

**AZƏRBAYCAN MİLLİ ELMLƏR AKADEMİYASI
BOTANİKA İNSTİTUTU**

Əlyazması hüququnda

SEVİL BƏHRƏM QIZI SADIQOVA

**YUMŞAQ BUĞDA NÖVMÜXTƏLİFLİKLƏRİNİN DƏNİNİN
KEYFİYYƏT ƏLAMƏTLƏRİ VƏ GENETİK
ŞƏRTLƏNDİRİLMİŞ PROLAMİNLƏRİN POLİMORFİZMİ**

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 – 2014

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

Elmi rəhbər: b.ü.f.d., dos. H.B.Sadıqov

Rəsmi opponetlər: b.e.d., prof. R.T.Əliyev
b.ü.f.d. Ə.Ç.Məmmədov

Aparıcı təşkilat: Azərbaycan Elmi - Tədqiqat Əkinçilik İnstitutu,
“Dənli bitkilərin seleksiyası və toxumçuluğu”
laboratoriyası

Dissertasiyanın müdafiəsi “_21_” “_noyabr_” 2014-cü il saat _11⁰⁰_ da Azərbaycan MEA Botanika İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən D.01.061. Dissertasiya Şurasının yığıncağında aşağıdakı ünvanda keçiriləcəkdir.

Ünvan: Bakı şəhəri, AZ1073, Badamdar şossesi, 40

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

Dissertasiyanın avtoreferatı “_20_” “_oktyabr_” 2014-cü il tarixində göndərilmişdir.

***D.01.061 Dissertasiya
Şurasının elmi katibi,
biologiya elmləri doktoru, prof.***

S.C.İBADULLAYEVA

GİRİŞ

Mövzunun aktuallığı: Yer kürəsində əhalinin intensiv artımı ərzaq məhsulları ehtiyatının yüksəldilməsini tələb edir. Müasir dövrdə ərzaq təhlükəsizliyi hər bir ölkənin iqtisadi və siyasi mövqeyinin əsasını təşkil edir (Buhutta et al., 2006).

Dünyada insanların ərzaq qıtlığından əziyyət çəkməsi və bunun üçün qabaqlayıcı tədbirlərin görülməsi günün ən vacib problemlərindəndir. Bu problemin həlli kənd təsərrüfatı bitkilərinin məhsuldarlığının artırılması ilə aradan qaldırıla bilər (Khan, Azam, Ali, 2010).

Hazırda yüksək dən keyfiyyətinə malik, məhsuldar və plastik sortların yaradılması əsas prioritet məsələlərindəndir (Christiansen, Andersen, Ortiz, 2002). Müxtəlif torpaq-iqlim şəraitinə malik olan ölkəmiz üçün bu məsələnin həlli aktual olaraq qalmaqdadır. Bu məqsədlə ilk növbədə müxtəlif mənşəli yumşaq buğda nümunələrinin hərtərəfli tədqiqi aparılmalı, biomorfoloji, biokimyəvi və molekulyar markerlər əsasında genetik müxtəlifliyi öyrənilməli, nümunələrarası genetik məsafələr aydınlaşdırılmalı, genotiplərin genetik pasportları tərtib edilərək, identifikasiyası həyata keçirilməlidir. Eyni zamanda genbanklarda saxlanılan yumşaq buğda nümunələrinin çörəkbişirmə keyfiyyəti təyin edilməli və onların praktiki dəyəri müəyyənləşdirilməlidir.

Kleykovina zülalları adlandırılan qliadin və qlütenin ehtiyat zülalları buğda dəninin endosperminin 80%-ni təşkil etməklə, onun çörəkbişirmə keyfiyyətini müəyyən edir (Созинов, 1985). Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin unundan alınmış çörəyin keyfiyyət göstəriciləri, əsasən, qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının miqdarı və nisbətindən asılı olduğundan, bu zülalların keyfiyyət göstəricilərinin genetik markerlər kimi öyrənilməsi elmi və praktiki cəhətdən olduqca aktualdır (Бебякин, Старичкова, Дорогобед, 2003). Çörəyin keyfiyyəti sortun xüsusiyyətləri ilə müəyyənləşdirilir. Çörək insan orqanizminə lazım olan üzvi və qeyri-üzvi maddələrlə zəngindir. Yüksək keyfiyyətli çörək məmulatlarını bişirmək məqsədi ilə dünyada müxtəlif istiqamətlərdə, o cümlədən hibridləşmə və digər üsulların tətbiqi ilə, həmçinin istehsal olunmuş buğda ununa müxtəlif əlavələrin edilməsi ilə çörəyin keyfiyyətinin yaxşılaşdırılması istiqamətində geniş elmi tədqiqat işləri aparılır (Мелешкина, 2006).

Qliadin və qlüteninin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən allellərin identifikasiyası və dən keyfiyyət göstəriciləri ilə əlaqəli olan zülal markerləri əsasında qısa zaman müddətində yüksək məhsuldar və keyfiyyətli dənə malik sort və formaların yaradılması mümkündür. Bu sahədə çalışan

genetik və seleksiyaçıların qarşısında duran əsas məsələlərdən biri də buğdanın məhsuldarlığı ilə yanaşı, onun çörəkbişirmə keyfiyyətinin yüksəldilməsidir.

Tədqiqatın məqsədi və vəzifələri: Tədqiqat işində məqsəd Azərbaycanın yumşaq buğda növünə aid olan növmüxtəlifliklərinin dənələrinin texnoloji göstəricilərinin öyrənilməsi, nümunələrin morfoloji, biokimyəvi və molekulyar markerlər əsasında genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi ilə pasportlaşdırılması olmuşdur. Bu məqsədə nail olmaq üçün qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

- *T.aestivum* L. növünə aid yerli buğda genotiplərinin genetik müxtəlifliyinin biomorfoloji - kəmiyyət əlamətləri əsasında öyrənilməsi;
- Tədqiqat obyektini kimi seçilmiş nümunələrin dənələrinin texnoloji göstəricilərinin müqayisəli tədqiqi;
- Genotiplərin qliadin və qlütenin zülal markerləri əsasında identifikasiyası və pasportlaşdırılmasının aparılması;
- Nümunələrin qliadin ehtiyat zülallarının allel komponentlər bloklarının təyini və onların dəninin keyfiyyət göstəriciləri ilə asılılığının araşdırılması;
- Genetik şərtləndirilmiş qliadin-qlüteninkodlaşdıran lokusların polimorfizmi əsasında nümunələrin genetik yaxınlığının tədqiqi;
- Müxtəlif molekulyar markerlərdən istifadə etməklə nümunələrin genom səviyyəsində genetik müxtəlifliyinin müqayisəli öyrənilməsi;
- Nümunələrin biomorfoloji əlamətləri ilə dəninin keyfiyyət göstəricilərinin, həmçinin zülal, RAPD və ISSR markerləri ilə əldə olunmuş nəticələrin müqayisəli təhlili.

Elmi yeniliklər: İlk dəfə olaraq, çoxölçülü statistik metodların tətbiqi nəticəsində dəninin yüksək keyfiyyət əlamətlərinə malik yerli yumşaq buğda növmüxtəliflikləri seçilmiş və nümunələrin genetik müxtəlifliyi prolamin zülal, RAPD və ISSR molekulyar markerləri əsasında kompleks şəkildə tədqiq edilərək, genotiplərarası genetik məsafələr müəyyən olunmuşdur. Bunlarla yanaşı, nümunələrdə qliadin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən qliadinkodlaşdıran lokusların (*Gli 1B* və *Gli 6A*) yeni allel komponentlər blokları - *Gli 1B23*, *Gli 1B24*, *Gli 1B25*, *Gli 1B26*, *Gli1B27*, *Gli 6A14*, *Gli 6A15*, *Gli 6A16* identifikasiya edilmişdir.

İşin praktiki əhəmiyyəti: Çoxölçülü statistik analiz metodlarının tətbiqi ilə 14 biomorfoloji – kəmiyyət əlamətinin kompleks şəkildə təhlili nəticəsində tədqiqat obyektini olan 149 nümunə arasından 62, 65, 70, 74, 98, 108, 114, 115,

116, 128 və 140 sayılı genotiplər yüksək məhsuldar nümunələr kimi seçilmişlər.

