

**AZƏRBAYCAN MİLLİ ELMLƏR AKADEMİYASI  
GENETİK EHTİYATLAR İNSTİTUTU**

---

*Əlyazması hüququnda*

**SEVİNC ƏSƏD qızı NURİYEVA**

**YUMŞAQ BUĞDA (*Triticum aestivum* L.) BİTKİSİNDƏ DUZA  
DAVAMLILIQLA ƏLAQƏLİ ƏLAMƏTLƏRİN  
QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ VƏ ONLARIN YAXŞILAŞDIRILMASI  
YOLLARI**

**2409.01 – Genetika**

Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru elmi  
dərəcəsi almaq üçün təqdim olunmuş dissertasiyanın

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

**BAKI – 2018**

İş Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Dənli taxıl və paxlalı bitkilər, Biotexnologiya və Bitki fiziologiyası şöbələrində yerinə yetirilmişdir.

**Elmi rəhbər:** AMEA-nın müxbir üzvü, **Z.İ.Əkpərov**  
**Elmi məsləhətçi:** Professor **R.Ch.Sharma (İCARDA–Özbəkistan)**

**Rəsmi opponentlər:** Biologiya üzrə elmlər doktoru,  
Professor **R.T.Əliyev**  
AMEA-nın müxbir üzvü,  
Biologiya üzrə elmlər doktoru,  
Professor **İ.V.Əzizov**

**Aparıcı təşkilat:** Azərbaycan Elmi-Tədqiqat Əkinçilik İnstitutu

Müdafiə **«29» «May»** 2018-ci il tarixində saat **11<sup>00</sup>**-da Azərbaycan MEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən FD.01.261 Dissertasiya Şurasının iclasında keçiriləcəkdir.

Ünvan: Bakı şəhəri, AZ 1106, Azadlıq prospekti 155.

Dissertasiya ilə Azərbaycan MEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Dissertasiyanın avtoreferatı **«28» «aprel»** 2018-ci il tarixində göndərilmişdir.

**FD.01.261 Dissertasiya**  
**Şurasının Elmi katibi,**  
**aqrar elmlər üzrə fəlsəfə doktoru**

**L.Ş.Şahməmmədova**

## GİRİŞ

**Mövzunun aktuallığı:** Hazırda əhalinin ərzaq məhsulları ilə təmin olunması bəşəriyyətin ən qlobal problemlərindən biridir. Bu problemin həllində taxılçılıq təsərrüfatının inkişafı əsas rol oynayır. Azərbaycanda ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında isə buğda mühüm prioritet bitki hesab olunur. Məlumdur ki, Azərbaycan bir çox kənd təsərrüfatı bitkilərinin, o cümlədən buğdanın ilkin əmələgəlmə və mədəniləşdirmə mərkəzlərindəndir. Bu da ölkədə bir çox yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının yaradılmasına imkan vermişdir [C.Ə.Əliyev,1980, A.A.Jaradat, 2013]. Son illərdə ekoloji şəraitin kəskin dəyişməsi, qrunut sularının səviyyəsinin qalxması, meliorativ tədbirlərin yetərinə və düzgün həyata keçirilməməsi və s. səbəblərdən şoranlıq səviyyəsi xeyli yüksəlmişdir. Bununla yanaşı son dövrlərdə xəstəlik və zərərvericilərin artması buğdanın məhsuldarlığının azalmasına ciddi təsir göstərmişdir. Bu baxımdan respublikada becərilən buğda sortlarının daim yaxşılaşdırılmasına zərurət vardır. Bu sahədə dünyada aparılan tədqiqat işlərinin nəticələri göstərir ki, buğda bitkisinin abiotik və biotik stress amillərinə davamlılığının yaxşılaşdırılmasında ilkin əmələgəlmə mərkəzlərindən götürülmüş genotiplərdən istifadə edilməsi olduqca səmərəlidir. Odur ki, yumşaq buğdanın yerli kolleksiyasının duza davamlılığının fizioloji və genetik əsaslarının öyrənilməsi, seleksiya işlərində molekulyar metodlardan istifadə edərək yeni davamlı və məhsuldar sortların yaradılması olduqca vacibdir. Bununla yanaşı, genetik dəyişkənliyin və onun tənzimlənməsi yollarının müəyyən olunması ilə bağlı tədqiqatlar konkret torpaq iqlim şəraitinə uyğun yeni sortların yaradılmasında mühüm əhəmiyyət kəsb edir. Yumşaq buğda kolleksiyasının bioloji müxtəlifliyinin tədqiqi ilə genetik cəhətdən fərqli nümunələrin seçilərək hibridləşməyə cəlb edilməsi yeni sortların yaradılması üçün çox əhəmiyyətlidir [Haggag et al., 2015].

**Tədqiqatın məqsədi və vəzifələri:** Tədqiqat işinin əsas məqsədi milli genbankda saxlanılan yerli yumşaq buğda nümunələrinin duza davamlılığının istixana və tarla şəraitində qiymətləndirilməsi, tolerant və həssas genotiplərin seçilməsi, onların molekulyar markerlərlə tədqiqi, ilişikli markerlərin müəyyən edilməsi və duza davamlılıqla əlaqəli əlamətlərin yaxşılaşdırılması yollarını tədqiq etməkdən ibarətdir.

Bu məqsədə nail olmaq üçün qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

1. Milli genbankda saxlanılan yumşaq buğda genotiplərinin duza davamlılığının laboratoriya, istixana, normal və duz stressi şəraitlərində müqayisəli öyrənilməsi;

2. Məhsuldarlıq elementləri əsasında genotiplərin səciyyələndirilməsi və tolerantlıq indeksləri əsasında nümunələrin qruplaşdırılması;

3. Duza stresinin təsirinə məruz qalan əlamətlərin müəyyənləşdirilməsi və statistik təhlilinin aparılması;

4. ISSR və SSR markerləri əsasında yumşaq buğda nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi;

5. Duza davamlılıq və genetik müxtəlifliyə görə fərqlənən nümunələrin seçilməsi.

**Elmi yenilik:** İlk dəfə olaraq, Milli Genbankda saxlanılan yumşaq buğdanın (*Triticum aestivum* L.) 6 növmüxtəlifliyinə aid 50 nümunəsinin duza davamlılığı kompleks şəkildə qiymətləndirilmiş, molekulyar markerlər (ISSR və SSR) və biomorfoloji əlamətlər əsasında nümunələr arasında genetik qohumluq dərəcəsi müəyyən edilmişdir. Müasir statistik proqramlar vasitəsilə duzluluq şəraitində ən üstün məhsuldarlıq elementlərinə malik və genetik cəhətdən fərqli 20 yumşaq buğda nümunəsi seçilərək əlamət kolleksiyasına daxil edilmişdir. Tarla tədqiqatları nəticəsində RFS09K-199 (var. *erythroleucon*), RFS09K-222 (var. *erythrospermum*), RFS08K-37 (var. *graecum*), RFS08K-19 (var. *milturum*), RFS09K-243 (var. *lutescens*), RFS08K-18 (var. *graecum*), RFS09K-195 (var. *erythroleucon*) növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrin məhsuldarlığının və duza davamlılığının yüksək olduğu aşkar edilmişdir. Seçilmiş nümunələri fərqləndirmək və ya onlar arasındakı qohumluğu müəyyən etmək üçün tərtib olunmuş dendroqram vasitəsilə nümunələrdən 2-nin RFS09K-226 (var. *erythrospermum* 3) və RFS09K-199 (var. *erythroleucon* 9) morfoloji cəhətdən fərqli, lakin genom səviyyəsində oxşar olduğu aşkar edilmişdir.

