

Əlyazması hüququnda

**BUĞDA (*TRITICUM L.*), ARPA (*HORDEUM L.*) VƏ ONLARIN
YABANI ƏCDADLARININ SEKVENS ƏSASINDA
GENOTİPLƏŞDİRİLMƏSİ VƏ STRES AMİLLƏRƏ
DAVAMLILIQ GENLƏRİNİN SKRİNİNQİ**

İxtisas: 2409.01-Genetika

Elm sahəsi: Biologiya

İddiaçı: **Mehrac Əli oğlu Abbasov**

Elmlər doktoru elmi dərəcəsi almaq üçün təqdim edilmiş
dissertasiyanın

AVTOREFERATI

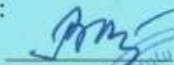
BAKI – 2021

Dissertasiya işi Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun “Dənli-taxıl və paxlalı bitkilər” və “Biotexnologiya” şöbələrində yerinə yetirilmişdir.

Elmi məsləhətçilər: AMEA- nın müxbir üzvü, professor,
Zeynal İba oğlu Əkpərov
ABŞ-ın Kanzas Dövlət Universitetinin
professoru **Bikram Singh Gill**

Rəsmi opponentlər: Biologiya elmləri doktoru, professor
Ellada Mirəli qızı Axundova
Biologiya elmləri doktoru, professor
Tahirə Ələmşah qızı Əsgərova
Biologiya elmləri doktoru, dosent
Günay Hafiz qızı Əkbərova-Ben-Tzvi
İran İslam Respublikasının Təbriz
Universitetinin professoru
Seyd Abolghasem Mohammadi

Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Ali Attestasiya Komissiyasının AMEA Botanika İnstitutu nəzdində fəaliyyət göstərən ED.1.26 Dissertasiya şurası

Dissertasiya şurasının
sədri: 
biologiya elmləri doktoru, professor,
AMEA-nın həqiqi üzvü
Validə Mövsüm qızı Əli-zadə

Dissertasiya şurasının
elmi katibi: 
biologiya üzrə fəlsəfə doktoru, dosent
Arzu Yusif qızı Hüseynova

Elmi seminarın sədri: 
biologiya elmləri doktoru, dosent
Afət Dadaş-Şaraph qızı Məmmədova

GİRİŞ

Mövzunun aktuallığı: Elm və texnologiyanın sürətli inkişafı canlıların genetik potensialının aşkar olunması sahəsində inqilabi dəyişikliklərin baş verməsini şərtləndirmiş, avtomatlaşdırılmış sekvenserlərin yaradılması ilə insan və bir çox digər orqanizm genomlarının oxunması təmin edilmiş və milyardlarla nukleotid cütü uzunluğunda olan böyük verilənlərə çıxış imkanı qazanılmışdır¹. Əldə olunan genom məlumatları sayəsində biologiya və aqrar elmləri yeni mərhələyə - çoxhəcmli informasiyanın analizi dövrünə keçmişdir. Yüksəkverimli Yeni Nəsil Sekvenser (YNS) texnologiyalarının inkişafı mühüm əhəmiyyətli bitkilər üçün qısa zamanda referens genomunu əldə etməyə, ümumi allellərdən nadir allellərə qədər bütün genetik variantları, mutasiyaları aşkarlamağa, hər bir fərd üçün individual genom mənzərəsini yaratmağa və bu yolla bitkilərin inkişaf tarixi və mədəniləşdirilməsi haqqında daha dolğun biliklərin formalaşmasına imkan yaratmışdır.

Genomdakı polimorfizmi müəyyənləşdirməyə hədəflənmiş DNT marker texnologiyası genetik müxtəliflik, təkamül, genetik xəritələrin yaradılması və təkmilləşdirilməsi, molekulyar seleksiya kimi tədqiqatlarda uzun illər ərzində geniş şəkildə istifadə olunmaqdadır. Tək nukleotid polimorfizmi (TNP) ən geniş tətbiq olunan molekulyar marker növü olub assosiasiya analizləri, genom seleksiyası, populyasiya strukturunun təyini kimi yüzlərlə marker tələb edən yanaşmalarda ən üstün seçim hesab edilir. Son illərdə genom boyu TNP markerlərin aşkarlanması üçün YNS texnologiyalarına əsaslanan yeni, daha sürətli və səmərəli üsullar yaradılmışdır. Restriksiya enzimlərindən istifadə etməklə genom mürəkkəbliyinin azaldılmasına əsaslanan sekvens əsasında genotipləşdirmə (GBS) və DArTseq, ilkin olaraq hədəf bölgələrin PZR amplifikasiyasına əsaslanan ampikon sekvensləmə üsulları

¹ Mardis, E.R. Next-generation DNA sequencing methods // Annu Rev Genomics Hum Genet., - 2008. №9, - p. 387–402.

TNP-lərin aşkarlanmasını asanlaşdırmaqla genotipləşdirmə işinin səmərəliliyini artırmağa imkan verir.

Azərbaycan Milli Genbankında saxlanılan və seleksiya prosesində istifadə olunan yerli və introduksiya olunmuş dənli-taxıl bitki kolleksiyalarında məlum genlərin skriningi ilə bağlı araşdırmalar azlıq təşkil edir, Yeni Nəsil Sekvenslərinin istifadəsilə aparılan genotipləşdirmə tədqiqatları isə hələlik ilkin mərhələdədir. Odur ki, bütün dünyada genomika sahəsi üzrə ən müasir yanaşma hesab edilən YNS əsaslı genotipləşdirmə üsullarının Azərbaycana gətirilməsi və optimallaşdırılması, bu metodlardan istifadə etməklə buğda, arpa və eqilops kolleksiya nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin genom boyu yayılmış çoxsaylı TNP markerlərlə tədqiqi, eləcə də kolleksiya nümunələrinin təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətləri idarə edən genlər əsasında yoxlanılması, müqayisəli təhlili, pasportlaşdırılması və əldə edilən verilənlər əsasında seleksiya işlərinin aparılması olduqca aktualdır.

Tədqiqatın məqsədi və vəzifələri: Tədqiqat işinin əsas məqsədi yerli və introduksiya olunmuş buğda, arpa və eqilops bitkilərinin kolleksiya nümunələrinin Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyalarının müxtəlif üsulları və molekulyar markerlərlə genotipləşdirilməsi, genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi, stres amillərə davamlılıq genlərinin skriningi, özək və əlamət kolleksiyalarının yaradılması və zənginləşdirilməsindən ibarətdir.