Dənlərinin şüşəvariliyi 40-60% arasında olan, 1000 dəninin kütləsi, dənlərində kleykovinanın miqdarı, KDƏ, sedimentasiya, zülalın miqdarı yüksək olan *v. greacum 275*, *v. ps. barbarossa 143*, *v. pyrotrix 169*, *v. delfi 311*, *v. cyanotrix 53*, *v. renovatum 28*, *v. erythroleucon 219* və *v. ferrugineum 298* genotipləri sadalanan göstəriciləri ilə digər nümunələrdən fərqlənərək, gələcək seleksiya proqramlarında çörəkbişirməyə yararlı münasib valideyn formaları kimi istifadə üçün tövsiyə olunmuşlar. *V. leucospermum 317*, *v. renovatum 28*, *Anza (st.)*, *v. rubnomirumum 54* və *v. ps. barbarossa 113* genotiplərinin dənlərinin unundan bişirilmiş çörəklərin keyfiyyət göstəricilərinin ümumi qiyməti əla bal ilə qiymətləndirildiyindən, bu nümunələrin çörəkbişirmə sənayesində yüksək keyfiyyətli çörəklərin istehsalı üçün istifadələri tövsiyə edilir.

Böyük ərazilərdə əkilən sortların təmizliyinin monitorinqinin zülal genetik markerləri ilə həyata keçirilməsi aqrar elmi mərkəzlər, kənd təsərrüfatı məhsullarının istehsalı ilə məşğul olan fermer təsərrüfatları və sahibkarlar üçün iqtisadi cəhətdən səmərəlidir.

Tədqiqat işində müxtəlif genetik markerlərlə fenotip və genotip səviyyələrində nümunələrin genetik yaxınlığı araşdırılmışdır ki, bu da öyrənilən yumşaq buğda populyasiyasında genetik müxtəlifliyin səviyyəsinin müəyyənləşdirilməsində əhəmiyyətli olub, nümunələrdən seleksiya proqramlarında düzgün şəkildə istifadəni proqnozlaşdırmağa imkan verir.

Qliadin kodlaşdıran lokusların allel komponentlər bloklarının dənin keyfiyyət əlamətləri ilə ilişkililiyinin araşdırılması nəticəsində *Gli 1A4* ilə kleykovinanın keyfiyyəti arasında asılılıq aşkar edilmişdir. Bu işə marker əsaslı seçmə proqramlarından istifadə etməklə seleksiya işinin sürətləndirilməsi və gücləndirilməsinə imkan verir.

Aprobasiya: Dissertasiya işinin əsas nəticələri Genetik Ehtiyatlar İnstitutunda keçirilmiş I Beynəlxalq elmi konfransda (Bakı, 2006), Bakı Dövlət Universitetində “Biologiyanın müasir problemləri” mövzusunda keçirilmiş respublika elmi konfransında (Bakı, 2008), Bakı Dövlət Universitetinin 90 illik yubileyinə həsr olunmuş, “Biologiyada elmi nailiyyətlər” mövzusunda keçirilmiş respublika elmi konfransında (Bakı, 2009), Ukraynada keçirilmiş beynəlxalq elmi konfransda (Odessa, 2012), Qafqaz Universitetində keçirilmiş gənc tədqiqatçıların I Beynəlxalq elmi konfransında (Bakı, 2013), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi

seminarlarında (Bakı, 2014), AMEA Botanika İnstitutunun Seminar Şurasında (Bakı, 2014) məruzə edilərək müzakirə olunmuşdur.

Nəşrlər: Dissertasiya işinə aid 13 elmi əsər nəşr olunmuşdur.

Dissertasiyanın quruluşu və həcmi: Dissertasiya işi giriş, 5 fəsil, yekun, nəticə, tövsiyələr, istifadə edilmiş ədəbiyyat siyahısı və əlavələrdən ibarət olub, ümumi həcmi 207 səhifədir. Dissertasiya işində 31 cədvəl və 48 şəkil verilmiş, 196 ədəbiyyat mənbəyindən istifadə olunmuşdur.

2.TƏDQIQATIN MATERIALI VƏ METODİKASI

Tədqiqat obyektini kimi Azərbaycanın müxtəlif bölgələrinə məxsus 29 növmüxtəlifliyinə aid 149 yumşaq buğda (*T.aestivum* L.) nümunəsindən istifadə olunmuşdur. Biomorfoloji-kəmiyyət əlamətlərini tədqiq etmək üçün RCBD üsulu ilə əkilmiş hər genotip üzrə 10 bitki nümunəsi cərgələrin orta hissələrindən (cərgənin kənarlarındakı 25 sm-lik məsafələr nəzərə alınmadan) təsadüfi olmaqla seçilərək etikətlənmiş və bu 10 bitki nümunəsində ölçülmüş əlamətlərin orta qiyməti statistik analizlərə daxil edilmişdir.

Dənin texnoloji analizləri - 1000 dənin kütləsi (DÖST-10840-64), şüşəvarilik (DÖST-10842-64), kleykovinanın (qlüten) miqdarı (DÖST-13586.1-68), kleykovinanın deformasiya əmsalı (İDK-1 aparatında) və sedimentasiya göstəricilərinin (makrometod əsasında sirkə turşusu vasitəsilə) təyini dövlət standartlarına uyğun olaraq aparılmışdır.

Qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının polimorfizmini tədqiq etmək məqsədilə bu zülallar F.A. Poperelya və digərləri (1989) tərəfindən modifikasiya edilmiş W.Bushuk və R.R.Zillman (1978) metodikası ilə ekstraksiya olunmuş və poliakrilamid gəllərində (Acid-PAGE) elektroforez edilmişdir.

Genetik müxtəlifliyi nüvə genomu səviyyəsində 22 RAPD və 20 ISSR praymeri əsasında öyrənmək məqsədilə total DNT Doyle J.J və Doyle J.L (1990) tərəfindən təklif etdilmiş CTAB metodu əsasında buğda nümunələrinin yarpaqlarından ekstraksiya edilmiş, müvafiq praymerlər vasitəsilə PZR-lar aparılmış, amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentləri 1.2%-li aqaroza gəllərində elektroforez olunmuşdur.

Nəticələrin statistik analizlərində SPSS, PAST, MSTATC və PowerMarker kimi kompüter proqram paketlərindən istifadə olunmuşdur.

3. YUMŞAQ BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN KƏMİYYƏT VƏ KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİ ƏSASINDA ÖYRƏNİLMƏSİ

3.1. Çoxölçülü statistik metodlarla biomorfoloji-kəmiyyət əlamətlərinin genetik müxtəlifliyinin tədqiqi

Genetik müxtəlifliyin öyrənilməsi məqsədi ilə 149 yumşaq buğda nümunəsində ölçülmüş 14 biomorfoloji - kəmiyyət əlamətinin statistik parametrləri müəyyən edilmişdir. Məlum olmuşdur ki, öyrənilən yumşaq buğda nümunələrində bitkinin boyu əlaməti ilə buğumların sayı, sünbül altlığının uzunluğu, qılçıqın uzunluğu və əsas sünbülün uzunluğu arasında müsbət, əsas sünbülün kütləsi, əsas sünbüldə dənələrin sayı, sünbülcükdəki dənələrin sayı və sünbülün sıxlığı əlamətləri arasında mənfi, etibarlı korrelyasiyalar mövcuddur.

Korrelyasiya analizi məhsuldar gövdələrin sayı ilə bir bitkinin məhsuldarlığı arasındakı korrelyasiyanın 1% ehtimalıqla müsbət və güclü ($r=0.587$) olduğunu göstərmişdir. Reqrəssiya analizi nəticəsində məhsuldar gövdələrin sayı əlamətinin tədqiq edilən yumşaq buğda nümunələrində məhsuldarlığın əsas komponentlərindən olduğu müəyyənləşdirilmişdir. Bu nəticə “Path” analiz üsulunun tətbiqi ilə də təsdiqlənmişdir (cədvəl 3.1). Belə ki, bu əlamətin məhsuldarlığa bilavasitə təsiri yüksək (0.480) olmuşdur. Sadalananlar tədqiq olunan yumşaq buğda nümunələrində məhsuldar gövdələrin sayı əlamətinin seleksiya yolu ilə dolayı olaraq məhsuldarlığın yaxşılaşacağını proqnozlaşdırmağa imkan verir.

