

**AZƏRBAYCAN MİLLİ ELMLƏR AKADEMİYASI  
BOTANİKA İNSTİTUTU**

---

*Əlyazması hüququnda*

**SƏİDƏ QASIM QIZI HƏSƏNOVA**

**NOXUD (*CICER ARIETINUM* L.) BİTKİSİNDƏ  
NÖVDAXİLİ POLİMORFİZMİN  
ÖYRƏNİLMƏSİ**

**2409.01- Genetika**

Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru elmi dərəcəsi  
almaq üçün təqdim olunmuş dissertasiyanın

**AVTOREFERATI**

**BAKI – 2015**

Dissertasiya işi Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun “Dənli-taxıl və paxlalı bitkilər” şöbəsində yerinə yetirilmişdir.

**Elmi rəhbər: Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru Ə.Ç.Məmmədov**

**Rəsmi opponentlər: b.e.d. prof. R.T. Əliyev  
b.ü.f.d. N.Ş.Mustafayev**

**Aparıcı təşkilat: Bakı Dövlət Universitetinin Genetika və  
təkamül təlimi kafedrası**

Dissertasiyanın müdafiəsi «17 \_\_» «\_\_04\_\_\_\_» 2015-ci il saat \_\_ da AMEA Botanika İnstitutunun D.01.061. Dissertasiya Şurasının yığıncağında keçiriləcəkdir.

Ünvan: Bakı şəhəri, AZ1073, Badamdar yolu, 40

Dissertasiya ilə AMEA Botanika İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Dissertasiyanın avtoreferatı «\_\_» «\_\_\_\_\_» 2015-ci il tarixində göndərilmişdir.

**D.01.061. Dissertasiya Şurasının  
elmi katibi, Biologiya elmləri  
doktoru, professor**

**S.C.İBADULLAYEVA**

## GİRİŞ

**Mövzunun aktuallığı:** Son yüzillikdə dünya miqyasında iqlimin istiləşməsi və temperaturun yüksəlməsi gözlənilir ki, bu da bütün dünyada olduğu kimi Respublikamızda da quraqlıq ərazilərin və ərzaq çatışmazlığının sürətlə artacağını proqnozlaşdırmağa imkan verir. Ərzaq çatışmazlığı probleminin həlli üçün 2001-ci ildə “Azərbaycanın ərzaq təhlükəsizliyi“, 2008-ci ildə “Azərbaycanda əhalinin ərzaqla etibarlı təminatı” və digər dövlət proqramları qəbul edilmişdir. Qeyd olunan proqramların yerinə yetirilməsi quraqlıq stresinə məruz qalmış əkin sahələrində becərilmə üçün quraqlığa davamlı və yüksək məhsuldar genotiplərin müəyyən olunmasını, yeni genotiplərin yaradılmasını daha da aktuallaşdırır. Bu məqsədlə müxtəlif mənşəyə malik olan dünya kolleksiyası nümunələri və yerli nümunələr toplanaraq öyrənilməli, seleksiya yolu ilə əlverişli sortlar yaradılmalıdır [Geçit, 2001].

Bütün dünyada olduğu kimi respublikamızda da ərzaq təhlükəsizliyinin təmin edilməsində zülal, karbohidrat və minerallarla zəngin olan noxud xüsusi yer tutur. Əsasən dəmyə şəraitində becərilən bu bitki suya az tələbkar olduğundan quraq ərazilər üçün ən perspektivli bitkilərdən biri hesab olunur. Odur ki, bu bitkinin quraqlığa davamlı, hündür boylu, yüksək paxla və toxum sayına malik məhsuldar genotiplərinin seçilməsi, eyni zamanda genotiplərin məhsuldarlığının və iqtisadi səmərəliliyinin artırılması zəruridir. Həmçinin quraqlığa davamlılığın genetik cəhətdən öyrənilməsi seleksiya üçün əhəmiyyətli genotiplərin aşkar olunmasına zəmin yaradır [Mirzəyev, 2010].

Son dövrlərdə RAPD, ISSR, SSR və s. molekulyar markerlərin inkişaf etməsi, onların biologiya və kənd təsərrüfatına tətbiqi aktual olub, xüsusilə də bitkilərin genotipləri arasındakı polimorfizmin təyininə geniş şəkildə istifadə olunur. Polimorfizmi fərqli yollarla üzə çıxaran bu metodların kompleks şəkildə istifadəsi isə bitki genomunun strukturu haqqında daha geniş informasiya almağa imkan verir [Arora, 2002; Steffan, 1991; Singh, 1998]. Bu markerlərlə aparılan analizlərin nəticələrinin müasir statistik metodlarla işlənməsi isə tədqiqatın etibarlılığını artırır. Xüsusi kompüter proqramlarının köməyi ilə statistik metodlardan istifadə

edərək daha asan və tez bir zamanda nəticələr analiz edilərək təhlil oluna bilər. Bütün bunları nəzərə alaraq noxudun genetik polimorfizminin tədqiqində qeyd olunan metodlardan kompleks şəkildə istifadə olunmuşdur.

**Dissertasiyanın müdafiyyə çıxarılan əsas müddələri :**

1. Məhsuldarlıq elementlərinin və bu elementlərlə stress şəraitindəki məhsuldarlıq arasındakı korrelyasiyanın öyrənilməsi;
2. Genom səviyyəsində müxtəlif tip markerlərdən istifadə etməklə genotiplər arasında polimorfizmin müəyyən olunması;
3. Fenotipik əlamətlər və DNT markerləri əsasında qurulmuş klaster analizlərinin nəticələrinin müqayisəsi;

**Tədqiqatın məqsədi və vəzifələri:** Dissertasiya işində əsas məqsəd müxtəlif mənşəli noxud genotiplərində məhsuldarlıq elementləri, quraqlığa davamlılıq və molekulyar markerlər əsasında polimorfizmin tədqiq edilməsindən ibarətdir. Bu məqsədlə aparılan tədqiqatlar zamanı aşağıdakı vəzifələr qarşıya qoyulmuşdur:

- Noxud bitkisinin əsas məhsuldarlıq elementlərinin tədqiqi, genotiplərin məhsuldarlıq elementləri əsasında qruplaşdırılması və perspektiv nümunələrin seçilməsi;
- Tarla şəraitində quraqlığa davamlılığın öyrənilməsi və genotiplərin tolerantlıq indeksləri əsasında qruplaşdırılması;
- Genom DNT səviyyəsində RAPD, ISSR və SSR markerlərlə polimorfizmin tədqiqi;
- Genetik oxşarlıq və genetik məsafə indeksləri əsasında noxud genotiplərinin qruplaşdırılması;
- Kəmiyyət göstəriciləri, RAPD, ISSR və SSR markerləri əsasında tərtib olunmuş matrislər arasında korrelyasiyanın tədqiqi.