Tədqiqatın məqsədinə çatmaq üçün qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

- YNS texnologiyaları əsasında müxtəlif ploidli buğda, eqilops, eləcə də yabanı və mədəni arpa kolleksiyası nümunələrində növlərarası və növdaxili genetik müxtəlifliyin tədqiqi;

- Amplikon sekvensləmə üsulu ilə buğda bitkisi üçün genom spesifik PZR-genotipləşdirmə panelinin yaradılması, bərk və yumşaq buğda kolleksiyalarında yoxlanılması;

- Mədəni və yabanı arpa nümunələrinin amplikon sekvensləmə üsulu ilə genotipləşdirilməsi, TNP markerlərlə təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlər arasında assosiasiya analizinin aparılması;

- Mikrosatellit markerlərdən istifadə etməklə buğda və eqilops nümunələrinin genetik identifikasiyasının həyata keçirilməsi;

- Diploid buğda növlərində hidropnik sistemdən istifadə və davamlılıq genlərinin skriningi əsasında duza davamlılığın qiymətləndirilməsi, duz ionlarını kənarlaşdırma bilən nümunələrin seçilərək əlamət kolleksiyalarının yaradılması;

- Bərk buğda və yumşaq buğda kolleksiyalarının pas xəstəliklərinə davamlılığının süni fonda qiymətləndirilməsi, davamlılıq genlərinin skriningi və davamlı nümunələrdən ibarət əlamət kolleksiyalarının yaradılması;

- KASP marker sistemindən istifadə etməklə yumşaq buğdanın kolleksiya nümunələrində təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin gen spesifik TNP markerlərlə analizi.

Müdafiə çıxarılan əsas müddəalar:

- Yerli və introduksiya olunmuş buğda, arpa və eqilops kolleksiya nümunələrində GBS, DArTseq və amplikon sekvensləmə üsulları ilə yeni TNP markerlər aşkarlanmış və kolleksiyaların genetik strukturu təyin edilmişdir;

- Buğda, arpa və eqilops bitkiləri üçün TNP və gen spesifik markerlərdən istifadə etməklə özək və əlamət kolleksiyaları yaradılmışdır;

- Müxtəlif ploiddli buğda kolleksiyalarında genetik variantların sürətli və asan təyini üçün genom spesifik panellər hazırlanmışdır;

- Arpa kolleksiyasında genetik müxtəliflik qiymətləndirilmiş və təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərlə əlaqəli TNP markerlər müəyyənləşdirilmişdir;

- Buğda və eqilops bitkilərində mikrosatellit lokusları üzrə genetik polimorfizm qiymətləndirilmiş, müvafiq kolleksiya nümunələri pasportlaşdırılmışdır;

- Müxtəlif mənşəli diploid buğdaların duza davamlılığı qiymətləndirilmiş, duza davamlılıq genləri skrining olunmuş və onların ekspressiyası tədqiq edilmişdir;

- Milli Genbankda saxlanılan bərk və yumşaq buğda kolleksiyalarında süni fonda qiymətləndirmə və gen-spesifik

markerlərlə skrininq əsasında qonur pasa və gövdə pasına davamlı genotiplər aşkarlanmışdır.

Elmi yeniliklər: İlk dəfə olaraq, Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyalarından istifadə etməklə müxtəlif ploidli buğda, eqilops və arpa kolleksiya nümunələrinin genetik müxtəlifliyi genom boyu yayılmış tək nukleotid polimorfizmləri əsasında qiymətləndirilmiş, növdaxili və növlərarası genetik qohumluq dərəcələri təyin edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, Milli Genbankda saxlanılan bərk və yumşaq buğda nümunələrinin sekvens əsasında genotipləşdirilməsi zamanı müvafiq olaraq 1039 və 411 tək nukleotid polimorfizmi aşkar edilmiş, TNP markerlərin buğda genomu (A, B, D) və xromosomlar üzrə paylanma xarakteri müəyyənləşdirilmişdir. Bu, böyük əksəriyyətini Azərbaycan genotipləri və sortları təşkil edən kolleksiya nümunələri üçün əldə edilmiş ilk TNP marker məlumatlarıdır.

İlk dəfə olaraq, Azərbaycan mənşəli *Aegilops* nümunələrində DArTseq texnologiyası tətbiq edilmiş, 9 növə aid 150 nümunənin genetik müxtəlifliyinin tədqiqi zamanı 30433 TNP və 61574 SilicoDArT markeri identifikasiya olunmuşdur. *Ae. tauschii* növünə aid nümunələrin GBS analizi zamanı 384 TNP markeri müəyyən edilmiş, Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Ae. tauschii* genotiplərində kəskin genetik differensiasianın olması aşkar edilmişdir.

Dünyada ilk dəfə olaraq, buğda bitkisi üzrə A, B və D genomlarını əhatə edən 830 praymerlik amplikon sekvensləmə paneli hazırlanmış, filtirləmə nəticəsində onlar arasından yüksək səmərəli 401 polimorf praymer seçilmişdir. Yeni yaradılmış panel müxtəlif ploidlik dərəcəsinə malik fərqli buğda kolleksiyalarında yoxlanılmış və panelin genetik müxtəliflik və qohumluğun tədqiqində səmərəliliyi təsdiq edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, arpa genomu boyunca paylanmış 365 praymerdən ibarət PZR-genotipləşdirmə panelindən istifadə olunmaqla Azərbaycanın 20 müxtəlif rayonundan toplanmış 86 *Hordeum spontaneum* və 85 mədəni arpa nümunəsi

genotipləşdirilmiş, polimorf xarakterli 255 TNP markeri aşkar edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, mədəni arpa kolleksiyasında bir sıra morfoloji əlamətlər və xəstəliklərə davamlılıqla TNP markerlər arasında assosiasiya analizi həyata keçirilmiş, 4H xromosomunda ~ 103 cM məsafədə gövdə pası və 7H xromosomunda ~ 90 cM məsafədə isə qonur ləkəlilik üçün əhəmiyyətli marker-əlamət assosiasiyası aşkar edilmişdir.

İlk dəfə müəyyən edilmişdir ki, diploid buğda növlərinin yalnız *T. monococcum* və *T. boeoticum* nümunələrində *Nax1* və *Nax2* duza davamlılıq genləri mövcuddur, *T. urartu* növündə isə duza davamlılıq fərqli genlərlə idarə olunur.

İlk dəfə olaraq, Azərbaycan mənşəli bərk və yumşaq buğda növmüxtəliflikləri və sortlarında sarı və qonur pasa davamlılığın yeni gen mənbələri aşkarlanmışdır.

İlk dəfə olaraq, Milli Genbankda saxlanılan 166 yumşaq buğda nümunəsində məhsuldarlıq, keyfiyyət göstəriciləri və xəstəliklərlə bağlı 11 müxtəlif lokusun KASP texnologiyası vasitəsi ilə skrinqi nəticəsində 8 lokus üzrə seleksiya əhəmiyyətli allellərə malik genotiplər müəyyənləşdirilmişdir.