Cədvəl 3.1

Biomorfoloji-kəmiyyət əlamətlərinin məhsuldarlığa göstərdikləri birbaşa və dolayı təsirlərinin qiymətləri

Əlamətlər	MGS	BB	BS	SAU	QU	ƏSU	ƏSK	SDS	ƏSDS	SS	MDK	SSS	r
MGS	0.480	0.000	-0.001	-0.001	-0.001	-0.004	0.091	0.001	0.027	-0.003	0.006	-0.006	0.587
BB	-0.002	0.072	-0.006	0.009	0.002	-0.023	-0.096	-0.036	-0.060	0.029	0.017	0.004	-0.092
BS	0.051	0.033	-0.014	0.002	0.000	-0.016	0.092	-0.003	0.012	0.005	0.007	-0.004	0.166
SAU	-0.032	0.064	-0.003	0.010	0.003	-0.02	-0.140	-0.036	-0.07	0.029	0.015	0.008	-0.172
QU	-0.105	0.027	-0.001	0.005	0.006	-0.005	-0.108	-0.01	-0.045	0.013	-0.012	0.011	-0.225
ƏSU	0.043	0.033	-0.004	0.004	0.001	-0.050	0.253	-0.005	0.036	0.018	0.040	-0.011	0.358
ƏSK	0.073	-0.012	-0.002	-0.002	-0.001	-0.021	0.522	0.040	0.133	-0.024	0.053	-0.020	0.809
SDS	0.008	-0.034	0.000	-0.005	-0.001	0.003	0.308	0.077	0.123	-0.031	-0.022	-0.009	0.416
ƏSDS	0.079	-0.026	-0.001	-0.004	-0.002	-0.011	0.484	0.058	0.162	-0.035	-0.003	-0.021	0.680
SS	0.031	-0.042	0.001	-0.006	-0.002	0.019	0.289	0.049	0.117	-0.042	-0.017	-0.012	0.377
MDK	0.027	0.010	-0.001	0.001	-0.001	-0.017	0.274	-0.015	-0.004	0.007	0.115	-0.004	0.394
SSS	0.103	-0.009	-0.003	-0.002	-0.002	-0.018	0.403	0.023	0.112	-0.020	0.0148	-0.030	0.572

Burada MGS-məhsuldar gövdələrin sayı, BB-bitkinin boyu, BS-buğumların sayı, SAU-sünbül altlığının uzunluğu, QU-qılçıqın uzunluğu, ƏSU-əsas sünbülün uzunluğu, ƏSK-əsas sünbülün kütləsi, SDS-sünbülcükdəki dənələrin sayı, ƏSDS-əsas sünbüldəki dənələrin sayı, SS-sünbülün sıxlığı, MDK-min dənənin kütləsi, SSS-sünbüldə sünbülcüklərin sayı əlamətlərini ifadə edir. Əlamətlərin məhsuldarlığa göstərdikləri bilavasitə təsirlərin qiymətləri cədvəldə soldan sağa uzanan diaqonal boyu verilmişdir.

3.2. Genetik müxtəlifliyin dənin fiziki və keyfiyyət göstəriciləri əsasında tədqiqi

Azərbaycana məxsus 149 yumşaq buğda nümunəsini dənin texnoloji göstəriciləri əsasında tədqiq etmək məqsədilə dənin fiziki göstəriciləri (1000 dənin kütləsi, şüşəvariliyi, natura kütləsi), keyfiyyət göstəriciləri (kleykovinanın miqdarı, kleykovinanın dartılması, kleykovinanın deformasiya əmsalı (KDƏ), sedimentasiya, zülalın faizlə miqdarı), həmçinin çörəyin keyfiyyət göstəriciləri öyrənilmişdir. Korrelyasiya analiz üsulunun tətbiqi ilə dənin keyfiyyət əlamətləri arasındakı asılılıqlar araşdırılmış, dənin şüşəvariliyi ilə kleykovinanın miqdarı və zülalın faizlə miqdarı arasında 5%, kleykovinanın miqdarı ilə kleykovinanın dartılması arasında 1%, sedimentasiya və zülalın faizlə miqdarı arasında 5%, KDƏ ilə sedimentasiya arasında 5%, 1000 dənin kütləsi ilə kleykovinanın miqdarı və dartılma xüsusiyyətləri arasında 1% ehtimallıqla müsbət asılılıqlar aşkarlanmış, natura göstəricisinin dənin tədqiq olunmuş digər yeddi keyfiyyət göstəricisi və 1000 dənin kütləsindən asılı olmadığı müəyyən edilmişdir.

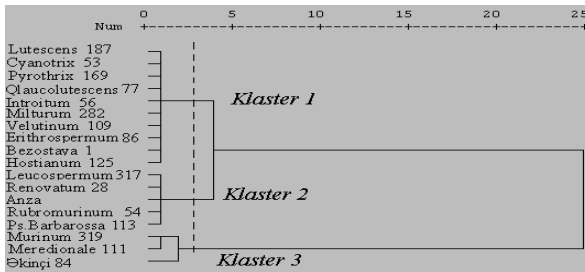
Ward metodu əsasında aparılmış dənin keyfiyyət göstəricilərinin klaster analizi nəticəsində genotiplər arasındakı Evklid genetik məsafələri təyin olunmuş və 33 yumşaq buğda nümunəsi 2 qrupda qruplaşmışdır. Klaster analizinin qrafiki təsviri olan dendroqramda genotiplərin böyük əksəriyyətinin – 32-nin birinci klasterdə qruplaşması onların dənin texnoloji göstəricilərinə əsasən genetik cəhətdən yaxın olduqlarını göstərir.

Aparılmış klaster analizi genotiplər arasındakı genetik məsafələri təyin etməklə nümunələr arasında uğurlu çarpazlaşmaları proqnozlaşdırmağa imkan verir.

3.3. Genetik müxtəlifliyin çörəyin keyfiyyət göstəriciləri əsasında tədqiqi

Tədqiqat işində 18 yumşaq buğda nümunəsinin genetik müxtəlifliyi çörəyin 9 keyfiyyət göstəricisi əsasında öyrənilmiş və onlar üzərində çoxölçülü statistik təhlil aparılmışdır. Çörəyin keyfiyyət göstəriciləri arasında mövcud olan xətti asılılıqları aşkar etmək məqsədilə aparılmış korrelyasiya analizi nəticəsində 9 əlamətdən yalnız çörəyin dad göstəricisi ilə çörəyin rəngi və yumşaq hissənin rəngi arasında (uyğun olaraq, 5% və 1% ehtimallıqla), H/D kəmiyyəti ilə çörəyin səthi (1% ehtimallıqla) və məsməliliyi arasında (5% ehtimallıqla) etibarlı korrelyasiyaların mövcudluğu müəyyən edilmişdir.

Çörəyin keyfiyyət göstəricilərinin orta qiymətləri nəzərə alınmaqla, Ward metoduna əsaslanan klaster analizi üsulu ilə genotiplər arasındakı Evklid genetik məsafələri təyin olunmuş və 18 genotip 3 qrupda klasterləşmişdir (şəkil 3.1).