**Elmi yeniliklər:** İlk dəfə olaraq Azərbaycanın müxtəlif rayonlarından toplanmış noxud genotipləri üzərində biomorfoloji, RAPD, ISSR və ən perspektivli markerlərdən hesab olunan SSR marker analizləri kompleks şəkildə aparılmış və nəticədə nümunələr arasında yüksək polimorfizm dərəcəsi aşkar edilmişdir. Genotiplər arasındakı genetik məsafə və genetik oxşarlıq əmsalları əsasında genotiplərin genetik qohumluq dərəcəsi müəyyən edilmişdir. UBC 880 ISSR praymeri ilə yalnız quraqlığa davamlı genotiplərdə 630 n.c. uzunluğunda bir spesifik amplitkonun sintezi müəyyən olunmuşdur. Bundan əlavə, ilk

dəfə olaraq, tolerantlıq indeksləri və müxtəlif məhsuldarlıq elementləri əsasında yerli noxud genotiplərinin quraqlığa davamlılığı statistik metodların köməyi ilə tədqiq edilmiş və 62 genotip arasında 35.5% quraqlığadavamlı genotiplər aşkar edilmişdir.

**İşin praktik dəyəri:** Tədqiq olunmuş noxud genotiplərində çoxölçülü statistik metodlarla biomorfoloji-kəmiyyət göstəriciləri arasından məhsuldarlığa təsir edən və ya əlaqəli əlamətlərin müəyyən edilməsi seleksiya sahəsində əhəmiyyətli olub, məhsuldarlığın yüksəldilməsi üçün həyata keçiriləcək tədbirləri müəyyən etməyə imkan verir. Sahə və molekulyar-genetik tədqiqatlardan əldə edilmiş nəticələr quraqlığa davamlı, hündür boylu, məhsuldar sortların yaradılmasında geniş şəkildə istifadə oluna bilər. Genotiplərin genetik polimorfizmi haqqında informasiya seleksiya zamanı oxşar noxud genotiplərinin hibridləşmədə istifadəsinin qarşısını ala bilər və müəyyən olunan quraqlığa davamlı genotiplər aparılan seleksiya işlərində donor kimi istifadə oluna bilər.

Genetik müxtəlifliyin molekulyar səviyyədə tədqiqi zamanı RAPD, ISSR və SSR markerlərlə əldə olunan nəticələr noxud genotiplərinin dəqiq təsnifatında, pasportlaşmasında faydalı ola bilər. UBC 880 praymeri ilə sintez olunmuş 630 n.c. uzunluğunda olan ampikon SCAR praymerə çevirdikdən sonra ondan quraqlığa davamlı noxud genotiplərinin skriningində spesifik marker kimi istifadə etmək olar.

**Aprobasiya:** Dissertasiya işinin əsas nəticələri AMEA aspirantlarının illik konfransında (2009), Bakı Dövlət Universitetinin Biologiya fakültəsində “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda keçirilən III Beynəlxalq Elmi Konfransda (2013), BDU-nun “XXI əsrdə Ekologiya və torpaqsünaslıq elmlərinin aktual problemləri” mövzusunda keçirilən elmi konfransda (2013) və Qafqaz Universitetində keçirilən “Gənc alimlərin elmi tədqiqatları” (2013) adlı beynəlxalq konfransda və AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun laboratoriya və elmi seminarlarında məruzə edilmiş və ətraflı müzakirə olunmuşdur.

**Nəşrlər:** Dissertasiya işinə aid 13 elmi iş nəşr olunmuşdur.

**Dissertasiyanın quruluşu və həcmi:** Dissertasiya işi giriş, 5 fəsil, yekun, nəticə, tövsiyələr və istifadə edilmiş ədəbiyyat siyahısından ibarət olmaqla, ümumi həcmi 157 səhifədən ibarətdir. İşdə 41 cədvəl

və 30 şəkildən istifadə edilmişdir. Tədqiqat işində 221 ədəbiyyat məlumatına istinad edilmişdir ki, onun da 212-si xarici nəşrdir.

## 2. TƏDQIQATIN MATERIALI VƏ METODLARI

Tədqiqat obyektini olaraq nümunələr Azərbaycanın müxtəlif rayonlarından toplanmış və ICARDA beynəlxalq mərkəzindən introduksiya olunaraq Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Genbankında qorunub saxlanılan noxud (*Cicer arietinum* L.) genotiplərindən istifadə edilmişdir.

Nümunələr Abşeron ərazisində suvarma və süni quraqlıq şəraitində, Cəlilabad rayonunda isə dəmyə şəraitində becərilmiş, əsas məhsuldarlıq elementlərinə (bitkinin hündürlüyü, 1 bitkidə olan toxumların sayı, 1 bitkidə olan toxumların kütləsi və s.) görə variyasiya, korrelyasiya, Path, PCA və klaster analizləri aparılmışdır. Genotiplərin quraqlığa davamlılığını təyin etmək üçün məhsuldarlıq (OHM, MP) və tolerantlıq (SHI, Tol, QTI) indeksləri tərtib edilmiş, nümunələr quraqlığa davamlılığına görə qruplaşdırılmışdır. Noxud nümunələri arasındakı genetik məsafə və genetik yaxınlıq RAPD, ISSR və SSR markerlər əsasında qiymətləndirilmişdir. CTAB protokolu əsasında genotiplərdən DNT ekstraksiya edilmiş (Rocers, 1985), qeyd olunan praymerlər vasitəsilə PZR reaksiyası aparılmışdır. Alınmış PZR məhsulları 1.8%-li aqaroza gelində (RAPD və ISSR) və Fraqment analiz aparatında (SSR) elektroforetik analiz edilmişdir. Analizin nəticələri SPSS və NTSYS kompüter proqramlarının köməyi ilə statistik təhlil edilmişdir. Genetik müxtəliflik əmsalı Veyr (1990), genetik oxşarlıq əmsalı Jaccard, Genetik məsafə indeksi isə Nei (1979) formulu əsasında hesablanmışdır [Rohlf, 2000]. Aqronomik göstəricilər, RAPD və ISSR markerləri üçün klaster analizi UPGMA metodu əsasında SPSS, SSR praymerlərlə klaster analizi isə NTSYS proqram paketinin SİMQUAL modulu ilə həyata keçirilmişdir. Morfoloji və molekulyar markerlər əsasında tərtib olunmuş matrislər Mantel testi (1967) vasitəsilə müqayisə olunmuşdur.

### **3.TƏDQIQAT İŞİNİN ƏSAS NƏTİCƏLƏRİ VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ**

#### **3.1. Tarla şəraitində noxud nümunələrinin məhsuldarlıq elementlərinə görə qiymətləndirilməsi**

Mənşəyi müxtəlif olan noxud genotipləri 2 il boyunca 3 müxtəlif eksperimental şəraitdə becərilmiş, nümunələrin struktur elementləri analiz olunaraq, alınmış nəticələr illər üzrə təhlil edilmişdir. Hər il üzrə genotiplərdə tədqiq olunan məhsuldarlıq elementlərinə görə yüksək variasiya qeydə alınmışdır. Bir bitkidə toxumun kütləsi, toxumların sayı və paxlaların sayı əlamətlərində variasiya əmsalının qiyməti daha yüksək olmuşdur.