**İşin praktiki dəyəri:** Tədqiq olunmuş yumşaq buğda genotiplərinin çoxölçülü statistik metodlarla biomorfoloji-kəmiyyət göstəricilərinin analizi nəticəsində duza davamlılığa görə seçilmiş nümunələrdən seleksiya proqramlarında istifadə olunmaqla yanaşı, onların şoran torpaqlarda əkilməsi məqsədəuyğundur. Molekulyar marker analizlərindən əldə edilmiş polimorfizm genetika və seleksiya üzrə tədqiqatları, eləcə də hibridləşmə zamanı valideyn seçimini asanlaşdıracaqdır.

#### **Dissertasiyanın müdafiyyə çıxarılan əsas müddəaları:**

1. Yumşaq buğda nümunələrinin normal və şoranlıq şəraitlərində məhsuldarlıq elementlərinə görə müqayisəli təhlili və onlar arasındakı korrelyativ əlaqələrin öyrənilməsi;

2. Duz stresi şəraitində məhsuldarlıq elementlərinə təsir edən əlamətlərin müəyyən edilməsi və genotiplərin stressə tolerantlıq indeksləri əsasında qruplaşdırılaraq seçilməsi;

3. Çoxölçülü bayplot analizi vasitəsilə məhsuldarlıq göstəricilərinə görə hər iki şərait üçün (normal və duzlu) ən üstün genotiplərin müəyyən edilməsi;

4. ISSR və SSR markerləri vasitəsilə yumşaq buğda nümunələri arasındakı polimorfizmin qiymətləndirilməsi və genetik cəhətdən fərqli nümunələrin seçilərək, əlamət kolleksiyasına daxil edilməsi.

**İşin aprobasiyası:** Dissertasiya işinin əsas nəticələri Qazaxıstanın Almalbək şəhərində keçirilmiş 5-ci Beynəlxalq elmi konfransda (2011), Ulyanovskda akademik N.S.Nemtsevin xatirəsinə həsr olunmuş X Beynəlxalq elmi konfransda (2012), Türkiyənin Antalya şəhərində keçirilmiş beynəlxalq bitki elmi konqresində (2013), Sankt-Peterburq şəhərində keçirilmiş beynəlxalq konfransda (2013), Bakı Dövlət Universitetində Akademik Zərifə Əliyevanın 90 illik yubileyinə həsr olunmuş “Müasir biologiyanın innovasiya problemləri” mövzusunda III beynəlxalq elmi konfransda (2013), Türkiyənin Artur Goruh Universitetində keçirilmiş beynəlxalq elmi konfransda (2013), Qafqaz Universitetində keçirilmiş beynəlxalq elmi konfransda (2013), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi şurasında və elmi seminarında məruzə edilərək müzakirə olunmuşdur.

**Nəşrlər:** Dissertasiya işinə aid 6 məqalə və 7 tezis olmaqla, ümumilikdə 14 elmi əsər nəşr edilmişdir.

**Dissertasiyanın quruluşu və həcmi:** Dissertasiya işi giriş, 5 fəsil, yekun, nəticələr, tövsiyələr, istifadə edilmiş ədəbiyyat siyahısı və əlavələrdən ibarətdir. İşin ümumi həcmi 152 səhifə olmaqla, 29 cədvəl və 34 şəkildən istifadə edilmişdir. Tədqiqat işində 200 ədəbiyyat məlumatına istinad edilmişdir ki, onun da 183-i xarici nəşrdir.

## İŞİN ƏSAS MƏZMUNU

### 1. TƏDQIQATIN MATERIALI VƏ METODLARI

Tədqiqat obyektini olaraq, AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Genbankından əldə edilmiş yumşaq buğdanın (*Triticum aestivum* L.) 6 növmüxtəlifliyinə (var. *graecum*, var. *milturum*, var. *ferrugineum*, var. *erythrospermum*, var. *lutescens*, var. *erythroleucon*) aid olan 48 sort nümunədən və nəzarət kimi götürülmüş (Aran 1) yerli sortdan istifadə edilmişdir.

Tədqiqat işində, laboratoriya şəraitində toxumların cücərmə qabiliyyətinin təyini üçün NaCl duzunun 0,2 M məhlulundan istifadə etməklə, toxumlar termostatda 22-24<sup>0</sup>C də cücərdilmiş, cücərtilər 3, 5 və 7-ci günlər sayılaraq, nəzarətə nisbətən faizlə hesablanmışdır [Удовенко Г.В., Л.А. Семушина, В. Н. Синельникова, 1976].

Götürülən yumşaq buğda nümunələrinin duza davamlılığını öyrənmək məqsədilə nümunələr, GEİ-da istixana şəraitində vegetasiya qablarında, hər birində 7 dən olmaqla 4 təkrarda əkilmişdir. Hər bir nümunə üzrə qoyulmuş 4 təkrardan biri təcrübənin nəzarət variantı kimi götürülmüş, digər 3 təkrarda isə NaCl duzunun 0,2 M məhlulunun təsiri tədqiq olunmuşdur.

Tarla şəraitində yumşaq buğdaların duza davamlılığını təyin etmək üçün öyrənilən nümunələr 2010/2011, 2011/2012, 2012/2013-cü illərdə AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Elmi-Tədqiqat Bazasının ərazisində suvarma şəraitində və AMEA Aqrəkimiya və Torpaqşünaslıq İnstitutunun Ucar Dayağ Məntəqəsinin orta şoran torpaq şəraitində əkilmişdir. Nümunələr 10 əsas məhsuldarlıq elementləri üzrə hər iki (normal və orta şoran) şəraitdə müqayisəli analiz edilmişdir [Доспехов Б.А., 1985]. Bu əlamətlərə görə variasiya, korrelyasiya, PCA və klaster analizləri Gen Stat (2013) statistik proqramı vasitəsilə yerinə yetirilmişdir. Genotiplərin duzluluğa davamlılığını təyin etmək üçün məhsuldarlıq (OHM, MP) və tolerantlıq (SHI, Tol, STI) indeksləri hesablanmış, nümunələr duza davamlılığına görə qruplaşdırılmışdır. Çoxmüxtəlifliyin təhlili ayrı-ayrı əlamət, eləcə də bütün ümumi əlamətlər üzrə üstün genotipləri müəyyən etmək üçün (GGE) biplot analizindən istifadə edilərək aparılmışdır [Yan et al., 2007; Roozeboom et al., 2008; Sharma et al., 2010]. Bundan başqa, metodikaya uyğun olaraq, 2 il ərzində, hər iki (normal və duzlu) şəraitdə, 10 gündən bir, hər bir nümunədə 30 bitkinin əsas gövdələrindəki sonuncu bayraq yarpağının orta hissəsində, Minolta xlorofil sayğacının (SPAD-502) köməkliyi ilə xlorofilin nisbi miqdarı ölçülmüşdür [Rosyara et al., 2010]. Göstərilən məlumatlar çoxölçülü statistik analiz üsulu ilə tədqiq edilmişdir. CTAB protokolu əsasında genotiplərdən DNT ekstraksiya edilmiş [Rocers, 1985], praymerlər vasitəsilə PZR reaksiyası aparılmışdır. Alınmış PZR məhsulları 1,8%-li aqaroza gəlində (İSSR) və Fraqment analiz aparatında (SSR) elektroforetik analiz edilmişdir. Analizlərin nəticələri SPSS və NTSYS kompüter proqramlarının köməyi ilə statistik təhlil edilmişdir. Genetik oxşarlıq əmsalı Jaccard, genetik məsafə matrisi isə Ney və Li (1979) formulu əsasında hesablanmışdır. Aqronomik göstəricilər, İSSR markerləri üçün klaster analizi UPGMA metodu əsasında SPSS, SSR praymerlərlə klaster analizi isə NTSYS proqramının SIMQUAL modulu ilə həyata keçirilmişdir.