Şəkil 3.1. Çörəyin keyfiyyət göstəriciləri əsasında nümunələr arasında genetik məsafələri əks etdirən dendroqram

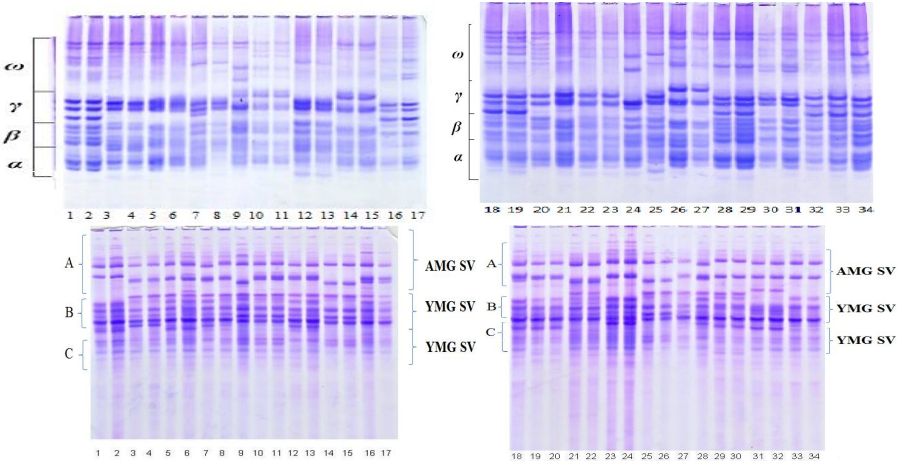
İkinci klasterdə qruplaşmış *v. leucospermum* 317, *v. renovatum* 28, *Anza* (*st.*), *v. rubnomirumum* 54 və *v. ps. barbarossa* 113 genotipləri dənələrinin unundan alınan çörəklərin yüksək həcm göstəricilərinə görə digərlərindən fərqlənmiş və çörəkbişirmə sənayesində istifadə üçün tövsiyə olunurlar.

4. YUMŞAQ BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN QLIADIN VƏ QLÜTENİN EHTİYAT ZÜLALLARI ƏSASINDA ÖYRƏNİLMƏSİ

4.1. Qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının polimorfizminin tədqiqi

33 yumşaq buğda genotipinin genetik müxtəlifliyini biokimyəvi markerlərlə araşdırmaq məqsədi ilə qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının poliakrilamid gellərində elektroforezi aparılmış və əldə olunmuş elektroforeqramların analizi nəticəsində nümunələrarası polimorfizmin yüksək səviyyəsi aşkar edilmişdir. Şəkil 4.1-də yumşaq buğda genotiplərinin qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının poliakrilamid gellərində elektroforez nəticələrini əks etdirən nümunə elektroforeqramlar verilmişdir (qeyd etmək lazımdır ki, tədqiqatda Bezostaya 1 və Anza sortlarının qliadin zülal markerlərindən həm də standart kimi istifadə edilmişdir). Şəkildən müşahidə olunduğu kimi, qliadin zülalları molekulyar kütləsi və poliakrilamid gellərində hərəkət sürətindən asılı olaraq, 4 - ω -, γ -, β -, α -zonalarında, qlütenin zülalları isə şərti olaraq bölünmüş, üç fərqli zonada: A, B və C zonalarında paylanmışdır. Qliadin zülallarının elektroforezi nəticəsində yumşaq buğda genotiplərində bütün zonalar üzrə 49 spektr, 102 pattern (hər bir genotipdə spektrlərin müxtəlif zonalar üzrə əmələ gətirdikləri kombinasiyalar) aşkar edilmiş, spektrlərin nisbətən böyük müxtəlifliyi (18 spektr) ω -zonasında müşahidə olunsa da, onların daha çox sayda kombinasiyaları (33 pattern) α -zonasında izlənmişdir. α -zonasının genetik müxtəlifliyi ω -zonasının genetik

müxtəlifliyindən daha yüksəkdir (uyğun olaraq, $H_a=0.970$ və $H_0=0.959$). Belə ki, α -zonasında aşkar olunmuş 33 müxtəlif patternin hər biri yalnız bir genotip üçün unikal və spesifik olduğu halda, ω -zonasında izlənilmiş patternlərdən yalnız birinə, 22 nömrəli patternə, iki genotipdə rast gəlinmiş, digər patternlərin hər biri yalnız bir genotip üçün spesifik olmuşdur. Patternlərin hər bir genotip üçün spesifik olması onların bir-birlərindən fərqləndirilməsinə xidmət etməklə, nümunələrin identifikasiyası və pasportlaşdırılmasında olduqca mühüm rol oynayır.

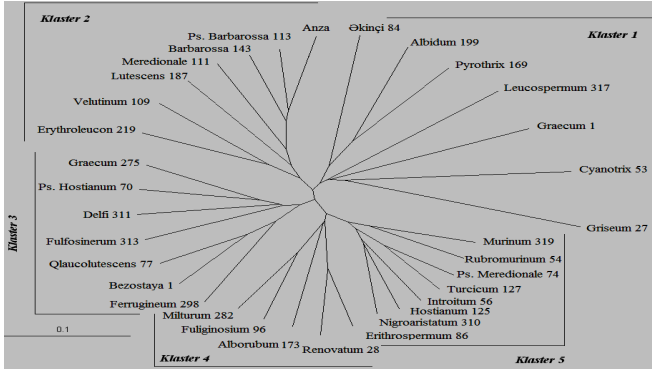


Şəkil 4.1. Yumşaq buğda nümunələrinin qliadin (yuxarıda) və qlütenin (aşağıda) ehtiyat zülallarının elektroforeqramları; burada 1-2-*v.cyanotrix* 53, 3-4-*v.erythrospermum* 86, 5-6-*v.pyrotrix* 169, 7-Bezostaya 1, 8-Anza, 9-Əkinçi 84, 10-11-*v.velutinum* 109, 12-13-*v.nigroaristatum* 310, 14-15-*v.meridionale* 111, 16-17-*v.hostianum* 125, 18-19-*v.fulfosinerum* 313, 20-21-*v.ferrugineum* 298, 22-23-*v.turcicum* 127, 24-Bezostaya1, 25-Anza, 26-27- *v.ps.meridionale* 74, 28-29-*murinum* 319, 30-31-*v.griseum* 27, 32-33-*v.alborubum*127, 34-*v.renovatum* 28 genotiplərini ifadə edir.

Qlüteninlərin poliakrilamid gellərində elektroforezi nəticəsində üç zona üzrə 44 pattern və 22 müxtəlif spektr aşkar edilmişdir. Onlar sırasında 15 pattern və 10 spektr A zonasında, 16 pattern və 7 spektr B zonasında, 13 pattern və 5 spektr isə C zonasında izlənilmiş, bu zonaların genetik müxtəliflik indekslərinin qiymətləri, uyğun olaraq, 0,90, 0,885 və 0,845-ə bərabər olmuşdur. C zonası üzrə ən az sayda spektrin mövcudluğuna baxmayaraq, Nei genetik müxtəliflik indeksinin yüksək qiymət alması, cari zonada unikal patternlərin varlığı ilə izah olunur.

4.2. Qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının polimorfizmi əsasında genotiplər arasında genetik məsafələrin təyini

Tədqiqat işində qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının polimorfizmi əsasında yumşaq buğda genotipləri arasındakı genetik məsafələri təyin etmək məqsədlə UPGMA metodu ilə klaster analizi aparılmış və genotiplər arasında Nei genetik məsafə indeksinin qiymətləri müəyyənləşdirilmişdir. PowerMarker kompüter proqramı vasitəsilə aparılmış qliadin spektrlərinin klaster analizi nəticəsində genotiplər 5 klasterdə qruplaşmışdır (şəkil 4.2).



Şəkil 4.2. Qliadin ehtiyat zülallarının spektrlərinin klaster analizi əsasında 33 yumşaq buğda nümunəsi arasındakı genetik məsafəni əks etdirən dendroqram

Dendroqramın təhlili nəticəsində Əkinçi 84 və *v.cyanotrix* 53 nümunələrinin tək-cə birinci klaster daxilində deyil, tədqiq olunan bütün nümunələrdən genetik uzaq və bir-birlərindən daha çox fərqlənən genotiplər olması müəyyənləşdirilmişdir (onlar arasında Nei genetik məsafə indeksi 0.469-a bərabərdir). Sadalanan nümunələrlə yanaşı, *v.pyrothrix* 169 və *v.cyanotrix* 53, həmçinin *v.pyrothrix* 169 və *v.greacum* 1 genotiplərinin 0.449-a bərabər genetik məsafədə bir-birlərindən kifayət qədər fərqləndiyi aşkar edilmişdir.