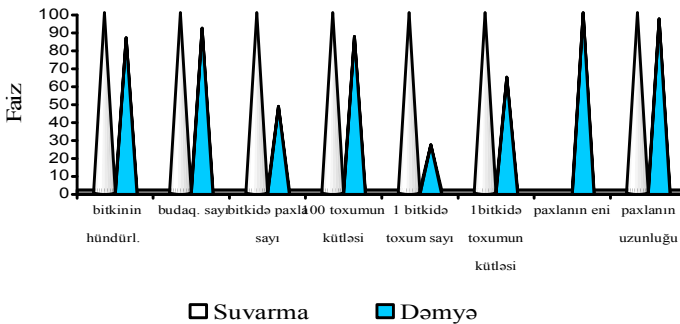
Təcrübi şərait üçün müxtəlif məhsuldarlıq elementləri arasında korrelyasiya 2 təkrardan alınmış orta qiymət əsasında hesablanmışdır. Nəticədə hər iki ildə 1 bitkidə olan toxumun kütləsi ilə paxlaların sayı və bitkidəki toxumların sayı arasında, eləcə də bitkinin hündürlüyü ilə bitkidə olan toxumların sayı və kütləsi, paxlaların sayı və məhsuldar budaqların sayı arasında orta statistik əhəmiyyətli ( $P<0.01$ ) korrelyasiya qeydə alınmışdır.

Öyrənilən kəmiyyət göstəriciləri əsasında klaster analizi aparılmış (şəkil 3.1), tərtib olunmuş dendroqramda noxud genotipləri 3 klasterdə qruplaşmış, hər bir klasterə daxil olan genotiplərin sayı və mənşəyi müxtəlif olmuşdur. Birinci klasterə daxil olan nümunələr (Lənkəran 1, Lənkəran 2, Flip 03-48, Nərmin, Flip 03-34, Flip 06-28) orta boylu, yüksək məhsuldar, ikinci klasterə daxil olan nümunələr (Cəlilabad 50, Flip 04-4, Ağstafa 42, Ağstafa 35, Ordubad 47, Flip 06-8, Flip 06-169 və s.) orta boylu, orta toxum sayına malik, orta məhsuldar, üçüncü klasterdə yerləşmiş Yardımlı 28, Flip 06-61, Ordubad 39, Flip 03-21, Flip 23-04, Flip 02-88, Flip 03-71, Flip 04-35, Flip 03-27, Flip 06-144 isə hər iki ildə aşağı məhsuldarlıq həddi göstərmiş və alçaq boylu, az məhsuldar qrup kimi qiymətləndirilmişdir. Nəhayət, dördüncü klasterdə yerləşən Sultan, Ağstafa 42, Flip 97-32, Şamaxı 25, Flip 97-81, Flip 00-19, Ağdaş 18, Flip 98-23 nümunələrində bitkinin hündürlüyü orta göstəricidən 17%, toxumun kütləsi orta göstəricidən 46.3%, paxlaların sayı 36.8%,

toxumun sayı isə 38.3% yüksək olduğundan bu qrup hündür boylu, yüksək paxla və toxum sayına malik, yüksək məhsuldar qrup kimi qiymətləndirilmişdir.

### 3.2 Müxtəlif mənşəli noxud nümunələrinin quraqlığa davamlılığının tədqiqi

Tədqiq olunan noxud genotiplərinin quraqlığa davamlılığını öyrənmək məqsədilə nümunələr 2009-2010-cu ildə birbaşa təbii dəmyə şəraitində (Cəlilabad rayonu), 2010-2011-ci ildə isə süni quraqlıq şəraitində becərilmiş (Abşeron rayonu) və suvarma şəraitində müqayisəli qiymətləndirilmişdir.



Şəkil 3.2.1 Suvarma və dəmyə şəraitində becərilmiş noxud nümunələrinin məhsuldarlıq elementlərində müşahidə olunan dəyişmələr.

Noxud genotiplərinin suvarma şəraitindəki potensial məhsuldarlığı (Yp) və digər məhsuldarlıq elementləri ayrı-ayrı illərdə əhəmiyyətli dərəcədə fərqlənmişdir. Diaqramdan görüldüyü kimi, quraqlıq şəraitində su stresinə ən həssas göstəricilər 1 bitkidəki paxla və toxum sayı, toxumun kütləsi olmuşdur. 100 toxumun kütləsi, məhsuldar budaqların sayı, paxlanın eni və uzunluğu isə nisbi stabil əlamət kimi qeyd alınmışdır (şəkil 3.2.1).

Tolerantlıq indeksləri əsasında klaster analizi genotipləri bir-birindən kifayət qədər fərqlənən 3 əsas qrupa bölmüşdür. Qeyd olunmalıdır ki, TOL və SHI-nin kiçik, qalan göstəricilərin isə yüksək qiyməti məhsuldar və davamlı genotipləri xarakterizə edir.



Birinci klaster genotiplərin 46.8%-ni əhatə etməklə 2 yarımqrupa (IA və IB) ayrılmışdır. IA yarımqrupunda yerləşən 26 nümunə orta məhsuldar və davamsız, IB yarımqrupunda yerləşmiş iki nümunə (Flip 02-88, Flip 04-35) az məhsuldar və davamsız, II C yarımqrupunda yerləşən nümunələr (Yardımlı 28, Flip 06-61, Flip 03-21, Qusar 43, Masallı 51, Flip 23-04, Flip 03-34, Flip 03-71, Flip 03-77) az məhsuldar və orta davamlı, II D klasterində yerləşən 16 nümunə (Flip 97-24, Ordubad 39, Yardımlı 27, Flip 03-27 və s.) hər iki, xüsusən, stress şəraitində becərilmə üçün münasib olub quraqlığa davamlı, III klasterdə yerləşən Ağstafa 42, Flip 98-23 nümunələri yüksək məhsuldar və həssas nümunələr kimi qiymətləndirilmişdir.

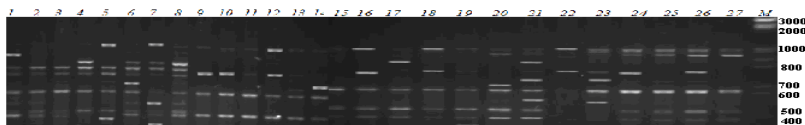
IV klasterdə yerləşən Sultan, Flip 00-19, Flip 97-32, Ağdaş 19, Flip 97-81 nümunələrində OHM, MP və QTİ-in orta qiymətləri ümumi orta göstəricidən müvafiq olaraq 34-44% yüksək olmuş, TOL və SHİ-lərinin qiymətləri müvafiq olaraq 5.6 və 0.8-ə bərabər olmuşdur. Bu yarımqrupda yerləşən nümunələr yüksək məhsuldar və quraqlığa davamlı nümunələr kimi qeydə alınmışdır.