İşin elmi praktiki əhəmiyyəti: Dissertasiya işində YNS texnologiyasından istifadə etməklə müxtəlif ploiddli mədəni və yabarı buğda, arpa, həmçinin eqilops növləri üçün böyük həcmdə yeni, yüksəkkeyfiyyətli TNP markerləri aşkar edilmişdir ki, bu da gələcək tədqiqatlar üçün mühüm verilənlər bazası və qiymətli elmi-praktik mənbə rolunu oynayır.

Hər bir növ üçün aşkar olunmuş TNP marker dəsti fərqli kolleksiyalarda populyasiya genomikası və genom-boyu assosiasiya tədqiqatları, təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin, xüsusən növmüxtəlifliyi əlamətlərinin QTL xəritələşdirilməsi üçün molekulyar markerlərin müəyyənləşdirilməsi, həmçinin genetik xəritələrin yaradılması üçün istifadə oluna bilər.

Tədqiqat işində YNS və molekulyar marker texnologiyası ilə əldə olunmuş müxtəlif bitki kolleksiyalarının genetik müxtəlifliyi haqqında informasiya və hər bir nümunə üçün yaradılmış genetik

profil kolleksiyaların qorunub saxlanma tədbirlərinin təkmilləşdirilməsində, heterozisin əldə olunması və müxtəlifliyin genişləndirilməsi məqsədilə genetik baxımdan fərqli başlanğıc formaların seçilməsində, yabanı və mədəni genofondun iştirakı ilə buğda və arpa seleksiyası üçün yeni, elmi faktlara əsaslanan strategiyaların hazırlanmasında və tətbiqində istifadə oluna bilər.

Buğda bitkisi üçün yaradılmış ilk amplikon sekvensləmə paneli bərk və yumşaq buğda üzrə aparılacaq istənilən genotipləşdirmə tədqiqatlarında və gələcək genotip-fenotip assosiasiya analizlərində istifadə oluna bilər. Arpa bitkisinin amplikon sekvensləmə ilə aşkar edilmiş və təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərlə əlaqəli TNP-lər marker əsaslı seleksiya və genom seleksiyası üçün əvəzolunmaz mənbə rolunu oynayacaqdır.

Pas xəstəliyinə davamlılıq genləri, xüsusilə çovdar translokasiyası aşkar olunmuş genotiplərdən, həmçinin süni fonda xəstəliyin müxtəlif izoformalarına qarşı davamlılıq göstərən nümunələrdən qonur, sarı və gövdə pasına qarşı davamlı sortların yaradılmasında başlanğıc seleksiya materialı, genetik mənbə kimi istifadə edilməsi məqsəduyğundur.

Alınan nəticələr “Genetika”, “Molekulyar genetika”, “Genomiks”, “Bitki fiziologiyası”, “Ekoloji genetika”, “Seleksiya və toxumçuluq” kimi elm sahələrinin tədrisində, “Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyalarından istifadə etməklə bitki genomlarının oxunması və genotipləşdirilməsi”, “Molekulyar markerlərlə bitki genetik ehtiyatlarının pasportlaşdırılması”, “Bitkilərin abiotik və biotik stres amillərinə davamlılığının genetik əsasları” və digər ixtisas kurslarının hazırlanmasında mənbə kimi istifadə oluna bilər. Dissertasiya işinə aid nəticələr gələcəkdə genom sahəsində aparılan tədqiqatlar üçün baza rolunu oynaya bilər.

İşin aprobasiyası: Dissertasiya işinin nəticələri 5-ci Beynəlxalq bitkiçilik konfransında (Cənubi Koreya, 2008), Beynəlxalq bərk buğda simpoziumunda (İtaliya, 2008), 8-ci Beynəlxalq buğda konfransında (Rusiya, 2010), Tarla bitkilərinin pas simpoziumunda (ABŞ, 2011), Borlauq adına beynəlxalq pas təşəbbüskarlarının texniki seminarında (Çin, 2012), Aqronomların

beynəlxalq illik iclasında (ABŞ, 2012), Beynəlxalq bitki seleksiyası konqresində (Türkiyə, 2013), Mədəni bitkilərin bioloji müxtəlifliyinin saxlanması, introduksiyası və saxlanması üzrə XI beynəlxalq elmi-metodik konfransda (Rusiya, 2014), Yeni və qeyri-ənənəvi bitkilər və onların istifadəsi üzrə XI beynəlxalq simpoziumda (Rusiya, 2015), Bioorqanik kənd təsərrüfatının fundamental və praktiki tədqiqi üzrə beynəlxalq elmi-praktik konfransda (Rusiya, 2016), Bitki genetikası, genomika, bioinformatika və biotexnologiya üzrə beynəlxalq konfransda (Qazaxıstan, 2017), Akademik Belyayevin yubileyinə həsr olunmuş konfransda (Rusiya, 2017), Beynəlxalq Vavilov konfransında (Rusiya, 2017), Azərbaycanda keçirilən konfranslarda (2009 - 2019), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Biotexnologiya şöbəsinin illik hesabatlarında (2013-2018), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun illik hesabatlarında (2016, 2017, 2018), AMEA Biologiya və Tibb Elmləri Bölməsinin hesabatlarında (2017, 2018), AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun laboratoriya və şöbələrində, eyni zamanda institutda keçirilən elmi seminarlarda müzakirə olunmuşdur.

Tədqiqat işinin əsas nəticələri aşağıdakı tanınmış jurnallarda yayımlanmışdır: “*Turkish journal of biology*” (2007, 2009), “*Annual Wheat Newsletter*” (2012, 2017), “*Genetic Resources and Crop Evolution*” (2018, 2019, 2020), “*Cereal Communication*” (2018), “*Cereal Chemistry*” (2018), “*Вавиловский журнал генетики и селекции*” (2018), “*Frontiers in Plant Science*” (2019), “*Journal of Plant Physiology and Pathology*” (2021) və s.

Nəşrlər: Dissertasiyanın materialları əsasında 66 elmi əsər (2 kitab, 1 monoqrafiya, 29 məqalə, 34 tezis) dərc olunmuş, onlardan da 14 məqalə impakt faktorlu jurnallarda nəşr edilmişdir. 5 sort (bərək buğda – *Maya və Korifey-88*, yumşaq buğda – *Start və Cənub*, arpa - *Cəmil*) rayonlaşdırılaraq patent və müəlliflik şəhadətnaməsi alınmışdır.

Dissertasiyanın quruluşu və həcmi: Dissertasiya işi giriş, 9 fəsil, yekun, nəticələr, tövsiyələr, ədəbiyyat siyahısı və əlavələrdən ibarətdir. Dissertasiya işində 458 ədəbiyyat məlumatından istifadə

edilmişdir ki, onlardan 446-sı rus və ingilis dillərində olan mənbələrdir. Dissertasiya işi 49 cədvəl, 80 şəkil olmaqla həcmi 332 səhifədən ibarətdir.