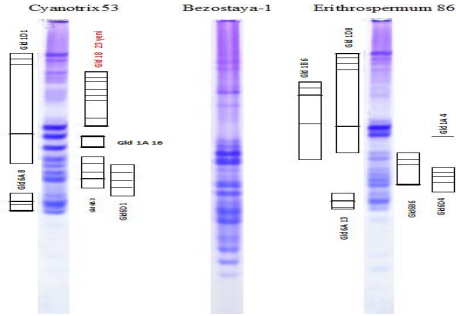
SPSS 16 kompüter proqramı vasitəsilə aparılmış qlütenin spektrlərinin klaster analizi nəticəsində nümunələrarası Cakkard genetik oxşarlıq indeksinin qiymətləri təyin edilmiş və genotiplər 9 klasterdə qruplaşdırılmışdır.

Beləliklə, qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının elektroforetik analizi nəticəsində 33 yumşaq buğda nümunəsi arasındakı genetik məsafələr aşkarlanmış, bu genotiplər identifikasiya olunaraq, pasportlaşdırılmışdır. Müxtəlif növmüxtəlifliklərinə aid yumşaq buğda nümunələrinin qliadin və

qlütenin zülalları əsasında pasportlaşdırılması, mövcud, zəngin genetik müxtəliflikdən qiymətli material kimi istifadə etməyə, o cümlədən heterozis effektinə səbəb olacaq hibridləşmələri proqnozlaşdırmağa imkan verir.

4.3. Qliadin allel komponentlər bloklarının identifikasiyası

Marker kimi xüsusi spesifikasiyaya malik, yaxşı fərqləndirilə bilən, növ, hətta, yeni alınmış sortların identifikasiyasına imkan verən zülallardan istifadə olunur. Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin 6 qliadinkodlaşdırıcı lokus üzrə 58 allel komponentlər blokları identifikasiya edilmişdir. Bunlardan əllisi məlum qliadin allel komponentlər blokları, səkkizi isə yeni identifikasiya edilmiş allel komponentlər bloklarıdır. Analiz olunan nümunələrin genetik identifikasiyası, *Gli 1A*, *Gli 1B*, *Gli 1D*, *Gli 6A*, *Gli 6B*, *Gli 6D* və *Gli 2-1A* lokuslarına müvafiq olaraq, qliadin allel komponentlər bloklarının və qliadinkodlaşdırıcı lokusların genetik formulunun tərtibi standart kimi götürülmüş Bezostaya-1 sortunun qliadin allel komponentlər bloklarının kataloqu əsasında həyata keçirilmişdir. *V.erythrospermum 86*, Bezostaya 1, Anza, *v.velutinum 109*, *v.hostianum 125*, *v.fulfosinerum 313*, *v.ps.meridionale 74*, *v.murinum 319*, *v.alborubrum 173*, *v.renovatum 28*, *v.ps.barbarossa 113*, *v.erythroleucon 219*, *v.rubnomurinum 54*, *v.graecum 275* genotiplərində ***Gli 1A4*** allel komponentlər bloku müəyyən edilmişdir (şəkil 4.3). Ədəbiyyat məlumatlarına görə bu blok (***Gli 1A4***) çörək keyfiyyətinin markeridir, lakin şaxtaya həssaslığı ilə fərqlənir. Cari tədqiqat işində 1B xromosomuna görə qliadinkodlaşdırıcı lokusların ***Gli 1B6*** və ***Gli 1B4*** allel komponentlər blokları ilə yanaşı, bir sıra yeni - ***Gli 1B23***, ***Gli 1B24***, ***Gli 1B25***, ***Gli 1B26***, ***Gli 1B27*** allel komponentlər blokları da identifikasiya edilmişdir. Tədqiq olunan yumşaq buğda növmüxtəlifliklərindən *v.nigroaristatum 310* genotipində ***Gli 6A14***, *v.turcicum 127* genotipində ***Gli 6A15***, *v.graecum 275* genotipində isə ***Gli 6A16*** yeni allel komponentlər blokları aşkar edilmişdir. Yerli yumşaq buğda genotiplərində 1A xromosomunun qliadinkodlaşdırıcı lokuslarının ***Gli 1A16*** və ***Gli 1A3*** allel bloklarına nisbətən daha çox ***Gli 1A10***, ***Gli 1A4*** və ***Gli 1D1*** qliadin komponentlər bloklarına rast gəlinmişdir. ***Gli 1A10***, ***Gli 1A4*** və ***Gli 1D1*** qliadin komponentlər bloklarının Azərbaycanın yerli yumşaq buğda nümunələrində nisbətən böyük tezliklə yayılması və bu sortların dənlərinin keyfiyyət göstəricilərinin yüksək olması onların dən keyfiyyətinin zülal markerləri olduğunu söyləməyə əsas verir.



Şəkil 4.3. Yumşaq buğda nümunələrinin qlidin allel komponentlər bloklarının identifikasiyası

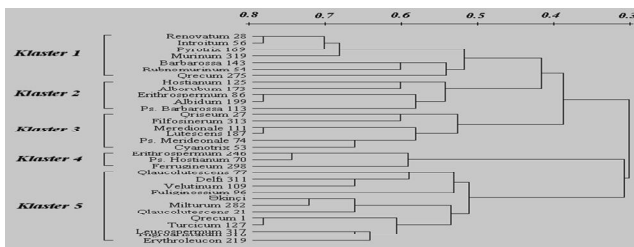
5. YUMŞAQ BUĞDA GENOTİPLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN MOLEKULAR-GENETİK MARKERLƏR ƏSASINDA ÖYRƏNİLMƏSİ

5.1. Genetik müxtəlifliyin RAPD praymerləri vasitəsilə tədqiqi

Tədqiqat işində buğda genotiplərinin genetik müxtəlifliyini molekulyar səviyyədə analiz etmək məqsədilə 22 RAPD praymerindən istifadə olunmuşdur. 22 RAPD praymeri vasitəsilə ölçüləri 160-2800 n.c. olub, yüksək təkrarlanma və təzahür qabiliyyətinə malik 374 DNT fraqmenti amplifikasiya olunmuş, hər bir praymerlə amplifikasiya edilmiş DNT fraqmentlərinin orta sayı 17-yə, polimorf fraqmentlərin sayı isə 14.5-ə bərabər olmuşdur. Amplifikasiya olunmuş 374 zolaqdan yalnız 319-u (85.29%) polimorfluğu ilə seçilmişdir.

Genetik müxtəliflik indeksinin qiymətlərinə nəzər saldıqda məlum olur ki, istifadə olunmuş praymerlər sırasında ən yüksək genetik müxtəliflik OPG-20 ($H=0.932$), OPH-01 ($H=0.929$) və OPE-02 ($H=0.917$) praymerləri vasitəsilə aşkar edilmişdir. Bu praymerlər zəngin genetik müxtəlifliyi təyin etməklə yanaşı, maksimum sayda DNT fraqmentini amplifikasiya etməklə (uyğun olaraq, 30, 28 və 29 fraqment) və polimorf zolaqların yüksək sayına (uyğun olaraq, 26, 28 və 29 zolaq) malik olmaqla digər RAPD praymerlərindən seçilmişlər. Bu nəticəyə əsaslananaraq, sadalanan praymerlər buğda bitkisinin nüvə genomundakı müxtəlifliyin araşdırılmasında effektiv RAPD praymerləri kimi istifadə edilmələri üçün tövsiyə olunurlar.

Tədqiq olunan 33 yumşaq buğda nümunəsi RAPD markerləri əsasında Cakkard genetik oxşarlıq indeksinin 0.5-ə bərabər qiymətində 5 əsas qrupa ayrılmaqla bir-birlərindən kifayət qədər fərqlənmişdir (şəkil 5.1).