Bələliklə, tədqiqatın yekun nəticələrinə görə genotiplərin 35.5 % davamlı, 48.4 % davamsız və 14.5% isə orta davamlı kimi qiymətləndirilmişdir. Sultan, Flip 00-19, Yardımlı 27, Flip 97-32, Flip 97-81, Flip 03-27 və Ağstafa 35 genotipləri quraqlıq zonalarda əkilməsi və eyni zamanda quraqlığa davamlı məhsuldar sortların yaradılmasında istifadəsi tövsiyə olunmuşdur.

### **3.3.Genetik müxtəlifliyin RAPD markerləri əsasında tədqiqi**

Genotiplər arasında genetik müxtəlifliyin tədqiqi zamanı polimorf praymerləri tapmaq üçün 5 noxud nümunəsində 30 RAPD praymerdən istifadə olunaraq genom DNT ilə PZR analizi aparılmışdır. Tədqiqatda istifadə olunan bütün praymerlər üzrə ampikon sintez olunmuşdur lakin, 19 praymer polimorfizmi aşkar edə bilməmiş və ya onların istifadəsi elektroforezdə olduqca az fərqlənən bəndlərin təzahürü ilə nəticələnmişdir. Digər 11 praymer isə yüksək polimorfizmə malik olmaqla, 77 ampikon qeydə alınmış, bunlardan 76 ampikon polimorf olmuşdur (cədvəl 3.3.1). Tədqiqat zamanı polimorf bəndlərin böyük miqdarına OPA 19 (12 bənd) (şək.3.3.1) və OPF 03 (10 bənd) praymerləri, az miqdarına isə OPG 14 praymeri

malik olmuşdur. Müəyyən olunan polimorfizmin qiyməti isə 80-100% arasında dəyişmiş, OPA 19, OPD 02, OPD 10, OPD 11, OPS 09, OPG 14, OPF 03 praymerlərində 100% polimorfizm qeydə alınmışdır.



Şəkil 3.3.1 OPA 19 praymeri ilə sintez olunmuş PZR məhsullarının 1.8%-li aqaroza gelində elektroforetik analizi

Cədvəl 3.3.1

İstifadə edilən RAPD praymerlər, sintez olunmuş ampliconların sayı, polimorfizm və genetik müxtəliflik indeksi (GMİ)

Praymer	Ardıcıl lıq (5' – 3')	Ampliconların sayı	Polimorf ampliconların sayı	Polimorfizm (%-lə)	GMİ
OPA 19	CA AACG TCGG G	12	12	100	0.66
OPD 02	GGA CCC AAC C	8	8	100	0.91
OPD 11	AGC GCC ATT G	8	8	100	0.93
OPS09	TCCTGGTCCC	4	4	100	0.97
OPD 4	TCT GGT GAG G	5	4	80	0.94
OPG 12	CAG CTC ACG A	10	8	80	0.75
OPG 14	GGA TGA GAC C	3	3	100	0.63
OPD 10	GGT CTA CAC C	5	5	100	0.72
OPF 03	CCT GAT CAC C	10	10	100	0.97
OPC 16	CACACTCCAG	7	6	80	0.85
OPG4	AGC GTG TCT G	4	4	75	0.90
Cəm:		77	76	98.7	
Orta qiymət:		7.0	6.9	98.6	0.85

Hər bir praymer üzrə genetik müxtəliflik indeksi hesablanmış, əldə olunan nəticələrə əsaslanaraq təyin edilmiş genetik müxtəlifliyin orta qiyməti 0.85 olmuşdur. Bütün praymerlər arasında zəngin genetik müxtəliflik OPS 09 və OPF 03, zəif genetik müxtəliflik isə OPG 14 praymeri ilə müəyyən edilmişdir. Genotiplər arasında Jaccard oxşarlıq indeksinin qiyməti 0.21-0.93 arasında dəyişmiş, bir-birinə ən yaxın

genotiplər Flip 03-34 və Flip 03-71, Qusar 43 və Qusar 44, TH 1-04 və Flip 04-38, ən uzaq genotiplər isə Yardımlı 28 və Nərmin, İran 48 və Flip 03-21, Cəlilabad 50 və Sultan genotipləri olmuşdur. Seçilmiş noxud genotipləri RAPD markerləri əsasında klaster analizi ilə dendroqram qurularaq 12 müxtəlif klasterdə qruplaşdırılmışdır.

### 3.4. ISSR marker analizi

Noxud genotiplərində polimorf praymerləri müəyyən etmək üçün 5 genotipin genomu 15 ISSR praymer vasitəsi ilə yoxlanılmış, 7 ədəd praymerdə amplifikasiya getməmişdir. Digər 8 ədəd ISSR praymer (UBC 112, UBC 808, UBC 809, UBC 810, UBC 811, UBC 827, UBC 864, UBC 873 ) isə yüksək polimorfluq nümayiş etdirmiş, 42 ampikon sintez edilmiş və bunlardan 32-si polimorf olmuşdur. Ən çox ampikon sayı (8 ədəd) UBC 810 praymerində müşahidə edilmiş, bunlardan 5 ədədi polimorf olmuşdur. Ümumilikdə, 8 ISSR praymerində 80% polimorfizm qeydə alınmışdır (cədvəl 3.4.1).

Cədvəl 3.4.1

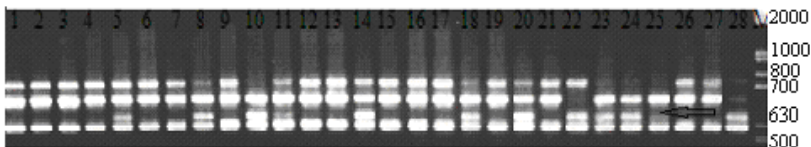
İstifadə edilən ISSR praymerlər, sintez olunmuş ampikonların sayı, polimorf ampikonların sayı, polimorfizm və genetik müxtəliflik indeksi(GMİ)

Praymer	Ardıcillıq (5' - 3')	Ampli konların sayı	Polimorf ampikonların sayı	Polimorfizm, %	GMİ
UBC-873	(GACA)4	4	3	75	0.60
UBC-810	(GA)8T	8	5	62.5	0.84
UBC-808	(AG)8C	5	4	80	0.84
UBC-844	(GACA)4	5	4	80	0.75
UBC-880	(GGAGA)3	6	4	66.7	0.67
UBC-827	(AC)8G	5	5	100	0.79
UBC-864	(TG)8AA	4	4	100	0.74
UBC-809	(AG)8G	5	3	75	0.66
Cəm		42	32	78	

Tədqiqat zamanı UBC 880 praymeri ilə 630 n.c. uzunluğunda bir spesifik ampikon sintez olunmuşdur ki, bu yalnız quraqlığa davamlı genotiplərdə (Flip 00-19, Flip 97-32, Flip 97-81, Masallı 30, Flip 97-21 və s.) aşkar olunmuşdur (şəkil 3.4.1).