## 2. LABORATORİYA VƏ İSTİXANA ŞƏRAİTİNDƏ YUMŞAQ BUĞDANIN MÜXTƏLİF NÖVMÜXTƏLİFLİKLƏRİNƏ AİD SORT NÜMUNƏLƏRİNİN DUZLULUQ STRESİNƏ DAVAMLILIĞININ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

### Laboratoriya şəraitində buğda toxumlarının cücərmə qabiliyyətinə görə duzluluq stresinə davamlılığının qiymətləndirilməsi

Laboratoriya şəraitində 0,2 M NaCl məhlulunda bitki toxumlarının cücərmə qabiliyyəti bitkilərin duza davamlılığının ilkin göstəricisidir. Bunu nəzərə alaraq, cari tədqiqat işində, laboratoriya şəraitində 6 heksaploid yumşaq buğda növmüxtəlifliyinə aid 50 nümunənin toxumlarının 0,2 M NaCl məhlulunda cücərmə faizi öyrənilmişdir (Cədvəl 1.).

Cədvəl 1.

Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin 0.2 M NaCl məhlulunda cücərmə qabiliyyəti

Növmüxtəliflikləri	Sayı	Toxumların cücərmə faizi (%)		Davamlılıq (%)		
		Nəzarət	NaCl (0,2M)	Aşağı	Orta	Yüksək
Var. <i>Graecum</i>	8	100	60-65	2	2	3
Var. <i>Milturum</i>	8	100	70-80	4	4	4
Var. <i>Ferrugineum</i>	8	100	25-30	3	2	2
Var. <i>Erythrospermum</i>	9	100	70-90	4	4	5
Var. <i>Lutescens</i>	8	100	55-60	4	4	4
Var. <i>Erythroleucon</i>	9	100	85-95	4	5	5

Belə ki, var. *erythroleucon*, var. *erythrospermum* və var. *milturum* növmüxtəlifliyinə aid nümunələrin cücərmə faizi 65%-dən yüksək (80-95%), var. *ferrugineum* növmüxtəlifliyinə aid nümunələrin cücərmə faizi 33%-dən aşağı (25-30), var. *graecum*, var. *lutescens* növmüxtəlifliyinə aid nümunələrin isə 55-65% arasında müəyyən edilmişdir (Cədvəl 1).

Beləliklə, tədqiqatın ilkin mərhələsində cücərmə qabiliyyətinə əsasən, var. *ferrugineum* növmüxtəlifliyinə aid olan nümunələr davamsız, var. *lutescens* və var. *graecum*, var. *erythrospermum*, var. *milturum* orta davamlı, var. *erythroleucon* növmüxtəlifliyinə aid olan nümunələr isə ən davamlı nümunələr kimi qeydə alınmışdır.

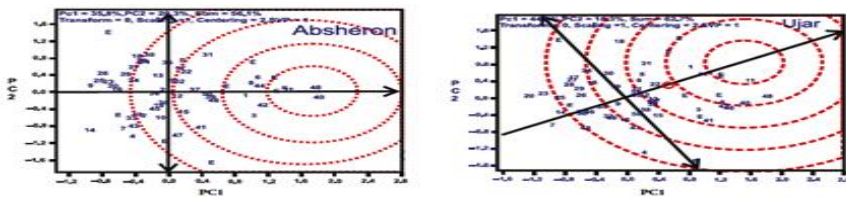
## Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin normal və orta şoran şəraitlərdə məhsuldarlıq elementlərinin müqayisəli təhlili

İllər üzrə genotiplərdə tədqiq olunan məhsuldarlıq elementlərinə görə yüksək variasiya hər iki şəraitdə bitkinin hündürlüyü (I-99,44, II-109,88), sünbülaltlığının uzunluğu (I-48,60, II-44,78), sünböldə sünbülcüklərin sayı (I-18,55, II-18,16) və min dənin kütləsi (I-39,67, II-39,16) əlamətlərində, ən aşağı variasiya isə əsas sünböldə dənin kütləsi (I- 0,29, II-0,40) və məhsuldar gövdələrin sayı (I-1,68, II-1,47) əlamətlərində müəyyən edilmişdir.

Tədqiqat işində həmçinin, məhsuldarlıq göstəriciləri arasındakı əlaqəni müəyyən etmək üçün, üç ilin orta qiymətləri əsasında korrelyasiya yerinə yetirilmişdir. Nəticədə bitkinin hündürlüyü ilə sünbülaltlığının uzunluğu, əsas sünböldəki dənələrin kütləsi ilə sünböldəki dənələrin sayı, sünböldəki dənələrin sayı ilə bir bitkidəki dənələrin kütləsi və beş bitkidəki dənələrin kütləsi, beş bitkidəki dənələrin kütləsi ilə əsas sünböldəki dənələrin kütləsi əlamətləri arasında müsbət əhəmiyyətli korrelyativ əlaqə qeydə alınmışdır. Bitkinin boyu ilə sünböldə dənələrin sayı və sünböldə dənələrin kütləsi, bir bitkidəki dənələrin kütləsi və beş bitkidəki dənələrin kütləsi ilə min dənin kütləsi arasında mənfi əhəmiyyətli korrelyasiya qeydə alınmışdır.

Genotiplər arasındakı müxtəlifliyi müəyyən etmək üçün, variasiya əmsali statistik analizindən (ANOVA) istifadə edilmişdir. Aparılan tədqiqatlar nəticəsində genotiplər arasında və illər və genotiplər arasındakı qarşılıqlı təsiri üzrə statistik etibarlı fərqlilik müşahidə edilmişdir. Bütün bunlar öyrənilən nümunələr arasında genetik müxtəlifliyin olduğunu bir daha təsdiq etmişdir.

Yumşaq buğda genotiplərinin bəzi göstəricilərini vizual olaraq qiymətləndirmək üçün Genstat proqramının GGE biplot analiz üsulundan istifadə edilmişdir (Şəkil 1.). Bu analiz vasitəsilə 10 məhsuldarlıq göstəriciləri əsasında duza davamlı genotiplər ayırd edilmişdir.



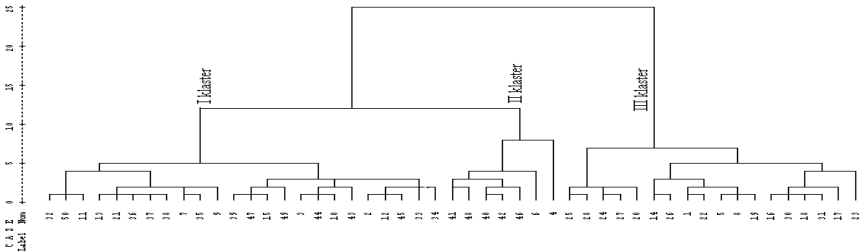
Şəkil 1. Abşeronda və Ucarda 10 əlamət əsasında müəyyən olunmuş üstün genotiplər.



## Yumşaq buğda nümunələrinin kəmiyyət göstəricilərinə görə genetik müxtəlifliyi

Yumşaq buğda genotiplərini məhsuldarlıq elementləri əsasında qruplaşdırmaq məqsədi ilə hər iki şərait üçün (Abşeron-normal və Ucarşoran) klaster analizi aparılmış, nəticələr dendroqram vasitəsilə təsvir edilmişdir. Dendroqramdan görüldüyü kimi, yumşaq buğda genotipləri 3 əsas klasterdə birləşmiş və hər bir qrupda onların sayı müxtəlif olmuşdur (Şəkil 2 və Şəkil 3.).