Şəkil 5.1. RAPD markerləri əsasında yumşaq buğda növ müxtəliflikləri arasında genetik qohumluğu əks etdirən dendroqram

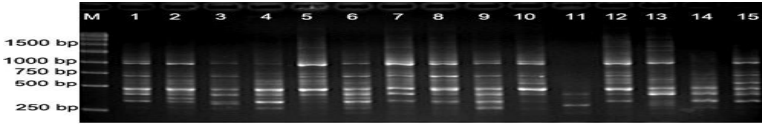
Tədqiqatda istifadə edilmiş 22 RAPD praymerinin öyrənilən bütün buğda nümunələrini identifikasiya etməsi, onların bu istiqamətdə aparılan araşdırmalarda səmərəliliyini göstərir.

5.2. Genetik müxtəlifliyin ISSR praymerləri vasitəsilə tədqiq

Tədqiqat obyektini kimi seçilmiş yumşaq buğda növ müxtəlifliklərinin nüvə genomlarında mikrosatellit lokusları arasındakı müxtəliflik haqqında aydın informasiyaya yiyələnmək məqsədilə 20 ISSR praymerindən istifadə edilmişdir. Bu praymerlər vasitəsilə 350 DNT fraqmenti amplifikasiya olunmuş, onlardan yalnız 318-i (90.85%) polimorfluğu ilə seçilmişdir. Hər bir praymerə uyğun amplifikasiya olunmuş DNT parçalarının orta sayı 17,5-ə, polimorf zolaqların orta sayı 15,9-a, Nei genetik müxtəliflik indeksinin orta qiyməti isə 0.863-ə bərabər olmuşdur; bu isə tədqiq olunmuş yumşaq buğda növ müxtəlifliklərində nüvə genomu səviyyəsində daxili sadə təkrarlanan ardıcılıqların kifayət qədər variabel olduğunu, istifadə olunmuş praymerlərin isə nümunələr arasındakı polimorfizmləri aşkar etməkdə olduqca effektiv olduqlarını göstərir.

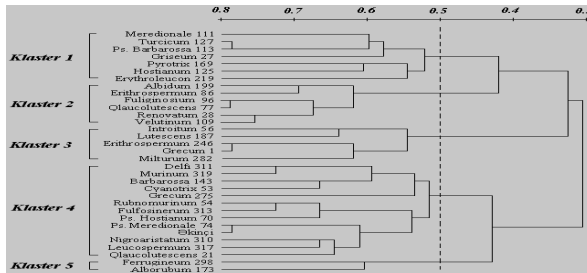
Amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentlərinin ən çox sayı (26, 24 və 23), xüsusilə polimorf fraqmentlərin maksimum miqdarı (22, 22 və 21) və Nei genetik müxtəliflik indeksinin ən yüksək qiymətləri (0.939, 0.928 və 0.932), uyğun olaraq, ISSR-8, ISSR-11 və ISSR-19 praymerlərinin tətbiqi ilə müəyyən edildiyindən, bu praymerlər yumşaq buğda nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin tədqiqində münasib və effektiv ISSR praymerləri kimi istifadə üçün təklif olunurlar. Qeyd etmək lazımdır ki, tədqiqatımızda istifadə olunmuş 20 ISSR praymeri vasitəsilə bütün buğda genotipləri identifikasiya olunmuş, başqa sözlə desək, bir-birlərindən tam surətdə fərqləndirilmişdir ki, bu da tətbiq edilmiş ISSR praymerlərinin buğda nümunələrinin tanınmasında yüksək əhəmiyyətliliyindən xəbər verir. Şəkil 5.2-də nümunə olaraq, ISSR-8 praymeri

ilə 15 genotipdə amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentlərini əks etdirən aqaroza gelinin təsviri verilmişdir.



Şəkil 5.2. ISSR-8 praymeri vasitəsilə amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentlərini əks etdirən gel

ISSR praymerləri vasitəsilə əldə olunmuş spektrlər əsasında UPGMA metodunun tətbiqi və nümunələrarası Cakkard genetik oxşarlıq indeksinin qiymətlərinin təyini ilə klaster analizi aparılmış və bu analizdən nəticəsini əks etdirən dendroqram qurulmuşdur (şəkil 5.3). Dendroqramdan müşahidə olunduğu kimi, bütün genotiplər Cakkard genetik oxşarlıq indeksinin 0.5-ə bərabər qiymətində 5 əsas klasterdə qruplaşmışdır. Ən kiçik genetik məsafə Cakkard genetik oxşarlıq indeksinin 0.78-ə bərabər qiyməti əsasında I klasterdə *v.turcicum* 127 ilə *v.ps.barbarossa* 113 genotipləri, II klasterdə *v.fuliginosum* 96 ilə *v.glaucolutescens* 77 genotipləri, III klasterdə *v.erythrosperrum* 246 ilə *v.graecum* 1 genotipləri, IV klasterdə *v.ps.meridionale* 74 ilə Əkinçi 84 genotipləri arasında, ən yüksək genetik fərq isə IV klasterdə lokallaşmış *v.delfi* 311 ilə *v.glaucolutescens* 21 genotipləri arasında (Cakkard genetik oxşarlıq indeksi 0.14-ə bərabərdir) təyin edilmişdir.



Şəkil 5.3. ISSR markerləri əsasında 33 yumşaq buğda genotipi arasındakı genetik qohumluğu əks etdirən dendroqram

Beşinci klaster iki genotipdən *v.ferrugineum* 298, *v.alborubum* 173 ibarət olmaqla, nümunələrin ən az sayını özündə birləşdirmişdir. Bu iki genotipin ayrıca klasterdə qruplaşması onların genetik cəhətdən tədqiq olunan digər nümunələrdən kifayət qədər fərqlənmələridir. Beşinci klasterdə qruplaşmış genotiplərin fərqləndirici cəhəti onların genom səviyyəsində bir

deyil, bir neçə praymerdən istifadə nəticəsində identifikasiya olunmalarıdır; belə ki, *v.ferrugineum-298* genotipi ISSR-6, ISSR-12, ISSR-15 və ISSR-21 praymerlərindən, *v.alborubum-173* genotipi isə ISSR-6, ISSR-12, ISSR-15 və ISSR-22 praymerlərindən kompleks şəkildə istifadə yolu ilə genetik cəhətdən təyin olunmuşlar. Bu isə adı çəkilən yumşaq buğda genotiplərinin ISSR praymerləri vasitəsilə nüvə genomu səviyyəsində skrininqi zamanı bir deyil, bir neçə praymerdən istifadənin labüdlüyünü göstərir.

Dendroqramın təhlili nəticəsində Naxçıvan MR-na mənsub yumşaq buğda genotiplərinin 85%-nin birinci klasterdə, Abşeron yarımadasına aid genotiplərin 70%-nin 4-cü klasterdə birləşdirildiyi, 5-ci klasterin ibarət olduğu iki genotipin isə Şamaxı bölgəsinə mənsubluğu aşkarlanmışdır. Bu nəticə göstərir ki, ISSR markerləri əsasında buğda növmüxtəliflikləri arasında müşahidə edilən genetik müxtəliflik qismən də olsa nümunələrin coğrafi yayılmasına uyğundur. Tədqiqat obyektini kimi seçilmiş yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin biomorfoloji - kəmiyyət əlamətləri, ehtiyat zülalları və RAPD praymerləri əsasında identifikasiyası zamanı əldə olunan dendroqramların təhlili isə genotiplərin genetik müxtəlifliyi ilə onların coğrafi müxtəliflikləri arasında asılılığın olduğunu göstərmişdir.

Beləliklə, ISSR praymerləri buğda rüşeym plazmasının tədqiqi və genotiplər arasındakı filogenetik əlaqələrin araşdırılmasında yüksək effektiv praymerlər kimi istifadə üçün tövsiyə olunurlar.