Jaccard düsturu əsasında hesablanmış genetik oxşarlıq indeksi 0.27-0.95 arasında dəyişmiş və genetik baxımdan bir-birinə yaxın

genotiplərin Flip 03-71 və Flip 04-35, Sultan və TH 1-04, Flip 97-32 və Flip 03-34, bir-birinə ən uzaq genotiplərin isə (genetik oxşarlıq indeksi 0.27 olmaqla) Lənkəran 1 və Qusar 43, Lənkəran1 və Ordubad 41, Yardımlı 28, Flip 97-32 olduğu qeydə alınmışdır.



Şəkil 3.4.1 UBC 873 praymeri ilə sintez olunmuş PZR məhsullarının 1.8%-li aqaroza gelində elektroforetik analizi.

UPGMA klaster analizi bütün genotipləri 7 əsas klasterdə qruplaşdırmışdır. Klasterlər arasında genetik oxşarlıq əmsalının minimum və maksimum qiyməti müvafiq olaraq 0.46 və 0.77 vahid təşkil etmişdir. Klasterlərarası genetik məsafə nə qədər böyük olarsa, genotiplərin seleksiyada heterozis effekti almaq məqsədilə istifadəsi daha əlverişli olar.

### 3.5. SSR marker analizi

Genomun mikrosatellit lokusları arasındakı polimorfizmi tədqiq etmək üçün, yüksək polimorf 10 SSR markerdən istifadə olunmuş, noxud nümunələri arasında 49 müxtəlif ampikon təyin edilmişdir. 10 lokus arasında H3D05 praymeri ilə ən zəif (300-309), H1C22 praymeri ilə (309-327) ən yüksək variasiya müşahidə edilmişdir (cədvəl 3.5.1). Bütün lokuslar üzrə ampikonların orta sayı 4.9 olmuş, H1C22 praymeri ilə Flip 03-22, Flip 03-27 və Flip 03-93 genotiplərində, H1A19 praymeri ilə Flip 06-7, Flip 06-89, Flip 06-144 genotiplərində nadir ampikon qeydə alınmışdır.

Nadir ampikonlar genotiplərin tanınması və pasportlaşdırılmasında istifadə oluna bilər. Nümunələr arasında ampikonların rastgəlmə tezlikləri 0.05-0.42 arasında dəyişmiş, 25 ampikonun (79%) rastgəlmə tezliyi 1-20% arasında olduğu halda, 22 ampikon (19%) əksər nümunələrdə aşkar olunaraq 0.2 və daha yüksək tezliklərlə xarakterizə olunmuşdur.

Cədvəl 3.5.1

Lokuslardakı amplikonların uzunluğu (n.c.), sayı (N) və Genetik Müxtəliflik indeksi (PIC)

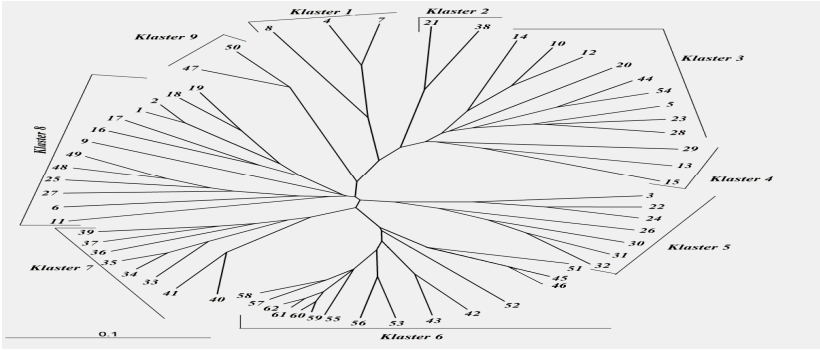
Praymer	Gözlənilən amplikonun uzunluğu, n.c.	Qeydə alınan amplikonların uzunluğu, n.c.	Amplikonların sayı	PIC
H1A 12	308	297-312	6	0.82
H1B 02	425	411-425	5	0.79
H1O 09	478	144-156	4	0.72
H1P 181	321	131-141	4	0.72
H3E 04	313	300-313	5	0.78
H4C 04	334	107-114	4	0.44
H1B09	210	181-213	6	0.80
H1C 22	316	309-327	7	0.84
H3D 05	307	300-309	4	0.73
H3A09	391	372-391	4	0.72
Cəm		-	49	7.4
Orta qiy.		263	4.9	0.74

İki amplikonun rastgəlmə tezliyi isə 0.05-ə bərabər olmuş, yüksək tezlikli və ümumi amplikonlar demək olar ki, bütün lokuslarda aşkar edilmişdir. Amplikonların əksəriyyətinin rastgəlmə tezliyi (PI) 0.1 qiymətindən yüksək olmuş, genetik müxtəliflik indeksi 0.44-0.84 arasında dəyişmişdir. SSR markerlərlə noxud nümunələri üzərində aparılan digər tədqiqat işlərində genetik müxtəlifliyin 0.47-0.97 və 0.70-0.89 arasında dəyişdiyi qeyd olunmuşdur [Upadhyaya, 2008; Atalay, 2012].

Tədqiq olunan 62 noxud genotipi arasında genetik məsafə indeksi SSR markeri ilə tərtib olunmuş binar matris əsasında Ney və Li düsturundan istifadə etməklə hesablanmışdır. Genotiplər arasında genetik məsafə indeksinin qiyməti 0.04 – 0.57 intervalında dəyişmiş bütün genotiplər bu göstəricinin geniş variasiya həddi ilə xarakterizə olunmuşdur. Belə ki, Azərbaycan mənşəli genotiplərdə Genetik məsafə indeksinin minimum qiyməti ( $GMI=0.04$ ) Lənkəran 1 və Lənkəran 2, Biləsuvar 58 və Masallı 55, maksimum qiyməti isə Yardımlı 28 və Masallı 30, Ordubad 41 və Cəlilabad 55 və s. digər genotiplər arasında qeydə alınmışdır.

Genotiplər arasındakı genetik məsafə indeksini əsas götürməklə, NTSYS klaster anlyzi ilə tədqiq etdiyimiz noxud nümunələrinin

genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram 62 noxud genotipini 9 əsas klasterdə qruplaşdırmışdır (şəkil 3.5.1).



Şəkil 3.5.1 SSR marker əsasında 62 noxud genotipinin genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram.