İŞİN ƏSAS MƏZMUNU

I Fəsil. Ədəbiyyat icmalı

Ədəbiyyat icmalında dissertasiyanın mövzusunə uyğun olaraq mühüm elmi nəşrlərdə dərc edilmiş mənbələrə istinad edilməklə müxtəlif tədqiqatların nəticələri məntiqi ardıcılıqla yazılmış və təhlil olunmuşdur. Dissertasiya işində ilk dəfə olaraq, Azərbaycan dilində Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyaları haqqında məlumatlar təqdim olunmuş, onların üstün və çatışmazlıqları analiz edilmiş, qeyd edilən texnologiyalardan istifadə edilməklə buğda və eqilops növləri üzərində aparılan genom və transkriptom tədqiqatlarının nəticələri müzakirə edilmişdir. Növbəti yarımfəsillərdə buğda və arpa bitkisiində abiotik və biotik stressə davamlılığın molekulyar-genetik mexanizmi, müxtəlif genomlarda aşkar edilmiş davamlılıq genləri və ilişikli markerlər, TNP markerlər əsasında assosiativ xəritələşdirimə tədqiqatları haqqında ən son məlumatlar verilməklə xülasə tamamlanmışdır.

Ədəbiyyat xülasəsinin hər bölməsində dünyada aparılan elmi təcrübələrlə yanaşı, Azərbaycanda aparılan tədqiqatlara da istinadlar edilmiş və müqayisəli təhlillər aparılmışdır.

II Fəsil. Tədqiqatın materialı və metodları

Tədqiqat materialı olaraq, Beynəlxalq (ICARDA, CIMMYT) və Milli Genbankda saxlanılan diploid buğdalara (*T. monococcum*, *T. boeoticum*, *T. urartu*) aid 196, bərk (*T. durum* Desf.) və yumşaq (*T. aestivum* L.) buğda növlərinə aid 350, müxtəlif *Aegilops*

növlərinə aid 371 və arpa (*Hordeum L.*) bitkisinə aid 171 nümunədən istifadə edilmişdir.

Tədqiqat materiallarının toxumları cücərdilərək onlardan DNT-nin ekstraksiyası həyata keçirilmiş², Nanodrop (Thermo Scientific, 2000) vasitəsilə kəmiyyət və keyfiyyəti yoxlanılmışdır.

Sekvens əsasında genotipləşdirmə (GBS) və DArTseq analizi ilə sekvensləmə İllumina şirkətinin HiSeq-2500 sekvenser platformasından istifadə edilməklə aparılmışdır. Kitabxananın hazırlanması Poland və b. (2012)³ hazırladığı metod üzrə yerinə yetirilmişdir. Genom mürəkkəbliyinin azaldılması üçün *PstI* və *MspI* restriktazalarından istifadə olunmuş, *T4* liqaza vasitəsilə hər bir DNT nümunəsinə barkodlaşmış adapterlər liqasiya olunmuşdur. GBS nəticələri üzrə TNP çağırışı TASSEL 3.0 proqram dəstinin UNEAK GBS analitik təchizat sistemi, biostatistik analizlər isə PowerMarker və DARwin 6.0 proqramından istifadə etməklə həyata keçirilmişdir.

DArTseq texnologiyası ilə genotipləşdirmə Sansaloni və b. (2011)⁴ tərəfindən tərtib olunmuş və buğda üçün optimallaşdırılmış üsulla yerinə yetirilmişdir.

Dominant SilicoDArT və kodominant TNP markerlərini müəyyən etmək üçün DArT P/L analitik təchizat sistemi ilə allel çağırışları yaradılmışdır. DArT verilənləri əsasında klaster və PCoA analizləri Bio-R proqram paketi ilə yerinə yetirilmişdir.

Çoxprayerli ampikon sekvensləmə analizi Schnable laboratoriyasının (2015⁵ təqdim etdiyi protokol əsasında aparılmışdır.

² Stein, N. A new DNA extraction method for highthroughput marker analysis in a large genome species such as *Triticum aestivum* / N.Stein, G.Herren, B.Keller // Plant breeding, 2001. №120(4), - p. 354-356.

³ Poland, J. Genomic selection in wheat breeding using genotyping-by-sequencing / J.Poland, J.Endelman, J.Dawson [et al.] // The Plant Genome, - 2012. №5, - p. 103-113.

⁴ Sansaloni, C. Diversity Arrays Technology [DArT] and next-generation sequencing combined: genome-wide, high throughput, highly informative genotyping for molecular breeding of Eucalyptus / C.Sansaloni, D.Jaccoud [et al.] // BMC proceedings, - 2011. №5, - p. 1-2.

A, B və D genomları üçün dizayn olunmuş TNP spesifik praymerlərdən istifadə etməklə multipleks PZR reaksiyası aparılmış, hər bir nümunə üçün əldə edilmiş bütün ampikonlar barkodlaşdırılaraq birləşdirilmişdir. Hazırlanmış kitabxananın İon kürəcik hissəciklərinə birləşdirilməklə klonal amplifikasiyası PGM OneTouch sistemində İon PGM HI-Q View Template Kit vasitəsilə həyata keçirilmişdir. Zənginləşdirilmiş ISP kürəcikləri İon PGM platformasında (Thermo Fisher) İon 318 çipi vasitəsilə tək sonluqlu oxunma konfigurasiyasına uyğun şəkildə sekvens olunmuşdur.

SSR genotipləşdirmə analizi üçün A və B genomlarında xəritələşdirilmiş mikrosatellit markerlərdən istifadə olunmuşdur. Flüoresent rənglə nişanlanmış praymerlərdən istifadə etməklə PZR reaksiyası həyata keçirilmişdir. Amplifikasiya olunmuş DNT fraqmentləri ABI 3130xl Genetic Analyzer aparatında analiz olunmuşdur. Fraqment analizi və allel çağırışı GeneMapper software v.3.7 proqramı ilə yerinə yetirilmişdir.

SSR verilənləri üçün statistik parametrlər PowerMarker və DARwin 6.0 proqramından istifadə etməklə hesablanmışdır. Buğda, arpa və *Aegilops* kolleksiyalarında genetik strukturun tədqiqi STRUCTURE 2.3.4 proqram paketi və STRUCTURE HARVESTER vasitəsilə həyata keçirilmişdir.

Yumşaq buğda nümunələrinin 11 gen spesifik KASP markeri ilə skrininqinin aparılması LGC Genomics şirkətin təqdim etdiyi müvafiq protokol əsasında yerinə yetirilmişdir⁶.

Diploid buğdaların yarpaqdan Na⁺ ionlarını kənarlaşdırmaq qabiliyyəti hidroponik sistemdə Mans və Ceyms (2003)⁷ tərəfindən

⁵ Genotyping by multiplexing amplicon sequencing: [Electronic resource] / Schnable Lab. 2015. URL: <http://schnablelab.plantgenomics.iastate.edu/resources/protocols/>.