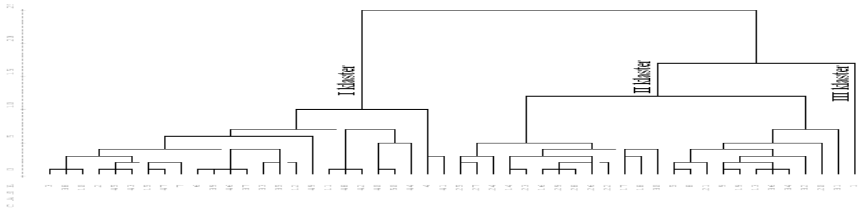
Normal şəraitdə, I klasterdə qruplaşan 25 nümunədə bitkinin hündürlüyü 71-97 sm arasında dəyişmiş və orta göstəriciyə yaxın, əsas sünböldəki dənələrin sayı 30,2-53,8 ədəd, əsas sünböldəki dənələrin kütləsi 1,15-2,20 q, bir bitkidəki dənələrin kütləsi 1,80-4,54 q, beş bitkidəki dənələrin kütləsi 2,68-5,6 q və min dənənin kütləsi 37,1-46,4 q kimi əlamətlər orta göstəricidən yüksək olmuşdur. Ona görə də bu klaster ortaboylu, yüksək məhsuldar qrup kimi qiymətləndirilmişdir. II klaster, özündə 24 nümunəni birləşdirmişdir və bu nümunələrdə öyrənilən 10 morfoloji əlamətin minimum və maksimum göstəriciləri orta göstəricidən yuxarı olmuşdur. Bu əlamətlərin əsas məhsuldarlıq elementləri olduğunu nəzərə alaraq, bu klasteri şərti olaraq hündürboylu və orta məhsuldar qrup adlandırmaq olar. III klasterdə var. *erythroleucon* növmüxtəlifliyinə aid Abşerondan toplanılmış cəmi bir nümunə yerləşmişdir ki, onun öyrənilən morfoloji əlamətlər üzrə qiymətləri orta göstəricidən yüksək olmuşdur.



Şəkil 2. Abşeronda normal şəraitdə yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığı.

Duzluluq şəraiti üçün yerinə yetirilmiş klaster analizi göstərmişdir ki, nümunələr arasında yüksək variasiya bitkinin hündürlüyü (106,5 sm) və sünbülaltlığının uzunluğu (52,2 sm) əlamətlərində, ən aşağı variasiya həddi isə məhsuldar gövdələrin sayı (2,8 ədəd), əsas sünböldəki dənələrin

kütləsi (1,6 q) və beş bitkidəki dənlərin kütləsi (2,7q) kimi əlamətlərdə müşahidə olunmuşdur. I klasterdə qruplaşan 18 nümunədə, bitkidəki dənlərin kütləsi əlamətindən başqa, öyrənilən digər morfoloji əlamətlərin göstəriciləri yuxarı olmuşdur. Ona görə də bu klaster ortaboylu, yüksək məhsuldar qrup kimi qiymətləndirilmişdir. Onu da qeyd etmək lazımdır ki, bu 18 nümunədən 13-ü normal şəraitdəki dendroqramın I klasterində də eyni qrupda birləşmiş, normal şəraitdə onlar qısa boylu, orta məhsuldar, duzluluq şəraitində isə ortaboylu, yüksək məhsuldar qrup kimi qiymətləndirilmişdir. Belə ki, eyni nümunələr hər iki şəraitdə fərqlənmişdir və bu nümunələri var. *grecum* (2 nümunə), var. *milturum* (5 nümunə), var. *lutescens* (4 nümunə), var. *erythroleucon* (3 nümunə) duza davamlı növmüxtəliflikləri kimi qiymətləndirməyə əsas vermişdir.



Şəkil 3. Ucarın orta şoran torpaqlarında yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin duzluluq şəraitindəki kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığı

II klaster ən böyük qrup olub, tədqiq olunan nümunələrin əksəriyyətini (19 nümunə) özündə birləşdirir və bu klaster şərti olaraq qısa boylu, az məhsuldar və duza həssas qrup kimi qiymətləndirilmişdir. III klasterdə cəmləşən 12 genotip tədqiq edilən bütün morfoloji əlamətlər üzrə yüksək göstəricilərə malik olmuşdur. Bu klasterdəki nümunələri hündürboylu, orta məhsuldar və duza davamlı olaraq səciyyələndirilmişdir.

### 3. YUMŞAQ BUĞDA NÖVMÜXTƏLİFLİKLƏRİNİN DUZA DAVAMLILIĞININ TƏDQIQI

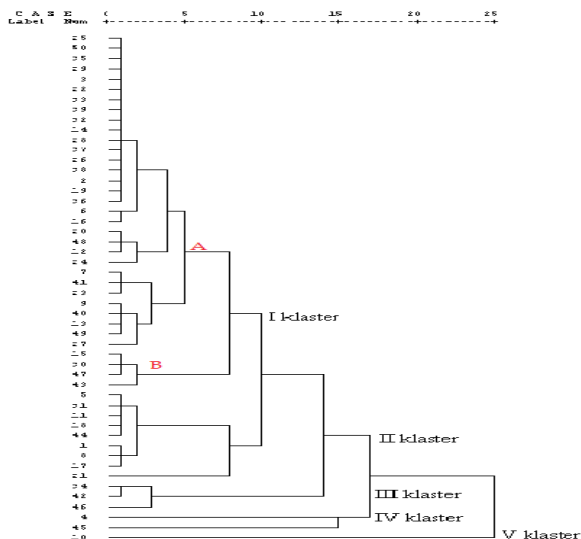
#### Yumşaq buğda nümunələrinin duza davamlılığının tolerantlıq indeksləri əsasında qiymətləndirilməsi

Cari tədqiqat işində, korrelyasiya analizi vasitəsi ilə hər iki şəraitdəki məhsuldarlıqla tolerantlıq indeksləri arasındakı asılılıq tədqiq olunmuşdur. Müəyyən edilmişdir ki, potensial məhsuldarlıqla ( $Y_p$ ) bütün tolerantlıq

indeksləri arasında müsbət və statistik əhəmiyyətli ( $P \leq 0,01$ ) korrelyasiya mövcuddur. Eyni zamanda duzluluq şəraitindəki məhsuldarlıqla ( $Y_s$ ), potensial məhsuldarlıq ( $Y_p$ ) və orta həndəsi məhsuldarlıq arasında müsbət və əhəmiyyətli korrelyasiya müşahidə olunmuşdur ( $r=0,608^{**}$ ,  $r=0,795^{**}$ ). Stresə həssaslıq indeksi ilə normal şəraitdəki məhsuldarlıq ( $r \sim 0,517^{**}$ ) və tolerantlıq inkeksi ( $r \sim 0,660^{**}$ ) arasında da statistik cəhətdən müsbət əhəmiyyətli, lakin stres şəraitindəki məhsuldarlığı ilə stresə həssaslıq indeksi arasında mənfi ( $r \sim -0,295^*$ ) əhəmiyyətli korrelyativ əlaqələrin olduğu müəyyən edilmişdir. Bu da bizim tədqiqatın nəticələrinin doğruluğunu sübut edir.

Apardığımız çoxillik tarla tədqiqatları nəticəsində orta məhsuldarlıq (OM), orta həndəsi məhsuldarlıq (OHM) və stresə həssaslıq indekslərinin (SHİ) davamlı və yüksək məhsuldar genotiplərin seçilməsində əlverişli indekslər olduğu müəyyən edilmişdir. Stres şəraitindəki məhsuldarlıqla, tolerantlıq ( $r \sim -0,177$ ) və stresə həssaslıq indeksləri arasında ( $r \sim -0,610$ ) mənfi əlaqələrin mövcudluğu, həmin göstəricilərin duzluluğa davamlılığın tədqiqində nisbətən məhdud imkanlara malik olduğuna dəlalət edir. Hər iki şəraitdə ən yüksək korrelyativ əlaqə isə, məhsuldarlıqla orta həndəsi məhsuldarlıq arasında (müvafiq olaraq  $r \sim 0,778^{**}$  və  $r \sim 0,795^{**}$ ) müşahidə edilmişdir.