### 3.6. Morfoloji kəmiyyət göstəriciləri və molekulyar markerlər əsasında genetik müxtəlifliyin müqayisəli tədqiqi

RAPD, ISSR və SSR markerləri ilə genom səviyyəsində genetik müxtəlifliyin analizindən əldə olunmuş dendroqramlarla kəmiyyət əlamətlərinin əsasında qurulmuş dendroqramlar müqayisə edilmiş və Mantel testi vasitəsilə korrelyasiya analizi aparılmışdır. Nəticədə molekulyar marker analizləri ilə öyrənilmiş genetik müxtəlifliyin morfoloji analizlərdən tam fərqli olduğu aşkar olunmuşdur. Morfoloji əlamətlərlə RAPD markeri arasındakı korrelyasiya 0.069, morfoloji əlamətlərlə ISSR markeri arasında korrelyasiya 0.054, morfoloji əlamətlərlə SSR markeri arasında korrelyasiya isə 0.078 hesablanmışdır. Müxtəlif səviyyələrdə aparılmış eksperimentlərdən alınmış nəticələr arasındakı korrelyasiyaların aşağı qiymət alması istifadə olunmuş metodlarla genotiplərin fərqli surətdə qruplaşdığını göstərmişdir. Başqa tədqiqat işlərində də molekulyar markerlərlə morfoloji əlamətlərin genetik məsafələri arasında əhəmiyyətli korrelyasiyanın olmadığı qeyd olunmuşdur [Miaja et. all., 2006]. Morfoloji əlamətlər və molekulyar markerlərin genetik məsafələri arasında korrelyasiyanın olmamasının bir neçə səbəbi ola bilər:

müxtəlif allellər kombinasiyası morfoloji yaxınlığa səbəb olan oxşar fenotip yarada bilər və ya mühitin təsiri böyük morfoloji müxtəlifliyə səbəb ola bilər. RAPD praymerləri bilavasitə DNT ardıcılıqlarını tanıdıqlarından, bir sadə nukleotidin dəyişməsi ilə aşkar olduğu halda, fenotipdə təzahür etməyə də bilər. Bir çox tədqiqatlarla müəyyən olunmuşdur ki, RAPD markerləri genomun daha çox mutasiyalara məruz qalan, yüksək təkrar olunan, kodlaşdırmayan (non-coding genomic regions) və nəticədə ekspressiya olunmayan sahələrinə uyğundur. Molekulyar və morfoloji quruluş arasındakı fərqlilik eyni coğrafi regionda müxtəlif seleksiya proqramının həyata keçirilməsi ilə də əlaqədar ola bilər ki, bu da genotiplərin morfoloji baxımdan fərqlənməsinə gətirib çıxarır. Molekulyar markerlər isə seleksiyanın hədəf obyektidir.

Ümumiyyətlə, DNT markerləri mühit amillərinin təsirlərinə məruz qalmadıqlarından, yüksək polimorfizmi təyin etməklə, genetik müxtəlifliyin tədqiqində, genotiplərin qruplaşdırılmasında münasib metod kimi qiymətləndirilir. Ətraf mühit amillərinin morfoloji əlamətlərə təsiri yüksəkdir və bu əlamətlərin müxtəlifliyi bitkinin həqiqi genotipini əks etdirməsə də, onlar genetik müxtəlifliyin tədqiqində əhəmiyyətli rol oynayır. Buna görə də kəmiyyət göstəriciləri və DNT markerlərin hər biri tədqiq edilən genotiplərin genetik müxtəlifliyini ayrı-ayrı yollarla izah etdiklərindən, tədqiqat zamanı onların birlikdə istifadəsi tövsiyə edilir.

Morfoloji əlamətlərlə RAPD, ISSR və SSR markerlər arasında əhəmiyyətli korrelyasiya qeydə alınmasa da, müəyyən qədər uyğunluq müşahidə olunmuşdur. Belə ki, toxumlarının rəngi qara olan Cəlilabad 50, Yardımlı 28, Yardımlı 29, Ordubad 41 nümunələri hər üç dendroqramda digər nümunələrlə genetik oxşarlığı çox aşağı olmuşdur. UBC 880 praymerində qeydə alınan 630 n.c. uzunluğundakı amplikon yalnız quraqlığa davamlı genotiplərdə (Flip 00-19, Flip 97-32, Flip 97-81, Masallı 30, Flip 22-04, Şamaxı 25, Ağdaş 18, Flip 03-27, Flip 04-38, Flip 97-24) aşkar olunmuşdur. Morfoloji əlamətlər əsasında qurulmuş dendroqramda ICARDA-dan introduksiya edilmiş nümunələr bir-birinə yaxın subklasterlərdə yer almışdır ki, bu molekulyar analizlərin nəticələrində də müşahidə edilmişdir. RAPD, ISSR və SSR markerləri ilə genom səviyyəsində genetik müxtəlifliyin analizindən əldə olunmuş nəticələr əsasında qurulmuş dendroqramlar müqayisə edilmiş və hər üç metodla

öyrənilmiş genetik müxtəlifliyin oxşar olduğu aşkar olunmuşdur. Mantel testi vasitəsilə təyin edilmiş RAPD markeri ilə ISSR arasındakı korrelyasiya 0.845, RAPD və SSR markeri arasında korrelyasiya 0.756, ISSR və SSR markeri arasında korrelyasiya isə 0.778 hesablanmışdır.

Masallı 51, Sultan, Ağstafa 36 genotipləri RAPD, ISSR, SSR analizləri nəticəsində ICARDA-dan introduksiya olunmuş hibrid mənşəli genotiplərlə eyni klasterdə qruplaşmışdır. Sultan genotipi hibrid mənşəlidir və çox güman ki, ICARDA-dan introduksiya olunmuş genotiplərin alınmasında Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən toplanaraq ICARDA genbankında saxlanılan nümunələrdən istifadə olunmuşdur. Cəlilabad 50 və Nərmin nümunələri də həmçinin Flip 32-79, Flip 05-19 və Flip 06-144 nümunələri ilə eyni klasterdə (I klaster) yaxın genetik məsafədə yerləşmişdir. Azərbaycanın müxtəlif rayonlarından toplanmış genotiplərin genetik müxtəlifliyi ICARDA-dan introduksiya olunmuş genotiplərə nisbətən daha çox olmuşdur. Azərbaycanın ayrı-ayrı rayonlarından toplanmış noxud genotiplərinin genetik fərqliliyi başlıca olaraq, bu regionun geniş və zəngin eko-coğrafi müxtəlifliyi ilə əlaqədardır. Müxtəlif klasterlərdə qruplaşan və genetik baxımdan uzaq kimi qiymətləndirilmiş genotiplər (məs, Lənkəran 1 və Qusar 43, Lənkəran1 və Ordubad 41, Yardımlı 28, Flip 97-32 və s.) müxtəlif istiqamətli seleksiya işlərində uğurla istifadə oluna bilər.