⁶ Wheat genotyping library: [Electronic resource] / LGC, Biosearch technologies. – 2016. URL: https://www.researchgate.net/institution/LGC_Biosearch_Technologies2/post/58458fbfd332d599f0c2991_KASPR_Genotyping_Markers_for_Key_Wheat_Traits

tərtib edilmiş protokol əsasında analiz olunmuş, *Nax1* və *Nax2* davamlılıq genlərinin skriningi vasitəsilə nümunələrin genotipik qiymətləndirilməsi həyata keçirilmişdir⁸.

Buğda və arpa bitkilərinin pas xəstəliyinə davamlılığının qiymətləndirilməsi məqsədilə nümunələr süni fonda qonur və gövdə pasının uredinosporelları ilə sirayətləndirilmiş, genotiplərin yoluxma dərəcəsi 0-4 ballıq Stakman şkalası əsasında təyin edilmişdir.

III Fəsil. Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyası ilə bərk buğda (*T. durum* Desf.) və yumşaq buğda (*T. aestivum* L.) kolleksiya nümunələrinin tədqiqi

3.1. Bərk buğda (*T. durum* Desf.) kolleksiya nümunələrinin sekvens əsasında genotipləşdirilməsi

Sekvens Əsasında Genotipləşdirmə (GBS) YNS əsaslı texnologiya olub buğda kimi böyük və kompleks genoma malik orqanizmlərdə uğurla tətbiq olunur⁹. GBS yolu ilə aşkar olunan TNP markerlərin üstünlüyü onların bütün genomu və xromosomları əhatə etməsidir.

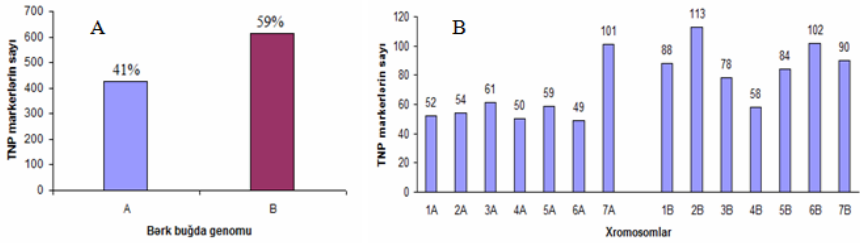
Dissertasiya işində ilk dəfə olaraq, GBS metodu vasitəsilə 76 bərk buğda ($2n = 4x = 28 A^uA^uBB$) nümunəsindən ibarət kolleksiyada genetik müxtəliflik tədqiq edilmişdir. Bərk buğda genotiplərinin GBS analizi nəticəsində iki genom (AB) üzrə ümumilikdə 1039 tək nukleotid polimorfizmi əldə edilmişdir. TNP markerlərin bərk buğda genomu üzrə paylanma xarakteri şəkil 3.1.1-də təqdim olunmuşdur. Əldə olunmuş TNP markerlərin 426-sının A

⁷ Munns, R. Screening methods for salinity tolerance: a case study with tetraploid wheat / R.Munns, R.A.James // Plant and soil, - 2003. №253(1), - p. 201-218.

⁸ Roder, M.S. A microsatellite map of wheat / M.S.Röder, V.Korzun, K.Wendehake [et al.] // Genetics, - 1998, №149, - p. 2007-2023.

⁹ He, J. Genotyping-by-sequencing (GBS), an ultimate marker-assisted selection (MAS) tool to accelerate plant breeding / J.He, X.Zhao, A.Laroche [et al.] // Frontiers in plant science, - 2014. №5, - p. 1-8

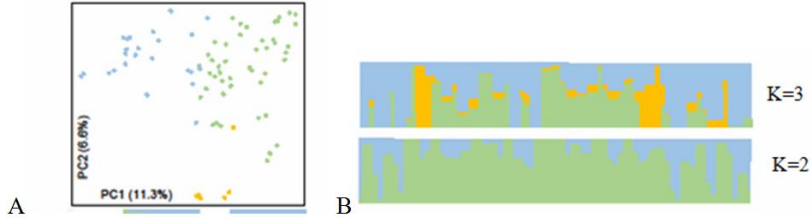
(41%), 613-nün isə B (59%) genomunda yerləşməsi müəyyən edilmişdir. Xromosomlar üzrə TNP-lərin sayı 49 - 113 arasında dəyişmiş, A genomu üçün marker sayı 49-101, B genomu üçün marker sayı isə 58-113 intervalında olmuşdur. Ən çox marker sayı 2B, ən az marker isə 6A xromosomunda təyin edilmişdir. Bərk buğda kolleksiyasında aşkar olunmuş tək nukleotid mutasiyalarının 69.2%-i tranzisiya (Ts), 30.8%-i isə transversiya (Tv) tipli olub, iki genom üzrə Ts/Tv nisbəti 2.25 vahid təşkil etmişdir ki, bu da $A \leftrightarrow G$ və $C \leftrightarrow T$ mutasiyalarının yüksək tezliyini göstərir.



Şəkil 3.1.1. TNP markerlərin bərk buğdanın A və B genomu (A) və hər bir xromosomu (B) boyunca paylanması

GBS verilənləri əsasında kolleksiya üçün orta PIC 0.329 vahid təşkil etmişdir ki, bu da maksimum PIC dəyəri 0.5 vahid olan biallel təbii TNP markerlər üçün yüksək göstəricidir.

Əsas komponent (PCA) və STRUCTURE analizi ilə tədqiq olunan kolleksiyada 3 subpopulyasiyanın ($K=3$) olduğu müəyyən edilmişdir (şəkil 3.1.2). Birinci subpopulyasiya ən yüksək, üçüncü subpopulyasiya isə ən az qarışıq (admixture) dərəcəsinə malik olmuşdur. Genealogiyasında ümumi valideyn formaları olan bütün sortların eyni qrupda birləşməsi müşahidə edilmişdir. TNP verilənləri əsasında qurulan dendrogramda nümunələr 6 klasterdə qruplaşmış, qruplaşma modeli PCA və STRUCTURE analizləri ilə uyğunluq təşkil etmişdir. Nümunələrin qruplaşması ilə onların növmüxtəlifliyi əlamətləri arasında əlaqə aşkar edilmişdir.



Şəkil 3.1.2. A) 76 *T. durum* genotipi üçün PCA analizi. Rənglər populyasiya strukturu analizindəki rənglərə müvafiqdir. B) *T. durum* kolleksiyasında populyasiya strukturu (STRUCTURE) analizi

Əldə olunmuş nəticələr buğda kimi poliploid genoma malik bitkilərdə böyük həcmdə yeni markerlərin yaradılması üçün GBS texnologiyasının güclü alət olduğunu təsdiq edir. Alınmış TNP markerlər növmüxtəlifliyi kimi bir sıra təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin assosiativ xəritələşdirilməsi üçün istifadə oluna bilər.