Tədqiq olunan genotiplərin məhsuldarlıq və tolerantlıq indeksləri əsasında klaster analizi aparılmış və nümunələr duza davamlılığına görə qruplaşdırılmışdır (Şəkil 4.). Nəticədə genotiplər 5 klasterə bölünmüş, klasterlər üzrə tolerantlıq göstəriciləri qeyd olunmuşdur. 35 nümunədən ibarət olan I klaster öz növbəsində 2 yarımqrupa ayrılmışdır. Birinci yarımqrupda (A) yerləşən nümunələrin həm tolerantlıq indeksi, həm də stresə həssaslıq indeksi ümumi orta qiymətdən yüksək olmuşdur. Buna görə də, bu yarımqrup orta məhsuldar və orta davamlı olaraq qiymətləndirilmişdir. İkinci yarımqrupda (B) yerləşən 4 nümunənin isə tolerantlıq (-8,8) və stresə həssaslıq indekslərinin (-12,0) qiymətləri ümumi orta göstəricidən aşağı olmuşdur. Orta məhsuldarlıq (40,4) və orta həndəsi məhsuldarlığın (40,1) qiymətlərini də nəzərə alaraq, ümumilikdə bu klaster yüksək məhsuldar və davamlı olaraq qiymətləndirilmişdir.



Şəkil 4. Müxtəlif növmüxtəlifliklərinə aid yumşaq buğda nümunələrinin tolerantlıq indeksləri əsasında qruplaşdırılması.

İkinci klasterdə yerləşən səkkiz nümunə, həm normal, həm də stres şəraitində yüksək məhsuldarlığa malik olmuş, tolerantlıq (3,5) və stresə həssaslıq indekslərinin (4,0) qiymətinə əsasən, davamsız və məhsuldar nümunələr kimi qeydə alınmışdır. Qeyd etmək lazımdır ki, bu qrupa daxil olan nümunələrin normal şəraitdə becərilməsi daha münasibdir.

Üçüncü klasterə daxil olan hər 3 nümunənin, hər iki şəraitdə məhsuldarlıq göstəriciləri orta qiymətə yaxın, tolerantlıq (10,4) və stresə həssaslıq indeksləri (13,0) isə yüksək olmuşdur. Bütün bunları nəzərə alaraq üçüncü klasteri az məhsuldar və davamsız adlandırmaq mümkündür.

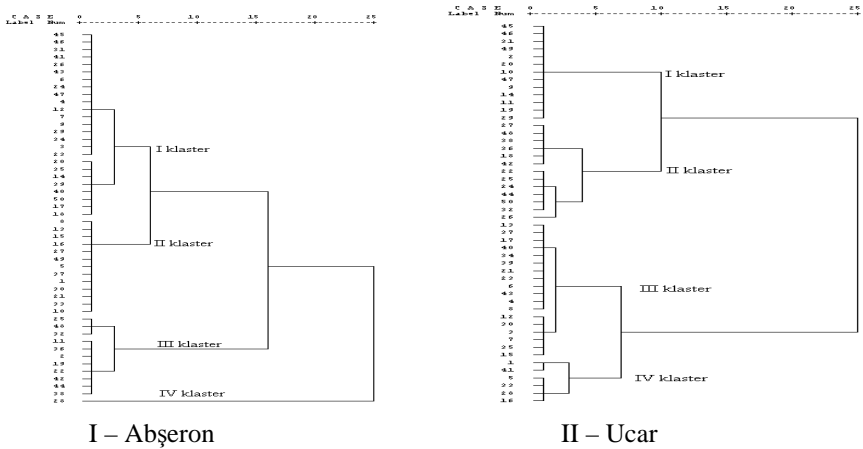
Dördüncü klaster iki nümunədən ibarət olmuşdur ki, bu nümunələr hər iki şəraitdə orta məhsuldar və davamlı nümunələr kimi qeydə alınmışdır.

Beşinci klasterdə qruplaşan Şəkidən (RFS09K-195) toplanmış var. *erythroleucon* növmüxtəlifliyinə aid nümunədə tolerantlıq (-8,4) və stresə həssaslıq indekslərinin (-12,0) qiymətləri orta göstəricidən aşağı, MP, OHM və Ys indekslərinin qiymətləri isə ümumi orta göstəricidən yüksək olmuşdur. Bütün bunları nəzərə alaraq, bu nümunəni də yüksək davamlı və eyni zamanda, yüksək məhsuldar nümunə adlandırmaq olar.

Beləliklə, tolerantlıq indeksləri əsasında qurulmuş klaster analizinin yekun nəticələrinə əsasən, öyrəndiyimiz nümunələrin 73,4%-i davamlı, 22,4%-i orta davamlı və 6,1%-i isə davamsız olmuşdur.

### **Tarla şəraitində buğda bitkisi yarpaqlarında xlorofil sintezinə əsasən duza davamlılığın tədqiqi**

Duzluluq stresinin təsirindən xlorofilin miqdarının azalması, xloroplastların destruksiyası, onların həcmnin kiçilməsinə və nəticədə fotosintezin intensivliyinin zəifləməsinə gətirib çıxarır.



Şəkil 5. Normal (I) və orta şoran (II) torpaqlarda xlorofilin miqdarında baş verən dəyişikliklərə görə yumşaq buğda nümunələrinin qruplaşması.

Cari tədqiqat işində duzluluq stressi zamanı yarpaqlarda xlorofilin miqdarında baş verən dəyişikliklər öz əksini tapmışdır. Bu dəyişiklikləri qeydə almaq üçün, normal və orta şoran torpaqlarda becərilən nümunələrin yarpaqlarında xlorofilin miqdarı SPAD-metr cihazının köməyi ilə ölçülmüş və alınan nəticələr, klaster analizi vasitəsilə müqayisəli şəkildə tədqiq olunmuşdur (Şəkil 5.).

Aparılan tədqiqatlar zamanı, xlorofilin miqdarında baş verən dəyişikliklərə əsasən, hər iki şəraitdə öyrənilən nümunələr 4 əsas kalsterdə qruplaşmışlar. Abşeron ərazisində, normal şəraitdə becərilən nümunələrdə xlorofilin miqdarı 49,3-57,8% arasında dəyişmiş, orta qiyməti 51,2%-ə bərabər olmuşdur. IV klasterdə qruplaşmış 28 saylı nümunə ən yüksək xlorofil miqdarına (57,8%) malik olmaqla, digərlərindən tamamilə fərqlənmişdir. Ucarın orta şoran torpaqlarında becərilən nümunələrdə isə xlorofilin faizlə miqdarı 39,6-49,1% arasında dəyişmişdir. IV klasterdə yerləşmiş 1, 5, 16, 28, 33 və 41 saylı nümunələrdə xlorofilin miqdarı orta göstəricidən 17,1% yüksək olmuşdur və həmin nümunələr duzluluğa tolerantlı nümunələr kimi qiymətləndirilmişdir. Beləliklə, Abşerondan RFS09K-198 (var. *erythroleucon*), Tərtərdən RFS09K-190 (var. *erythroleucon*) və RFS09K-189 (var. *erythroleucon*), Bərdədən RFS09K-187 (var. *erythroleucon*), Oğuzdan RFS08K-18 (var. *graecum*), Zaqataladan RFS09K-243 (var. *lutescens*) nümunələrində hər iki şəraitdə xlorofilin miqdarı orta göstəricidən yüksək olmaqla, duzluluğa yüksək tolerantlı nümunələr kimi seçilmişlər.

