIN**

It was collected 60 melon genotypes from Azerbaijan's various regions in accordance with different biomorphological traits. In vegetation time, characters were evaluated and selected appropriately to international melon descriptors. To determine the main distinguishing characteristics, to compare genetic varieties and to determine the genetic affinity between the samples in 48 samples, taking into account 11 biomorphologic-quantitative characteristics and using the methods of Ward and UPGMA, as well as the method of determining the genetic distance according to Euclid, among the spreading melon samples in various regions of Azerbaijan On the basis of biological and quantitative traits, a cluster analysis was carried out.

The study of the genetic distance between genetics using cluster analysis, makes it possible to predict the result of crossing samples and to achieve success in this direction. PCR reactions products by used 10 ISSR primers were analyzed in 1.2 agarose gels and obtained profiles were visualised by Bio-Rad UV apparatus with its taking photos.

In general, with 10 ISSR primers 41 alleles were synthesized that 6 of them were monomorphic, 31 were polymorphic. The number of polymorphic alleles has been 85,5 percent of whole alleles. Most alleles have been synthesized primers by ISR-857 and UBC-860 primers.

Parents with having some features were selected and crossed. These are the followings: *Kurdemir-3 x Agstapha*, *Saatli-12 x Barde-2*, *Saray-2 x Barde-2*, *Lenkeran-2 x Agstapha-Poylu*, *Lenkeran-2 x Sabirabad-4*, *Masalli-uzun x Agstafa-Poylu*.

A study was investigated to compare the first offspring hybrids (F1) with their parents, and the second offspring hybrids (F2) with testers (Kolkhoznitsa). The first offspring hybrids showed highly significant results than their parental forms.

In the study, cross combination *Lənkəran-2 x Sabirabad-4* manifested higher yield per plant. The second offspring hybrid combinations *Lenkeran-2 x Agstafa-Poylu* and *Masalli-uzun x Agstafa-Poylu* displayed less yield per plant and fruit taste quality than testers.

На правах рукописи

Ниязи Аваз оглы Кулиев

**ОЦЕНКА И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ ГЕНОТИПОВ
ДЫНИ (*Cucumis melo* L.) АЗЕРБАЙДЖАНСКОГО
ПРОИСХОЖДЕНИЯ**

3103.04 – селекция и семеноводство

Автореферат

**диссертации представленной на соискание ученой степени
доктора философии по биологии**

Баку - 2018