3.2. Yumşaq buğda (*T. aestivum* L.) kolleksiya nümunələrinin sekvens əsasında genotipləşdirilməsi

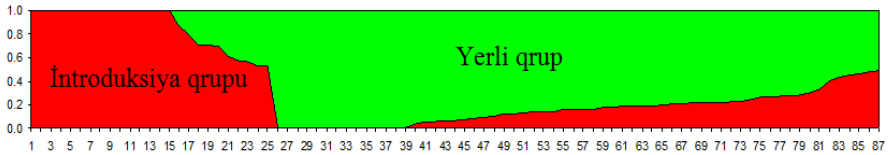
Tədqiqat işində yerli və introduksiya olunmuş 87 yumşaq buğda sort və nümunəsi üzərində GBS analizi aparılmış, heksaploid genom (A^uA^uBBDD) üçün ümumilikdə 411 tək nukleotid polimorfizmi (TNP) aşkar edilmişdir. Ən çox marker sayı B (48.8%), ən az marker sayı isə D genomunda (14%) qeydə alınmışdır. Həm genom, həm də homeoloji qruplar daxilində markerlərin qeyri-bərabər şəkildə paylanması aşkar edilmişdir. Xromosomlar üzrə TNP-lərin sayı geniş intervalda (3-36) dəyişmiş, maksimum göstərici 5B, minimum göstərici isə 5D xromosomunda müşahidə edilmişdir.

TNP-lərin 70.2%-nin tranzisiya, 29.8%-nin isə transversiya tipli olması müəyyən edilmiş, heksaploid buğdanın üç genomu üzrə Ts/Tr nisbəti 2.36 vahid təşkil etmişdir.

87 nümunə üzrə genetik müxtəliflik əmsalı (GMƏ) və polimorfizm informasiya tutumu üçün orta göstərici müvafiq olaraq, 0.422 və 0.331 vahid təşkil etmişdir. TNP verilənlərinin böyük əksəriyyəti üçün GMƏ yüksək qiymətlərlə səciyyələnmiş, 42% TNP üçün isə maksimum qiymət (0.5) qeydə alınmışdır ki, bu da böyük

əksəriyyətini (78.2%) Azərbaycan sort və nümunələri təşkil edən kolleksiyada zəngin genetik müxtəlifliyinin olmasını göstərir.

Klaster analizi ilə tərtib olunmuş dendroqram STRUCTURE və PCoA analizləri ilə uyğunluq təşkil etmiş, nümunələrin hər 3 analiz əsasında qruplaşma xarakteri üzrə bir neçə qanunauyğunluq aşkar edilmişdir: a) yerli və introduksiya olunmuş nümunələrin differensiasiyası (şəkil 3.2.1); b) eyni növmüxtəlifliyinə aid genotiplərin birgə qruplaşması; c) sortların birgə qruplaşması; və ç) sortların qruplaşması ilə genealogiya arasında əlaqə.



Şəkil 3.2.1. Yumşaq buğda kolleksiyasında STRUCTURE analizi

GBS verilənlərinin biostatistik analizinin nəticələrini ümumiləşdirərək demək olar ki, Respublika daxilində müxtəlif eko-coğrafi regionlarda eyni mənbələrdən olan toxum materiallarının uzun illər əkin və seleksiya məqsədilə istifadəsi bir tərəfdən onların oxşar genetik fona malik olmaqla birgə qruplaşmasına, digər tərəfdən isə introduksiya olunmuş başqa mənbələrdən fərqlənməsinə gətirib çıxarmışdır. TNP verilənləri əsasında birgə qruplaşan növmüxtəliflikləri arasında oxşar xüsusiyyətlərin mövcudluğu növmüxtəlifliyi əlamətlərinin yumşaq buğda genotiplərin ümumi qruplaşmasına və yerli kolleksiyanın genetik strukturuna əhəmiyyətli dərəcədə təsir etdiyini göstərir.

IV Fəsil. *Egilops (Aegilops L.)* kolleksiya nümunələrində tək nukleotid polimorfizm analizi

4.1. Azərbaycan mənşəli *Aegilops* növlərində DArTseq və TNP markerlərlə genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi

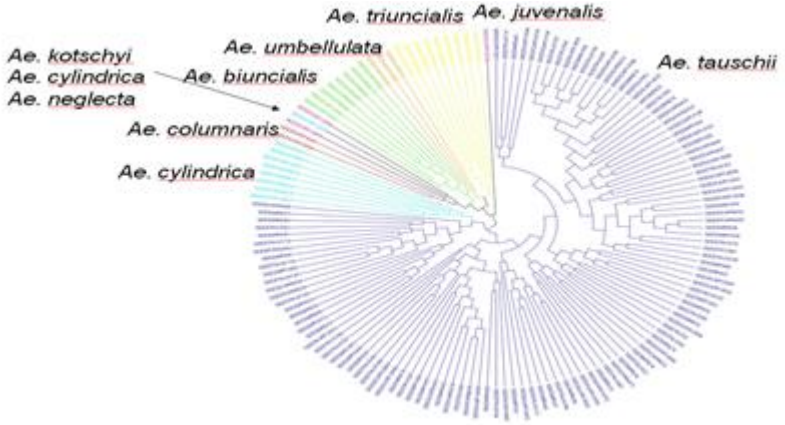
Müxtəlifliyin tədqiqi üçün istifadə olunan DNT-çip texnologiyası (Diversity Arrays Technology - DArT) genom boyu polimorfizmin təyini üçün yüksəkverimli və az maliyyə tutumlu

genotipləşdirmə üsuludur¹⁰. Dissertasiya işində ilk dəfə olaraq, Azərbaycan mənşəli *Aegilops* nümunələrində DArTseq texnologiyası tətbiq edilmiş, əldə olunmuş iki növ marker sistemi – TNP və SilicoDArTseq markerləri ilə 9 növə aid 150 nümunənin genetik müxtəlifliyi tədqiq edilmişdir. Ümumilikdə DArTseq texnologiyası ilə 150 *Aegilops* nümunəsi üçün 30433 TNP və 61574 SilicoDArTseq markeri əldə olunmuşdur. Tədqiq olunan kolleksiya üçün effektiv allel sayı (N_e) 1.334, gözlənilən heteroziqotluq 0.222, müşahidə olunan heteroziqotluq isə 0.029 vahid təşkil etmişdir. Şannon genetik müxtəliflik indeksinin 150 *Aegilops* nümunəsi üçün orta göstəricisi 0.809 vahid olmuşdur.

4.2. *Aegilops* nümunələrinin genetik qohumluq dərəcəsinin müəyyənləşdirilməsi

Aegilops növləri arasında, eləcə də növdaxili genetik əlaqələri müəyyən etmək məqsədilə TNP və DArTseq markerləri əsasında iki dendroqram tərtib olunmuş və müqayisəli tədqiq edilmişdir. Dendroqramlarda genotiplərin qruplaşması bir-birilə və cinsin sistematikasına uyğunluq təşkil etmişdir. Həm TNP, həm də DArTseq markerlər *Aegilops* növlərini müstəqil subklaster və qruplara ayırmaqla onları identifikasiya edə bilmişdir (şəkil 4.2.1).