NƏTİCƏLƏR

1. Yerli yumşaq buğdaların 29 növmüxtəlifliyini əhatə edən 149 nümunənin biomorfoloji-kəmiyyət əlamətlərinin çoxölçülü statistik üsullarla tədqiqi nəticəsində məhsuldar gövdələrin sayı və əsas sünbülün kütləsinin məhsuldarlığa təsir edən əsas əlamətlərdən olmaları müəyyən edilmiş, "Principle Component" analizinin tətbiqi nəticəsində 62, 65, 70, 74, 98, 108, 114, 115, 116, 128 və 140 sayılı genotiplər yüksək məhsuldar nümunələr kimi seçilmişlər.
2. Yüksək texnoloji göstəricilərinə görə 149 nümunə arasından seçilmiş və iki klasterdə birləşdirilmiş 33 nümunə daxilində *v. greacum* 275, *v. ps. barbarossa* 143, *v. pyrotrix* 169, *v. delfi* 311, *v. cyanotrix* 53, *v. renovatum* 28, *v. erythroleucon* 219 və *v. ferrugineum* 298 genotipləri bu əlamətlərin daha yüksək qiymətlərinə malik olmuşlar. Daha yüksək çörəkbişirmə keyfiyyətinə malik *v. leucospermum* 317, *v. renovatum* 28, *Anza (st.)*, *v. rubnomirumum* 54 və *v. ps. barbarossa* 113 genotipləri klaster analizi

vasitəsilə digər nümunələrdən fərqləndirilərək, ayrıca klasterdə qruplaşmışdır.

3. Tədqiqat nəticəsində 149 yumşaq buğda nümunəsinin genetik müxtəlifliyi ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən qliadin- və qlüteninkodlaşdırıcı lokusların (*Gli 1A*, *Gli 1B*, *Gli 1D*, *Gli 6A*, *Gli 6B*, *Gli 6D*, *Glu 1A* və *Glu 1B*) elektroforeqramlarına görə pasportlaşdırılmışdır.
4. Qliadin ehtiyat zülallarının polimorfizminin tədqiqi əsasında 33 yumşaq buğda nümunəsində qliadinkodlaşdırıcı lokusların *Gli 1A*, *Gli 1B*, *Gli 1D*, *Gli 6A*, *Gli 6B* və *Gli 6D* allel komponentlər blokları aşkar edilmiş, yerli yumşaq buğda nümunələrində dünya kolleksiyasında rast gəlinməyən qliadinkodlaşdırıcı lokusların yeni allel komponentlər blokları (*Gli 1B* və *Gli 6A*) identifikasiya edilmişdir.
5. Yerli yumşaq buğda nümunələrinin dənələrində qliadin ehtiyat zülallarının polimorfizmi zülal komponentlərinin yaratdığı patternlərlə müəyyən edilmiş, qliadin ehtiyat zülallarının elektroforeqramlarının ω -, γ -, β - və α -zonalarında, yüksək polimorfizm ilə izlənən, uyğun olaraq, 32, 18, 19 və 33 fərqli pattern aşkar edilmişdir.
6. Yumşaq buğda nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin RAPD və ISSR molekulyar markerləri ilə tədqiqi nəticəsində OPH-01, OPG-20, OPE-02 RAPD praymerləri və ISSR-6, İSSR-7, ISSR-8, ISSR-11, ISSR-12 və ISSR-14 ISSR praymerləri yüksək informativlikləri və etibarlılıqları ilə seçilmişlər.
7. Yumşaq buğda genotiplərinin polimorfizminin qliadin və qlütenin zülal markerləri, RAPD və ISSR molekulyar markerləri ilə müqayisəli şəkildə təhlili nəticəsində Nei genetik müxtəliflik indeksinin qiymətləndirilməsi ilə (uyğun olaraq, $H=0.934$, $H=0.877$, $H=0.789$, $H=0.863$) genetik müxtəlifliyin tədqiqində digər markerlərlə müqayisədə qliadin markerlərinin yüksək informativliyi müəyyən edilmişdir.

TÖVSIYƏLƏR

1. Dənin yüksək keyfiyyət əlamətlərinə görə seçilmiş *v. greacum 275*, *v. ps. barbarossa 143*, *v. pyrotrix 169*, *v. delfi 311*, *v. cyanotrix 53*, *v. renovatum 28*, *v. erythroleucon 219* və *v. ferrugineum 298* nümunələrinin seleksiyaçıları tərəfindən ilkin material kimi yeni, keyfiyyətli yumşaq buğda sortlarının yaradılmasında istifadəsi tövsiyə edilir.
2. *V. leucospermum 317*, *v. renovatum 28*, *Anza (st.)*, *v. rubnomirumum 54* və *v. ps. barbarossa 113* genotiplərinin unundan hazırlanan xəmirlərin

uzunmüddətli qıçqırmaya məruz qalmasını, onlardan bişirilən çörəklərin məsaməliliyinin, elastikliyinin, həcmnin yüksək olmasını, həmçinin belə çörəklərin yaxşı formaya malik olmasını nəzərə alaraq, bu bitki nümunələrinin çörəkbişirmə sənayesində yüksək keyfiyyətli çörəklərin istehsalında istifadəsi tövsiyə olunur.

3. Yüksək və keyfiyyətli dən məhsulunun əldə edilməsi məqsədi ilə iri fermer təsərrüfatları və taxıl məhsullarının istehsalı ilə məşğul olan şirkətlərdə becərilən buğda sort və nümunələrinin, həmçinin *ex situ* şəraitində saxlanılan sort və nümunələrin biotiplərinin, yəni onların homo- və ya heterogen olmalarının, özünəməxsusluğunun və təmizliyinin müəyyən edilməsində qliadin və qlütenin zülal - genetik markerlərinin istifadəsi tövsiyə olunur.

DİSSERTASIYA MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC EDİLMİŞ ƏSƏRLƏRİN SİYAHISI

1. **Sadıqova S.B., Sadıqov H.B.** Yumşaq buğda sortlarında qliadinkodlaşdırıcı lokuslarla dən texnoloji göstəriciləri arasında əlaqə // I Beynəlxalq Elmi konfrans. “Biomüxtəlifliyin genetik ehtiyatları” 27-28 iyun 2006, Bakı, Azərbaycan. s. 66-67.
2. **Sadıqova S.B., Sadıqov H.B., Cəfərova R.Q.** Yumşaq buğdanın növmüxtəlifliklərində struktur elementlərinin statistik üsullarla tədqiqi // “Biologiyanın müasir problemləri” H.Ə. Əliyevin anadan olmasının 85-ci ildönümünə həsr olunmuş Respublika Elmi konfransının materialları (25-26 aprel) Bakı, 2008 s. 107-108.
3. **Sadıqova S.B.** Bəzi yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin prolamin zülal markerlərinin tədqiqi // BDU-nin 90 illik yubileyinə həsr olunmuş Biologiya Elmi Nailiyyətləri mövzusunda Respublika Elmi Konfrans materialları (22-23 may) Bakı, 2009, s.101.
4. **Fətullayev P., Sadıqova S.B.** Naxçıvan Muxtar Respublikası şəraitində yumşaq buğda kolleksiyasının dən keyfiyyətinin öyrənilməsi // Xəbərlər, Naxçıvan, “Tusi”, 2009, №4, s.111-116.
5. **Sadıqova S.B., Sadıqov H.B., Cəfərova R.Q.** Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərində struktur elementlərinin statistik üsullarla tədqiqi. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi əsərləri I cild 2010, s.87-99.