## NƏTİCƏ

1. Müxtəlif ekoloji şəraitlərdə becərilən noxud genotipləri arasında ayrı-ayrı morfoloji kəmiyyət əlamətlərinə görə orta ( $P < 0.01$ ) statistik əhəmiyyətli genetik müxtəliflik müəyyən edilmişdir. Genotiplərdən Sultan, Flip 00-19, Flip 97-32, Şamaxı 25, Ağdaş 18, Flip 97-81 yüksək məhsuldar və quraqlığa davamlı Yardımlı 28, Flip 06-61, Flip 03-21, Qusar 43, Masallı 51, Flip 23-04, Flip 03-34, Flip 03-71, Flip 03-77 az məhsuldar və orta davamlı, Ağstafa 42, Flip 98-23 yüksək məhsuldar və həssas genotiplər kimi qiymətləndirilmişdir.
2. Noxud genotipləri arasında 11 RAPD marker ilə cəmi 77 ampikon sintez edilmiş və onlardan 76 ampikon polimorf olmuşdur. Ən çox ampikon sayı OPA 19 (12 ədəd) praymeri, ən



- az amplikon sayı isə OPG 14 (3 ədəd) praymeri vasitəsilə sintez edilmişdir. Genetik Oxsarlıq İndeksi əsasında genotiplər 12 qrupa ayrılmış və genotiplərin GMİ orta qiyməti isə 0.85-ə bərabərdir.
3. Noxud genotipləri arasında 8 ISSR markerlə 42 amplikon sintez edilmiş və onlardan 32 amplikon polimorf olmuşdur. Ən çox amplikon sayı UBC 810 (8 ədəd), ən az say isə UBC 873, UBC 809 (3 ədəd) praymerləri vasitəsilə sintez edilmişdir. ISSR markeri ilə müəyyən olunmuş GOİ və GMİ əsasında genotiplər 8 klasterdə qruplaşmışdır. UBC 880 praymeri ilə yalnız quraqlığa davamlı genotiplərdə (Flip 00-19, Flip 97-32, Flip 97-81, Masallı 30, Flip 22-04, Şamaxı 25, Ağdaş 18, Flip 03-27, Flip 04-38, Flip 97-24) 630 n.c. uzunluğunda bir spesifik amplikon sintez olunmuşdur ki, ondan genotiplərin quraqlığa davamlılığının skriningində və ya daha spesifik SCAR marker hazırlanmasında istifadə oluna bilər.
  4. RAPD və ISSR analizlərinin nəticələri əsasında tərtib olunmuş dendroqramda noxud genotipləri 11 klasterdə qruplaşmış, bir-birinə ən yaxın genotiplərin Flip 03-71 və Flip 04-35, Sultan və TH 1-04, Flip 97-32 və Flip 03-34, Flip 22-04 və Flip 04-38, Flip 00-19 və Flip 06-28, Flip 02-88 və Sultan, Flip 03-48 və Flip 06-33, Flip 06-18 və Flip 06-161, Flip 05-169 və Ordubad 39, bir-birinə ən uzaq genotiplərin isə Lənkəran 1 və Qusar 43, Lənkəran1 və Ordubad 41, Yardımlı 28 və Flip 97-32 olduğu müəyyən olunmuşdur.
  5. 10 SSR praymerlə noxud genotipləri arasında cəmi 49 amplikon sintez olunmuş, amplikonların uzunluğu 107-425 n.c. arasında dəyişmişdir. Genetik Məsafə indeksinin qiyməti (0.04 – 0.57) əsasında qurulmuş dendroqramda genotiplər 9 klasterdə qruplaşmışdır. Lənkəran 1 və Lənkəran 2, Biləsuvar 58 və Masallı 51, Flip 02-88 və Flip 23-04, Flip 06-89 və Flip 32-79 genotipləri bir-birinə ən yaxın, Flip 06-8 və Flip 06-7, Flip 03-27 və Ordubad 39, Ağstafa 35 və Flip 04-35 isə bir-birinə ən uzaq genotiplər kimi müəyyən olunmuşdur.
  6. Ümumilikdə, 11 RAPD praymerlə 98.6%, 8 ISSR praymerlə isə 78% polimorfizm qeydə alınmışdır. RAPD praymerlərdən OPD 02, OPD 11, OPS 09, OPD 4, OPF 03 və OPG 4, ISSR praymerlərdən UBC 810, UBC 808 və UBC 827 və SSR praymerlərdən isə H1C22, H1B02 H1A12 noxud bitkisinin

genotipləri arasında DNT polimorfizmin qiymətləndirilməsi üçün ən effektiv praymerlərdir.

7. Mantel testinə əsasən molekulyar markerlər və morfoloji kəmiyyət göstəricilərinə görə tərtib olunmuş dendroqramların müqayisəsi, UBC 880 markeri istisna olunmaqla matrislər arasında statistik əhəmiyyətli korrelyasiya aşkar olunmamışdır. Lakin, RAPD, ISSR və SSR marker analizlərinin nəticələri arasında əhəmiyyətli korrelyativ əlaqə qeydə alınmışdır ki, bu da hər üç marker analizi ilə müəyyən edilmiş polimorfizmin oxşar olduğunu göstərir.

## TÖVSIYƏLƏR

1. RAPD praymerlərdən OPD 02, OPD 11, OPS 09, OPD 4, OPF 03 və OPG 4, ISSR praymerlərdən UBC 880, UBC 810, UBC 808 və UBC 827 və SSR praymerlərindən isə H1C22 və H1B02 noxud bitkisinin genotipləri arasında DNT polimorfizmin qiymətləndirilməsində ən effektiv praymerlərdir.
2. UBC 880 ISSR praymeri ilə amplifikasiya olunmuş 630 n.c. uzunluğunda olan DNT fraqmenti genotiplərin quraqlığa davamlılığının skriningində və ya SCAR praymeri işləndikdən sonra quraqlığa davamlı noxud genotiplərinin seçilməsində daha spesifik marker kimi istifadə oluna bilər.
3. Sultan, Flip 00-19, Yardımlı 27, Flip 97-32, Flip 97-81, Flip 03-27, Ağstafa 35 genotiplərinin məhsuldarlığı və quraqlığa davamlılığı yüksək olduğu üçün quraqlıq zonalarda əkilməsi, məhsuldar və quraqlığa davamlı yeni sortların yaradılmasında istifadə olunması tövsiyə olunur.