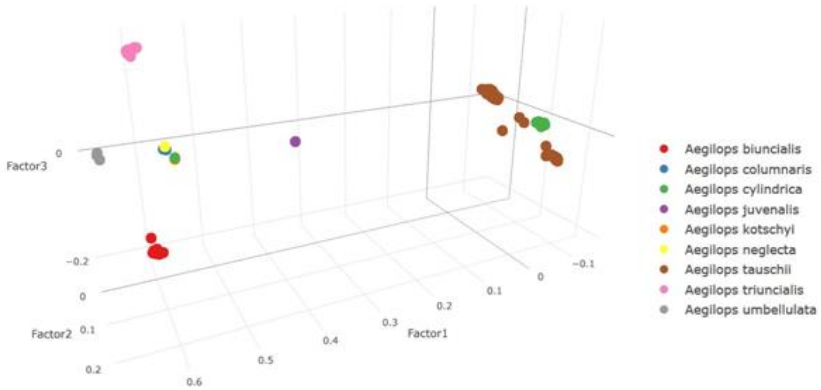
¹⁰ Jaccoud, D. Diversity arrays: a solid state technology for sequence information independent genotyping / D. Jaccoud, K.Peng, D.Feinstein [et al.] // Nucleic Acids Res., - 2001. №29(4), - p. 1-7.



Şəkil 4.2.1. TNP verilənləri və Rocers genetik məsafə indeksi əsasında 150 *Aegilops* nümunəsi arasında genetik əlaqəni əks etdirən dendroqram

TNP dendroqramından fərqli olaraq, DArTseq markerləri *Ae. tauschii* növünün təyində daha effektiv olmuşdur. Dendroqramlarda *Ae. tauschii*-yə (D) genetik baxımdan ən yaxın növ D genomunun digər mənbəyi olan *Ae. cylindrica* (DC) növüdür. Növlər arasında genetik oxşarlığın olması gözləniləndir, belə ki, *Ae. tauschii* növünün *Ae. cylindrica*-nın D genomunun donoru olması güman edilir. Tədqiqatımızın nəticələri *Ae. juvenalis*-in *Ae. tauschii* növünə deyil, özünün ata valideyn forması olan *Ae. umbellulata*-ya daha çox oxşar olmasını aşkara çıxarmışdır. Ümumilikdə DArTseq texnologiyası U genomuna malik *Aegilops* seksiyası növlərini D genomuna malik növlərdən yüksək dəqiqliklə fərqləndirə bilmişdir.

PCoA analizi klaster analizi ilə əldə olunmuş subqruplaşmanı təsdiq etmiş, ilk iki əsas koordinant ümumi variasiyanın çox böyük bir hissəsini - 82.34%-ni ifadə etmişdir (şəkil 4.2.2). STRUCTURE analizi ilə *Ae. tauschii* daxilində genetik baxımdan iki fərqli qrup aşkar edilmişdir.



Şəkil 4.2.2. DArTseq texnologiyası ilə əldə olunmuş TNP markerləri əsasında 150 *Aegilops* nümunəsi üçün PCoA analizi

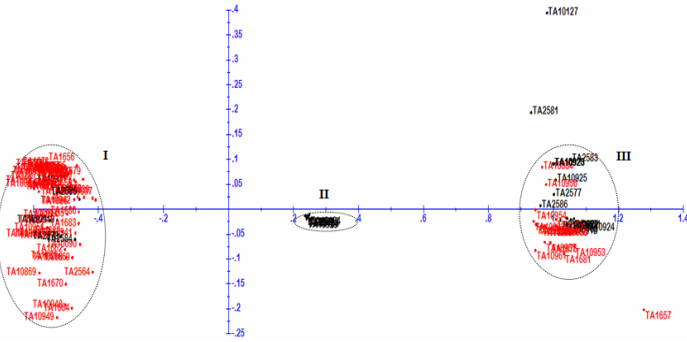
Azərbaycanın *Aegilops* növlərindəki aşkar edilmiş yüksək genetik variasiya heksaploid buğda genofondunun zənginləşdirilməsi üçün istifadə oluna bilər.

4.3. *Aegilops tauschii* kolleksiyasında GBS-əsaslı TNP markerlərlə genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi

GBS texnologiyası ilə Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Aegilops tauschii* kolleksiyası üçün əldə edilmiş tək nukleotid polimorfizm markerlərindən minor allel tezliyi 10%-dən yuxarı, heteroziqotluq dərəcəsi isə 5%-dən aşağı olan yüksək keyfiyyətli 348 TNP markeri seçilərək analizlər üçün istifadə edilmişdir. 106 genotip üzrə tək nukleotid əvəzəmələrinin bütün növlərinə (4 tranzisiya və 8 transversiya) təsadüf edilmişdir ki, bu da *Ae. tauschii* genomunda variabelliğin buğda genomuna nisbətən daha yüksək olduğunu göstərir. 348 markerdən 19-u unikal olub, 1 və ya 2 *Ae. tauschii* genotipində rast gəlinmiş, genotiplər üzrə unikal allel sayı 1-12 arasında dəyişmişdir.

Kolleksiyada orta GMƏ və PIC dəyəri müvafiq olaraq, 0.386 və 0.303 vahid təşkil etmiş, nümunələr arasında Ney genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişərək orta hesabla 0.64 vahid olmuşdur.

Klaster, PCoA və STRUCTURE analizləri ilə Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Ae. tauschii* kolleksiyaları arasında kəskin genetik differensiasianın olması aşkara çıxarılmış, həmçinin hər bir ölkə daxilində bir-birindən əhəmiyyətli dərəcədə fərqlənən subpopulyasiyalar müəyyən edilmişdir (şəkil 4.3.1). Müxtəlif ölkə, coğrafi region və koordinatlarda yerləşən yabarı *Ae. tauschii* populyasiyaları arasında gen axınının olmaması onların digər populyasiyalardan təcrid olunaraq özünəməxsus allellər çoxluğu yaratmasına və son nəticədə əhəmiyyətli dərəcədə differensiasiya etməsinə gətirib çıxarmışdır.



Şəkil 4.3.1. GBS əsaslı TNP markerləri ilə Azərbaycan (qırmızı rəng) və Gürcüstan (qara rəng) mənşəli 106 *Ae. tauschii* genotipinin koordinant müstəvisi üzrə paylanma xarakteri

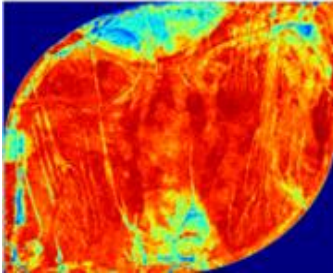
Ae. tauschii kolleksiyasında aşkar edilmiş zəngin genetik variasiya, həmçinin unikal allellərə malik genotiplər seleksiyaçılar tərəfindən yeni, daha üstün keyfiyyət və göstəricilərə malik buğda sortların yaradılması üçün istifadə oluna bilər.