6. **Sadıqova S.B., Sadıqov H.B., Ocaqi C.M., Eşqi R.Ə.** Azərbaycanın yumşaq buğda genotiplərində polimorfizmin İSSR markerlər əsasında qiymətləndirilməsi. AMEA xəbərləri cild 67, №1, 2012, s. 100-106.
7. **Sadıqova S.B.** Yumşaq buğda genotiplərində dənin keyfiyyət əlamətlərinin struktur analizi. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi əsərləri IV cild 2012, s.32-35.
8. **Садыгова С.Б.** Изучение полиморфизма мягкой пшеницы (*T.aestivum* L.) на основе использования маркеров İSSR. The international scientific conference “Breeding and genetic of agricultural crops: traditions and prospects”, Dedicated to the 100th anniversary of the plant breeding and genetics, Institute-National Center of Seed and Cultivar Investigation, Odesa, Ukraine-2012, p.187-188.
9. **Салаева С.Дж., Оджаги Дж.М., Садыгова С.Б.** Определение генетического расстояния между генотипами мягкой пшеницы (*T.Aestivum* L.) на основе технологических показателей зерна. AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutu Elmi əsərləri IV cild, Bakı-2012, s.44-47.
10. **Sadıqova S.B.** Yumşaq buğda növmüxtəlifliklərinin çörəkbişirmə keyfiyyətinin öyrənilməsi. Dedicated to the 90th anniversary of the national leader of Azerbaijan, Heydar Aliyev, I International scientific conference of young researchers, Qafqaz University, s. 306, Baku 2013.
11. **Садыгова С.Б.** Генетическое разнообразие образцов мягкой пшеницы (*T.aestivum*. L) на основе показателей качества хлеба. Вестник Российской Академии Селскохозяйственных Наук.№ 5-2013,с.77-80.
12. **Sadigova S.B., H.B. Sadigov, Eshghi R.Ə., Salayeva S.C., Ojaghi J.M.** Application of RAPD and ISSR markers to analyses molecular relationships in Azerbaijan wheat accessions (*Triticum aestivum* L.) Bulgarian Journal of Agricultural Science, 20(№ 1) 2014,87-95 Agricultural Academy.
13. **Sadıqova S.B., Sadıqov H.B.** Yumşaq buğda (*T. aestivum* L.) genotiplərinin genetik müxtəlifliyinin qliadin ehtiyat zülalları əsasında öyrənilməsi. Azərbaycan Elmi-Tədqiqat Əkinçilik İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi. XXV cild, Bakı, “Müəllim” nəşriyyatı, 2014, s.117-124.

ПРИЗНАКИ КАЧЕСТВА ЗЕРНА РАЗНОВИДНОСТЕЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНЕТИЧЕСКИ ОБУСЛОВЛЕННЫХ ПРОЛАМИНОВ

Резюме

На основе белковых и ДНК маркеров были исследованы технологические показатели зерна и генетическое разнообразие 149 образцов мягкой пшеницы по 29 разновидностям с различных регионов Азербайджана. Генетическое разнообразие генотипов изучено многомерными статистическими методами на основе количественных биоморфологических признаков. Выявлена положительная корреляция с 1% достоверностью между числом общих стеблей, продуктивных стеблей, длиной главного колоса, массой главного колоса с массой колоса с растения и достоверная отрицательная корреляция между длиной колосоножки и остей с массой колоса с растения.

В результате исследования доказано, что у изученных образцов мягкой пшеницы число продуктивных стеблей и масса главного колоса являются основными компонентами продуктивности и в качестве высокоурожайных образцов отобрано 11 генотипов.

С целью исследования генетического разнообразия на основе технологических показателей изучены физические, качественные показатели зерна и показатели качества хлеба, в результате проведенного на основе метода Ward кластерного анализа определено евклидово расстояние.

По количественным и качественным показателям из 149 образцов мягкой пшеницы отобрано 33 генотипа с высоким качеством зерна, на основе кластерного анализа 32 из них сгруппированы в первом кластере, что указывает на их генетическую близость, а также выявлено наличие высокого значения этого показателя у 12 генотипов. Также выявлено 5 образцов с более высоким хлебопекарным качеством и установлена целесообразность их использования в промышленном производстве объемного хлеба. Генетическое расстояние между генотипами на основе полиморфизма запасных белков глиадин и глютелина определено кластерным анализом, проведенным на основе метода UPGMA.

У разновидностей мягкой пшеницы по 6 глиадинкодирующим локусам к 50 ранее известных аллельных блоков компонентов нами идентифицировано 8 новых аллельных блоков.

Распространенность аллельных блоков компонентов *Gli1A4* и *Gli1A10* была высокой и выявлено, что аллельный блок *Gli1A4* является белковым генетическим маркером качества зерна местных сортов мягкой пшеницы. Генетическое разнообразие исследованных 149 генотипа мягкой пшеницы паспортизировано электрофореграммами глиадин- и глютеининкодирующих локусов запасных белков.

Исследовано генетическое разнообразие изученных образцов мягкой пшеницы на уровне генома с использованием праймеров молекулярно-генетических маркеров RAPD и ISSR. На основе 22 RAPD праймеров амплифицированы 374 фрагмента ДНК и только 319 из них (85,29%) выделены по полиморфности, а праймеры OPG-20, OPE-02 и OPH-01 оценены как праймеры обнаружения высокого полиморфизма.

Разновидности мягкой пшеницы также амплифицированы с 20 информативными ISSR праймерами и только 318 (90,85%) из них были выделены по полиморфности. Определением большого числа амплифицированных фрагментов ДНК, в особенности, максимального количества полиморфных фрагментов и высокого значения генетического индекса разнообразия Нея применением праймеров ISSR-8 и ISSR-19 выявлена целесообразность и эффективность ISSR праймеров для изучения генетического разнообразия образцов мягкой пшеницы и филогенетической связи между генотипами.

**DETERMINE POLYMORPHISM IN BREAD WHEAT VARIETYS BY
GRAIN QUALITATIVE TRAITS AND GENETCALLY CAUSED
PROLAMINS**

Summary

Genetic diversity in 149 samples from 29 botanical varies of different regions of Azerbaijan bread wheat were studied by morphological traits, protein and DNA markers. In studying genetic diversity of wheat samples based on quantitative traits multivariate statistical methods were used. By correlation analysis between yield per plant with number of total tillers, number of fertile tillers, spike length and spike weight a positive significant correlation were found in 1% probability, there was a negative significant correlation between peduncle length and awn length between yield per plant. The result showed that in studied bread wheat accessions the traits like number of fertile tillers and spike weight are yield components and 11 wheat samples were selected as high yielding genotypes.

For studying of genetic diversity by grain technological characters cluster analysis using Ward method and according the physical and qualitative indicator of seed, also baking quality between studied wheat genotypes Euclidean genetic distance were determined. On the basis of quantitative and qualitative characters between 149 studied bread wheat samples, 33 of them were selected as a high quality genotypes and statistical analysis were carried out on 33 selected genotypes and cluster analysis grouped 32 genotypes in the first cluster, between the first cluster 12 high quality wheat genotypes were identified. Also, between 12 selected wheat samples 5 of them were determined for industrial baking.

For analyzing of gliadin and glutenin storage proteins polymorphism and studying of genetic distance between studied wheat accessions cluster analysis were performed by using UPGMA method. On the basis of 6 gliadincoded loci between 58 identified alleles 8 of them were new. The frequency of Gli1A4 and Gli1A10 allelic block components were high and Gli1A4 can be used as an informative protein genetic maker for identification of high quality local wheat varieties and for assessment of genetic diversity by gliadin and glutenin storage proteins 149 studied bread wheat were identified.

To estimate of genetic diversity of studied wheat genotypes on genome level the RAPD and ISSR molecular markers was performed. By using of 22 RAPD primers a total of 374 DNA fragments were detected,

among which 319 bands (85.29%) were polymorphic, OPG-20, OPE-02 and OPH-01 evaluated as high polymorphism detection primers.

For studying of genetic diversity in bread wheat by 20 informative ISSR primers only 318 bands (90.85%) were revealed. In total, the primers ISSR-8 and ISSR-19 with the highest number of polymorphic bands and the highest value of Nei genetic diversity were recognized to be the most appropriate primers for studies related to genetic diversity and phylogenetic relationship of bread wheat accessions.

**НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК АЗЕРБАЙДЖАНА
ИНСТИТУТ БОТАНИКИ**

На правах рукописи

СЕВИЛ БАХРАМ КЫЗЫ САДЫГОВА

**ПРИЗНАКИ КАЧЕСТВА ЗЕРНА РАЗНОВИДНОСТЕЙ МЯГКОЙ
ПШЕНИЦЫ И ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНЕТИЧЕСКИ ОБУСЛОВЛЕННЫХ
ПРОЛАМИНОВ**

2409.01 – Генетика

А В Т О Р Е Ф Е Р А Т

диссертации на соискание ученой степени
доктора философии по биологическим наукам

БАКУ – 2014

24