#### **4. NÖVDAXİLİ POLİMORFİZMİN DNT MARKERLƏRİ VASİTƏSİLƏ TƏDQIQI**

##### **İSSR praymerlərlə sintez olunmuş allellərin sayı və ölçüsü**

Tədqiqat materialı olaraq seçilmiş, 50 yumşaq buğda genotipləri arasında polimorfizmi öyrənmək məqsədilə 7 müxtəlif ISSR praymerindən istifadə edilmişdir. 7 ISSR praymeri vasitəsilə ümumilikdə 71 amplifikasiya fraqmenti aşkar olunmuşdur ki, onlardan da 65-i polimorf olmuşdur (Cədvəl 2). Amplifikasiya olunmuş bəndlərin sayı 7-16 arasında, polimorfluğun faizlə göstəricisi isə 70-100% arasında dəyişərək, orta qiyməti 91,3%-ə bərabər olmuşdur. Hər bir praymer vasitəsilə amplifikasiya olunmuş bəndlərin və polimorf bəndlərin orta qiymətləri, müvafiq olaraq, 10,1 və 9,3 hesablanmışdır. Ən az bənd sayı UBC 873 (7 bənd), ən yüksək bənd sayı isə UBC 827 (16 bənd) praymerlərində qeydə alınmışdır. Tətbiq olunmuş korrelyasiya analizi polimorfizmin faizi ilə EMR və MI arasında 95% ( $P \leq 0.05$ ) statistik etibarlı, müsbət xətti asılılıqların mövcudluğunu göstərmişdir. Beləliklə, amplifikasiya olunmuş bəndlərin sayı, polimorf bəndlərin sayı, polimorfizmin faizi, PIC, EMR, MI və RP indekslərinin yüksək qiymətləri UBC 811, UBC 841 və UBC 827

praymerlərinin yumşaq buğda genotiplərinin genetik strukturunun tədqiqində effektivliyini sübut edir və gələcəkdə bu istiqamətdə aparılacaq tədqiqatlarda onlardan istifadəni tövsiyə etməyə imkan verir

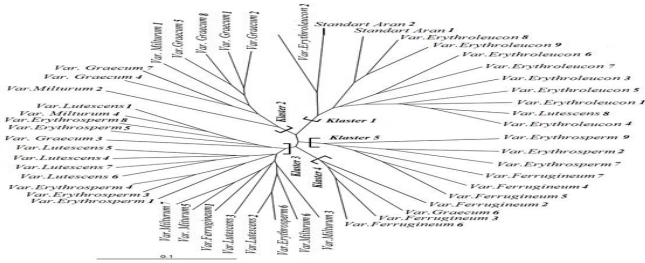
Cədvəl 2.

ISSR markerləri əsasında əldə olunmuş genetik parametrlər

Praymerlər	Ardıcılıq (5'-3')	AOB	PBS	PBF %	PIC	EMR	MI	RP
UBC810	(GA) <sub>8</sub> T	8	7	87,5	0,913	7,12	6,5	4,2
UBC811	(GA) <sub>8</sub> C	9	9	100	0,89	8	7,11	5,32
UBC841	(GA) <sub>8</sub> YC	10	10	100	0,88	10	8,8	6,2
UBC873	(GACA) <sub>4</sub>	7	7	100	0,9	7	6,33	3,2
UBC827	(AC) <sub>8</sub> G	16	16	100	0,77	7	5,38	6,8
UBC112	(GA) <sub>8</sub> A	10	7	70	0,9	4	3,63	3,68
UBC808	(AG) <sub>8</sub> C	11	9	81,81	0,86	6,4	8	3,4
Ümumi	-	71	65	-	-	-	-	-
Orta qiymət	-	10,14	9,28	91,33	0,873	7,07	6,53	4,68

AOB-amplifikasiya olunmuş bəndlər, PBS-polimorf bəndlərin sayı, PBF-polimorf bəndlərin faizi, PIC-polimorf informasiyanın həcmi, EMR-effektiv multipleks nisbəti, MI-marker indeksi, RP-separasiya gücü.

ISSR praymerləri vasitəsilə əldə olunmuş nəticələr əsasında, yumşaq buğda genotipləri arasındakı genetik məsafəni aşkar etmək və onları qruplaşdırmaq məqsədilə Nei genetik məsafə matrisindən istifadə edilmişdir (Şəkil 6.). UPGMA metodunun tətbiqi ilə aparılmış klaster analizi nəticəsində bütün yumşaq buğda nümunələri 5 əsas klasterdə qruplaşmışdır. Ən yaxın genetik oxşarlıq Nei genetik məsafə matrisinin 0,11 qiymətində Qəbələdən var. *lutescens* 8 (RFS09K-245) ilə Şəkidən var. *erythroleucon* 4 (RFS09K-191) arasında, ən uzaq genetik məsafə isə 0,36-ya bərabər Tərtərdən var. *erythroleucon* 1 (RFS09K-189) ilə Oğuzdan var. *erythroleucon* 7 (RFS09K-197) və nəzarət Aran 2 ilə Şəkidən var. *erythroleucon* 4 (RFS09K-191) arasında aşkar edilmişdir. Ən yaxın genetik oxşarlıq Nei genetik məsafə matrisinin 0,11 qiymətində Qəbələdən var. *lutescens* 8 (RFS09K-245) ilə Şəkidən var. *erythroleucon* 4 (RFS09K-191) arasında, ən uzaq genetik məsafə isə 0,36-ya bərabər Tərtərdən var. *erythroleucon* 1 (RFS09K-189) ilə Oğuzdan var. *erythroleucon* 7 (RFS09K-197) və nəzarət Aran 2 ilə Şəkidən var. *erythroleucon* 4 (RFS09K-191) arasında aşkar edilmişdir.



Şəkil 6. ISSR markerləri əsasında 50 yumşaq buğda genotipinin klaster analizi əsasında qruplaşdırılması.

Cari tədqiqat işində, həmçinin, genom səviyyəsində genetik polimorfizmin öyrənilməsi məqsədilə 7 müxtəlif nüvə mikrosatellit praymerlərindən istifadə edilmişdir (Cədvəl 3.). Analiz nəticəsində 7 SSR praymer cütü ilə 50 nümunə üçün, ümumilikdə, 48 allel sintez olunmuşdur ki, hər bir praymer cütü ilə sintez olunan allellərin sayı 4 (*Xgwm389*) ilə 7 (*Xgwm337*) arasında dəyişmişdir. Fraqmentlərin rastgəlmə tezliyi 0,14-0,35, orta göstəricisi isə 0,23-ə bərabər olmuşdur. PIC əmsalının ən yüksək qiyməti *Xgwm190* (0,672), *Xgwm261* (0,605), *Xgwm337* (0,606) və *Xgwm46* (0,579) praymerlərində müşahidə edilmişdir və bu lokuslar genetik müxtəlifliyin təyində daha effektiv olmuşdur.

Cədvəl 3.

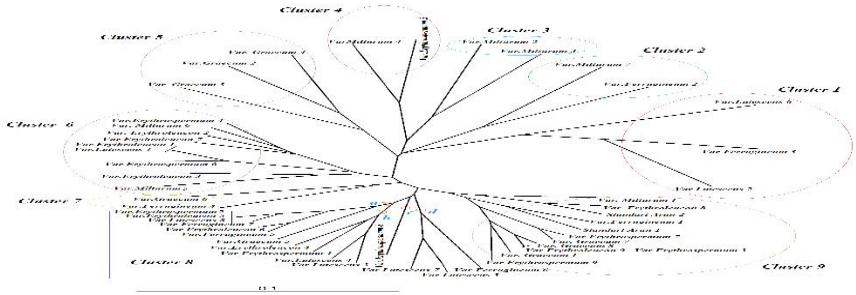
Yumşaq buğdanın SSR markerləri əsasında əldə olunmuş genetik parametrləri

Lokus	AS	MI	PIC	PI	EMR	D	RP
<i>Xgwm437</i>	7	3,73	0,533	0,245	7	0,75	1,32
<i>Xgwm261</i>	5	3,03	0,605	0,234	5	0,77	2,0
<i>Xgwm577</i>	6	2,57	0,428	0,355	6	0,64	1,08
<i>Xgwm190</i>	7	4,7	0,672	0,14	7	0,86	1,92
<i>Xgwm46</i>	6	3,47	0,579	0,206	6	0,79	1,52
<i>Xgwm389</i>	4	2,0	0,502	0,281	4	0,72	1,28
<i>Xgwm337</i>	7	4,24	0,606	0,18	7	0,82	1,6
Orta qiymət	6	3,39	0,561	0,234	6	0,76	1,53

AS-allellərin sayı, MI-marker indeksi, PIC-polimorf informasiya həcmi, PI-eynilik ehtimalı, EMR-effektiv multipleks nisbəti, D-diskriminasiya, RP-separasiya gücü.