## DİSSERTASIYANIN MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC EDİLMİŞ İŞLƏRİN SİYAHISI

1. **S.Q.Həsənova, Ə.Ç.Məmmədov.** Noxud bitkisinin Azərbaycanda yayılmış növləri və növmüxtəlifliyi / BDU 90 illik yubleyinə həsr olunmuş “Biologiyada elmi nailiyyətlər” mövzusunda Respublika elmi konfransının materialları. Bakı Dövlət Universiteti, 22-23 may, 2009, s.112-113.
2. **S.Q.Həsənova.** Noxud genotiplərində ISSR markerlərə görə molekulyar variasiyanın və genetik qohumluğun təyini // AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu elmi əsərləri, Bakı, 2012, IV cild, s.200-204.
3. **S.Q.Həsənova.** Tarla şəraitində noxud nümunələrinin (*C.arietinum* L.) quraqlığa davamlılığının tədqiqi // Azərbaycan Aqrar elmi, , Bakı, 2012, IV cild, s.102-104.
4. **S.Q.Həsənova, C.M.Ocaqi, L.Ə.Əmirov, Ə.Ç.Məmmədov** Noxud bitkisinin genotiplərinin genetik müxtəlifliyinin ISSR və RAPD markerlərlə tədqiqi // AMEA Xəbərləri, Biologiya və Tibb elmləri, №2, , Bakı, 2013, cild 68, s. 37-43.
5. **S.Q.Həsənova** Noxud bitkisinin müxtəlif genotipləri arasında DNT polimorfizmin müxtəlif markerlərlə öyrənilməsi / AMEA aspirantlarının elmi konfransının materialları, Bakı, 2010, s. 73-79.
6. **S.Q.Həsənova, C.M.Ocaqi, Ə.Ç.Məmmədov** Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış noxud nümunələrinin molekulyar xarakteristikası / Qafqaz Universiteti, Gənc tədqiqatçıların I beynəlxalq elmi konfransı, Bakı 2013, s. 322-323.
7. **S.Q.Həsənova, Ə.Ç.Məmmədov.** Quraqlıq şəraitində noxud bitkisinin məhsuldarlığını müəyyənləşdirən əlamətlərin statistik metodlarla təyini // AMEA Xəbərləri, Biologiya və Tibb elmləri, №2, , Bakı, 2012, cild 67, s. 59-64.
8. **S.Q.Həsənova** Noxud genotiplərində (*C.arietinum* L.) məhsuldarlıq elementlərinin statistik metodlarla xarakteristikası / BDU, XXI əsrdə Ekologiya və Torpaqsünaslıq elmlərinin actual problemləri mövzusunda respublika elmi konfransının materialları, Bakı, 2013, s. 132-133.

9. **S.Q.Həsənova, M.Ə.Abbasov, Ə.Ç.Məmmədov.** Molekulyar marker və morfoloji kəmiyyət göstəriciləri əsasında noxud (*Cicer arietinum* L.) bitkisinde genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi / BDU, “Müasir biologiyanın innovasiya problemləri” mövzusunda III beynəlxalq elmi konfransının materialları, Bakı, 2013, s.134-135.
10. **S.Q.Həsənova, A.Ç.Mамедов, Д.М.Оджаги.** Выявление связей между основными элементами продуктивности генотипов нута // Вестник, Российской академии сельскохозяйственных наук, 2013, т.6, стр.26-27
11. **S.Q.Həsənova, Ə.Ç.Məmmədov, L.Ə.Əmirov.** Müxtəlif mənşəli noxud nümunələrinin suvarma və dəmyə şəraitində müqayisəli qiymətləndirilməsi // AMEA Botanika İnstitutunun elmi əsərləri, Bakı, 2013, XXXIII cild, səh 172-175.
12. **S.Q.Həsənova.** Noxud bitkisinin genotipləri arasında genetik müxtəlifliyin RAPD markerlərlə tədqiqi // AMEA ET Əkinçilik institutunun elmi əsərləri, Bakı, 2014, XXV cild, səh.73-79.
13. **С.Г.Гасанова, А.Ч.Мамедов, Д.М.Оджаги, Л.А.Амиров.** Изучение генетического разнообразия генотипов нута (*Cicer arietinum* L.) с использованием RAPD маркеров // Зерновое хозяйство России, теоретически и научно-практический журнал, 2014, №3(33), стр.24-33.

## **Изучение внутривидового полиморфизма у растений нута (*Cicer arietinum* L.)**

### **Резюме**

Диссертационная работа посвящена комплексному изучению генетического разнообразия 62-х генотипов нута на морфологическом и молекулярном уровнях.

На основании результатов по изучению количественных морфологических признаков было установлено наличие в коллекции вариаций со средней ( $P < 0.01$ ) статистической значимостью. Исследование генетического полиморфизма образцов на уровне ДНК выявило широкий интервал изменчивости длины и частоты встречаемости отдельных аллелей для каждого маркерного локуса. 10 парами праймера было синтезировано 52 аллели, при этом количество синтезированных ампликонов каждой парой праймера колебалось в пределах 3-8. Из обнаруженных аллельных вариантов 11.5% включены в группу редких, 59.6% - средне- и 28.8% - высокочастотных аллелей. При анализе RAPD из проверенных 30 праймеров использовано 15. Высокий уровень изменчивости установлен при использовании OPC-09 и OPF-03 праймеров (соответственно, 0,927, 0,914 и 0,909), а низкий уровень при OPA-14. Кластерным анализом, основанным на индексе сходства Джаккарда, генотипы были распределены на 12 основных групп. Результаты проведенных исследований позволяют заключить: из RAPD праймеров OPD-02, OPD-11, OPS-09, OPD-4, OPF-03, а также из ISSR праймеров UBC-808, UBC-810, UBC-827 показали высокий процент полиморфизма и были признаны наиболее подходящими праймерами для изучения генетического разнообразия нута. Из изученных ISSR праймеров, праймер UBC-880 может быть использован для скрининга засухоустойчивых генотипов нута.

## **Assesment of genetic diversity among Chickpea (*Cicer arietinum* L.) plants**

### **SUMMARY**

The present PhD thesis was devoted to complex study of genetic diversity observed at molecular and morphological levels among 62 chickpea genotypes of diverse origin. Results of characterization based on morphological traits showed the presence of variations with the middle ( $P < 0.01$ ) statistical significance in a studied germplasm set.

Genetic diversity of chickpea genotypes using 15 ISSR and 30 RAPD primers was studied in the current research. During the research average percent of polymorphism 98% and 78% were calculated. RAPD analysis was performed with 11 decamer primers selected from a total of 30. The most discriminating primers were OPS 09, OPF 03 which showed the highest values of genetic diversity (0.97). The lowest values of diversity pertained to the markers OPG14. Cluster analysis divided all genotypes into 12 main clusters according to Jaccard's similarity index. ISSR analysis was performed with 8 decamer primers selected from a total of 15. Cluster analysis divided all genotypes into 7 main clusters according to Jaccard's similarity index.

In total, the RAPD primers OPD 02, OPD 11, OPS 09, OPD 4, OPF 03 and ISSR primers UBC 808, UBC 810, UBC 827 with the highest number of amplified bands, the highest number of polymorphic bands and the highest value of genetic diversity were recognized to be the most appropriate primers for studies related to genetic diversity of chickpea populations. ISSR primer UBC 880 and after its conversion to a SCAR (sequence characterized amplified region-sequence characterized amplified regions) primers can be used in the screening of drought tolerant genotypes of chickpea.

A total of 49 different amplicon alleles were found on 10 SSR markers, while an average of effective number of alleles was Assasment of the expected PIC parameter showed that, the H4C04 locus possesses the lowest diversity, whereas H1A12 and H1C22 have the highest diversity.

The correspondence between quantitative traits and SSR data, was studied using the Mantel matrix test, where no correlation was observed between two matrixes.

На правах рукописи

**САИДА КАСЫМ КЫЗЫ ГАСАНОВА**

**ИЗУЧЕНИЕ ВНУТРИВИДОВОГО  
ПОЛИМОРФИЗМА У РАСТЕНИЙ НУТА  
(CICER ARIETINUM L.)**

**2409.01 – Генетика**

**АВТОРЕФЕРАТ**

диссертации на соискание ученой степени  
доктора философии по биологическим наукам

**БАКУ - 2015**