Nüvə mikrosatellit lokusları əsasında genetik oxşarlığı müəyyən etmək və onlar arasındakı qohumluq əlaqələrini öyrənmək məqsədilə Nei genetik məsafə matrisi qurulmuşdur.





Şəkil 7. SSR markerləri əsasında Azərbaycan mənşəli 50 yumşaq buğda genotipinin klaster analizi əsasında qruplaşdırılması.

Beləliklə, 7 mikrosatellit praymer cütü əsasında tərtib etdiyimiz den-droqramda, genotiplər 9 klaster və 4 yarımqrupda birləşmiş və genotiplər arasında genetik məsafə indeksinin qiyməti 0,075-0,15 intervalında dəyişmişdir. Nəzarət Aran, var. *milturum* və var. *graecum* növmüxtəliflikləri digər nümunələrdən uzaqda, ayrıca fərqli qrupda lokallaşdıqları halda, var. *ferrugineum*, var. *lutescens*, var. *erythrosperrum* və var. *erythroleucon* növmüxtəlifliklərinə məxsus nümunələr bir-birinə yaxın genetik məsafədə qruplaşmışlar. Ən maraqlı nəticələrdən biri, tədqiq olunan nümunələrdən 2-nin- RFS09K-226 (var. *erythrosperrum*) nümunəsi ilə RFS09K-199 (var. *erythroleucon*) arasında genetik cəhətdən oxşarlığın aşkar olunmasıdır. Belə ki, SSR markerlərin nəticələrinə əsasən, morfoloji baxımdan tam fərqlənən bu iki nümunə, genom səviyyəsində oxşar olmuşdur. Qruplaşan nümunələrin qohumluq dərəcələrini əks etdirən bu informasiya genetik tədqiqatlarda çarpazlaşdırılacaq genotiplərin seçimində uğurla istifadə edilə bilər.

## NƏTİCƏLƏR

1. Yumşaq buğdanın (*Triticum aestivum* L.) müxtəlif ekoloji şəraitlərdə becərilən 6 növmüxtəlifliyinə aid 50 nümunəsi arasında 10 morfoloji kəmiyyət əlamətlərinə görə orta statistik əhəmiyyətli ( $P < 0,01$ ) genetik müxtəliflik müəyyən edilmişdir. Tarla şəraitində RFS09K-199 (var. *erythroleucon*), RFS09K-222 (var. *erythrosperrum*), RFS08K-37 (var. *graecum*), RFS08K-19 (var. *milturum*), RFS09K-243 (var. *lutescens*), RFS08K-18 (var. *graecum*), RFS09K-195 (var. *erythroleucon*) növmüxtəlifliklərinin məhsuldarlığının və duza davamlılığının yüksək olduğu aşkar edilmişdir.

2. Laboratoriya təcrübələri əsasında 0,2 M NaCl məhlulunda toxumların cücərmə qabiliyyətinə görə tədqiq olunan, *var. erythroleucon* növmüxtəlifliyinə aid nümunələrin davamlı, *var. erythrospermum*, *var. milturum*, *var. graecum* və *var. lutescens* növmüxtəlifliklərinə aid olan nümunələrin orta davamlı, *var. ferrugineumun*-a mənsub olan nümunələrin isə davamsız olduğu müəyyən edilmişdir.
3. GGE biplot analizi nəticəsində 6 növmüxtəlifliyini təmsil edən, 50 nümunə içərisindən davamlı və genetik cəhətdən fərqli 20 yumşaq buğda nümunəsi seçilərək əlamət kolleksiyasına daxil edilmişdir.
4. 7 İSSR praymeri vasitəsilə yumşaq buğda növmüxtəliflikləri üçün ümumilikdə 91% polimorfizm aşkar edilmişdir. UBC 811, UBC 841 və UBC 827 praymerlərinin yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin identifikasiyasında daha effektiv olması müəyyən edilmişdir.
5. 7 SSR praymer cütü ilə 50 nümunə üçün 48 amplikon sintez olunmuş, amplikonların uzunluğu 86-223 n.c. arasında dəyişmişdir. 7 mikrosatellit lokusu arasında - *Xgwm190* (0,672), *Xgwm261* (0,605) və *Xgwm337* (0,606) polimorf informasiya həcminin (PIC) maksimum qiymətlərinə malik olmuş və bu lokusların genetik müxtəlifliyin təyininə daha effektiv olduğu müəyyən edilmişdir.
6. Stres şəraitində bəzi növmüxtəlifliklərinə aid (*var. lutescens*, *var. erythroleucon*, *var. graecum*, *var. milturum*) üstün biomorfoloji əlamətlərə malik nümunələrdə *Xgwm190*, *Xgwm46* və *Xgwm389* - mikrosatellit lokusları vasitəsilə nadir fraqmentlər qeydə alınmışdır. Klaster analizi nəticəsində tədqiq olunan nümunələrdən 2-nin RFS09K-226 (*var.erythrospermum*) nümunəsi ilə RFS09K-199 (*var. erythroleucon*) morfoloji cəhətdən fərqli, lakin genom səviyyəsində oxşar olduğu aşkar edilmişdir.

## TÖVSIYƏLƏR

1. Duzluluq şəraitində GGE biplot analizi nəticəsində seçilmiş RFS09K-199 (*var. erythroleucon*), RFS09K-222 (*var. erythrospermum*), RFS08K-37 (*var. graecum*) və RFS08K-19 (*var. milturum*), RFS09K-243 (*var. lutescens*), RFS08K-18 (*var. graecum*), RFS09K-195 (*var. erythroleucon*) nümunələrin orta şoran torpaqlarda əkilməsi və duza davamlı yeni sortların yaradılmasında valideyn forması kimi istifadə olunması tövsiyə olunur.
2. Yumşaq buğda nümunələrinin duza davamlılığına görə genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsində, həmçinin nümunələrin pasportlaş-

dırılması və identifikasiyasında Xgwm190, Xgwm337, Xgwm261 və Xgwm46 - effektiv və informativ markerlər kimi istifadə edilməsi tövsiyə olunur.

### **Dissertasiyanın mövzusu üzrə nəşr olunan elmi əsərlərin siyahısı**

1. **Nuriyeva S.A., Ram Sharma** Influence of salt stress on the local bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in Azerbaijan / International Conference “Diversity, characterization and utilization of plant genetic resources for enhanced resilience to climate change”, October 3-4, 2011, Baku, Azerbaijan, p. 63-64.
2. **Нуриева С.А.** Реакция некоторых разновидностей мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) при адаптации к засолению / Материалы V Международной научной конференции, Казахстан, Алматы, 2011, с. 162-163.
3. **Нуриева С.А.** Оценка солеустойчивости мягкой пшеницы (*T.aestivum* L.) по физиологическим показателям / “Интродукция нетрадиционных и редких растений” Материалы X Международной научно- методической конференции, посвященной памяти Ак. РАСХН Немцева Николая Сергеевича, 25-28 июня 2012 года, с. 298-299.
4. **Нуриева С.А.** Наследование количественных признаков у внутривидовых гибридов мягкой пшеницы (*T.aestivum* L.) // АМЕА Генетик Ehtiyatlar Institututunun Elmi Əsərləri, 2012, IV cild, s. 36-38.
5. **Nuriyeva S.Ə.** Müxtəlif botaniki növmüxtəlifliklərinə aid yerli yumşaq buğda nümunələrinin (*Triticum aestivum* L.) duzadavamlılığının müqayisəli öyrənilməsi // Azərbaycan Elmi-Tədqiqat Əkinçilik İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi, XXIV, 2013, s. 107-109.
6. **Nuriyeva S.** Crop improvement in saline soils / Bakı Dövlət Universiteti, III Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları. Bakı, 7-8-May, 2013, s.144-145.
7. **Nuriyeva S.** Chlorophyll content as criterion for the diagnosis salt stress in wheat (*Triticum aestivum* L.) plants / Journal of Qafqaz University - Chemistry and biology, 2013, Volume 1, Number 1, p. 150-151.
8. **Nuriyeva S., Akparov Z. Abbasov M.,Khalikulov Z., R. Sharma.** Evaluation of wheat genetic resources in Azerbaijan / Antalya, Turkey, 2013, 14 November, p.615.
9. **Nuriyeva S.Ə., Əkpərov Z.İ., Abbasov M.Ə., Ocaqi C.M., Rüsəmov X.N., Sharma R.C.** Yumşaq buğda (*T.aestivum* L.) nümunələrində genetik müxtəlifliyin ISSR markerlərlə qiymətləndirilməsi // АМЕА-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), 2014, c. 69, №2, s. 95-101.
10. **Sevinj Nuriyeva, Zeynal Akparov, Elchin Hajiyev, Mehraj Abbasov, Ram Sharma.** Evaluation of wheat genetic resources of Azerbaijan on normal

and saline fields // Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 2016, Volume 40 (2), p. 186-193,

11. **Nuriyeva S.Ə.** Yumşaq Buğda (*T.aestivum* L.) növmüxtəlifliklərinin duza davamlılığının biplot statistik analiz üsulu ilə qiymətləndirilməsi // Azərbaycan Elmi – Tədqiqat Əkinçilik İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi XXVIII cild, 2017, s.76-80.

12. **Нуриева С.А.** Роль ЇSSR маркеров при оценки полиморфизма у разновидностей мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) // Science Review Open Access Peer-reviewed Journal Warsaw, Poland, January 2018, Vol.2, 1 (8), p. 20-23.

13. **Nuriyeva S.** Allel diversity of Azerbaijan bread wheat (*Triticum aestivum* L.) by SSR markers / Akademik Həsən Əliyevin 110 illik yubileyinə həsr olunmuş “Ekologiya: Təbiət və cəmiyyət problemləri” III Beynəlxalq Elmi Konfransın Materialları, Bakı, 2017, 26-27 dekabr, s.229.

**ОЦЕНКА И ПУТИ УЛУЧШЕНИЯ ПРИЗНАКОВ СВЯЗАННЫХ С СОЛЕУСТОЙЧИВОСТЬЮ У РАСТЕНИЙ МЯГКОЙ (*Triticum aestivum* L.) ПШЕНИЦЫ**

**РЕЗЮМЕ**

Оценка солеустойчивости 50 образцов шести разновидностей мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.), проводилась в условиях лаборатории, в теплице и в полевых (норма и среднее засоление) условиях. На основании результатов лабораторных исследований всхожести семян, при проращивании их в растворе 0,2 М NaCl, образцы разновидности var. *erythroleucon* проявили себя как устойчивые, образцы разновидностей var. *erythrosperrum*, var. *milturum*, var. *graecum*, var. *lutescens*, как среднеустойчивые, а образцы, относящиеся к разновидности var. *ferrugineumun*, как слабоустойчивые. Среди образцов мягкой пшеницы, выращиваемых в различных экологических условиях, было выявлено среднее статистически достоверное ( $P < 0,01$ ) генетическое разнообразие по десяти морфологическим признакам. В полевых условиях, высокими показателями продуктивности и солеустойчивости отличились образцы RFS09K-199 (var. *erythroleucon*), RFS09K-222 (var. *erythrosperrum*), RFS08K-37 (var. *graecum*), RFS08K-19 (var. *milturum*), RFS09K-243 (var. *lutescens*), RFS08K-18 (var. *graecum*) и RFS09K-195 (var. *erythroleucon*). В результате GGE-биplot анализа, из 50 образцов шести разновидностей мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) в признаковую коллекцию было включено 20 устойчивых образцов с высокой генетической вариабельностью. С использованием 7 ISSR праймеров был выявлен 91% уровень генетического полиморфизма у разновидностей мягкой пшеницы. Праймеры UBC 811, UBC 841 и UBC 827 были определены как наиболее эффективные для идентификации образцов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.). С применением 7 пар SSR праймеров самыми высокими величинами информационного полиморфизма (PIC) обладали праймеры Xgwm190 (0,672), Xgwm261 (0,605) и Xgwm337 (0,606), которые были определены как наиболее эффективные в обнаружении генетического разнообразия образцов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.). В стрессовых условиях, у образцов некоторых

разновидностей (*var. lutescens*, *var. erythroleucon*, *var. graecum*, *var. milturum*), обладающих высокими биоморфологическими показателями, с помощью микросателлитных праймеров Xgwm190, Xgwm46 и Xgwm389, были выявлены редкие аллели. В результате кластерного анализа 2 генотипа RFS09K-226 (*var. erythrospERMum*) и RFS09K-199 (*var. erythroleucon*) будучи морфологически различными, на уровне генома показали близкое сходство.

## EVALUATION OF TRAITS RELATED TO SALINITY TOLERANCE IN BREAD WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.) AND THEIR GENETIC IMPROVEMENT

### SUMMARY

The present PhD thesis was devoted to complex study of 50 samples from 6 varieties of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) which has been done in laboratory, greenhouse and field (normal and medium saline) conditions. As a result of the research, after seed germination in 0.2 M NaCl solution samples from var. erythroleycon were resistant, samples from var. *erythrospermum*, var. *milturum*, var. *graecum*, var. *lutescens* were moderately resistant and samples from var. *ferrugineum* were susceptible. Among of 50 genotypes from 6 varieties of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under different environmental conditions, statistically significant genetic diversity ( $P < 0.01$ ) was found for 10 morphological traits. The genotypes RFS09K-199 (var. *erythroleycon*), RFS09K-222 (var. *erythrospermum*), RFS08K-37 (var. *graecum*), RFS08K-19 (var. *milturum*), RFS09K-243 (var. *lutescens*), RFS08K-18 (var. *graecum*), RFS09K-195 (var. *erythroleycon*) showed a high yield and resistance to salinity in field conditions. As a result of the GGE biplot analysis, a trait collection was created by selecting 20 bread wheat samples with high resistance and broad genetic variation and included into the trait collections and carry economically valuable traits can be used as a material for creating new valuable varieties and initial breeding material with new properties. Genetic diversity of bread wheat genotypes was studied in genome level by using 7 ISSR primers. The average percent of polymorphism were calculated 91%. Between studied primers the primers UBC 811, UBC 841 and UBC 827 were identified to be more effective in identification of bread wheat accessions. As a result of molecular analyses using 7 SSR primers the highest polymorphism information content (PIC) was observed in *Xgwm190* (0,672), *Xgwm261* (0,605) and *Xgwm337* (0,606) primers and these primers were recognized to be the most appropriate primers for studies related to genetic diversity of bread wheat. With *Xgwm190*, *Xgwm46* and *Xgwm389* primers were identified rare alleles from the samples of from var. *lutescens*, var. *erythroleycon*, var. *graecum*, var. *milturum*. Dendrogram based on Nei genetic distance matrix identified two samples RFS09K-226 (var. *erythrospermum*) and RFS09K-199 (var. *erythroleycon*) being morphologically different, showed close similarity at the genetic level.

**НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК АЗЕРБАЙДЖАНА  
ИНСТИТУТ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ**

---

*На правах рукописи*

**СЕВИНДЖ АСАД ГЫЗЫ НУРИЕВА**

**ОЦЕНКА И ПУТИ УЛУЧШЕНИЯ ПРИЗНАКОВ СВЯЗАННЫХ С  
СОЛЕУСТОЙЧИВОСТЬЮ У РАСТЕНИЙ МЯГКОЙ (*Triticum  
aestivum* L.) ПШЕНИЦЫ**

**2409.01 – Генетика**

**А В Т О Р Е Ф Е Р А Т**

Диссертации представленной на соискание ученой  
степени доктора философии по биологии

**БАКУ - 2018**