V Fəsil. Amplikon sekvensləmə əsasında buğda və arpa kolleksiyası nümunələrinin genotipləşdirilməsi

5.1. Buğda genomu üzrə amplikon sekvensləmə panelinin yaradılması və analizi

PZR-GBS və ya amplikon sekvensləmə selektiv praymerlərin istifadəsi ilə genom mürəkkəbliyinin azaldılmasının alternativ üsulu olub bitki seleksiyası və genom tədqiqatları üçün əvəzolunmaz vasitədir.

Dissertasiya işində ilk dəfə olaraq, buğda bitkisinde genetik variantların daha səmərəli təyini üçün A, B və D genomlarını əhatə edən 830 praymerlik amplikon sekvensləmə paneli yaradılmışdır. Hazırlanmış 11 kitabxananın sekvenslənməsi Ion 318_{TM} v2 çipinin istifadəsilə Ion PGM platformasında həyata keçirilmiş, bir dövrədəki oxunmaların sayı $3.8-4.5 \times 10^5$ arasında dəyişmişdir (şəkil 5.1.1).



Şəkil 5.1.1. 96 yumşaq və 96 bərk buğda nümunəsinin genotipləşdirildiyi fiziki səthdə yüklənmə faizini göstərən Ion 318_{TM} v2 çipinin psevdorəngli şəkli. Qırmızı rəng 100% yüklənməni, göy rəng həmin hissədəki yuvacıqların yüklənmədiyini göstərir. Hər bir 318 çipi 11 milyon yuvacığa malikdir.

Nəticələrin bioinformatik analizi əsasında 401 yüksəkkeyfiyyətli marker seçilmiş və hazırlanmış panel 69 və 88 nümunədən ibarət yumşaq buğda (*T. aestivum*) və 69 və 96 nümunədən ibarət bərk buğda (*T. durum*) kolleksiyalarında yoxlanılmışdır. Markerlərin genom boyunca paylanma xarakteri GBS analizi ilə uyğunluq təşkil etmişdir ki, bu da buğda genomu üçün yaradılmış panelin effektivliyini sübut edir. Üç buğda genomu arasında B genomu ən yüksək (151 TNP), D genomu isə (88 TNP) ən aşağı marker sıxlığına malik olmuşdur. A və B genomunda xəritələşdirilmiş TNP-lərin sayı D genomu ilə müqayisədə 1.6 və 1.7 dəfə yüksək olmuşdur. 21 xromosom arasında 1B və 3B

xromosomları ən çox, 3D və ən kiçik buğda xromosomu olan 4D isə ən az TNP ilə səciyyələnmişlər. Tranzisiya tipli TNP-lər arasında ən çox rastgəlinən C/T (177), transversiyalar arasında isə G/T (31) əvəzətmələri olmuşdur.

5.2. Bərk buğda kolleksiyasının genetik müxtəlifliyinin amplikon sekvensləmə əsasında tədqiqi

Əldə olunmuş amplikon sekvensləmə paneli ilk öncə 2 bərk buğda (*T. durum* Desf.) kolleksiyasında yoxlanılmış, bir sıra statistik parametrlər ölçülmüş və genetik qohumluq qiymətləndirilmişdir.

Bərk buğdanın ilk kolleksiyası 69, digəri isə 96 sort və nümunədən təşkil olunmuş, TNP spesifik praymerlərlə əldə olunmuş ampikonların sekvenslənmə nəticələri GBS analizi ilə müqayisəli təhlil edilmişdir. Hər iki kolleksiyada genetik müxtəliflik əmsalı orta göstəricilərlə səciyyələnmiş və müvafiq olaraq, 0.276 və 0.226 vahid təşkil etmişdir. TNP markerlərdən 16-sı ilə unikal, 12-si ilə isə nadir allellər sintez olunmuş, bir genotip üçün unikal allel sayı 1-4 arasında dəyişmişdir. 2019-cu ildə rayonlaşdırılmış və müəlliflik şəhadətnaməsi alınmış Maya sortu üçün 4 unikal allel (müvafiq olaraq, 54728 (T), 20572 (G), 27819 (G) və 66294 (G) markeri ilə) qeydə alınmış və sortun pasportlaşdırılması üçün istifadə olunmuşdur.

Yeni panel əsasında aparılan klaster analizi 1-ci kolleksiyadakı nümunələrin böyük əksəriyyətini, 2-ci kolleksiyada isə bütün nümunələri identifikasiya etməyə imkan vermişdir. Nümunələrin ampikon sekvensləmə və GBS verilənləri əsasında klasterlərdə qruplaşma xarakterinin müqayisəsi çox böyük homologiyların olmasını meydana çıxarmışdır. Belə ki, növmüxtəliflikləri bütün dendroqram boyunca bu və ya digər dərəcədə paylansa da, GBS analizində olduğu kimi, bir-birinə genetik baxımdan çox yaxın olan və sıx qruplar əmələ gətirən əksər nümunələrin eyni növmüxtəlifliyinə aid olma (var. *leucurum*: 6093, 6098 və 6086; var. *lecomelan*: 6138 və 6139) tendensiyası müşahidə olunmuş, ümumi valideyn formalarına malik sortların birgə qruplaşması (məsələn, Şiraslan 23 və Mirbəşir 50) qeydə alınmışdır. Bu, bir

tərəfdən fərqli sekvensləmə metodlarından əldə olunmuş nəticələrin etibarlığını təsdiq edir, digər tərəfdən isə bərk buğda bitkisinde yeni yaradılmış TNP markerlərlə növmüxtəlifliyi əlamətləri arasında assosiativ əlaqələrin aşkarlanması istiqamətində tədqiqatların aparılmasına zəmin yaradır.

5.3. Yumşaq buğda kolleksiyasının genetik müxtəlifliyinin amplikon sekvensləmə əsasında tədqiqi

Yumşaq buğda üzərində amplikon sekvensləmə panelinin yoxlanılması 69 və 88 *T. aestivum* sort və nümunəsindən ibarət kolleksiyalarda həyata keçirilmişdir. GBS verilənlərində olduğu kimi, hər bir genom daxilində 4-cü homeoloji qrup xromosomları (4A, 4B və 4D) ən az marker sayı ilə xarakterizə olunmuş, tək nukleotid əvəzətlərinin böyük əksəriyyətini C/T və G/A tranzisiyaları təşkil etmişdir. İlk kolleksiyada GMƏ və PIC parametrləri orta hesabla, 0.252 və 0.205 vahid, digər kolleksiyada isə daha da yüksək olmaqla 0.305 və 0.246 vahid təşkil etmişdir. Yumşaq buğda növmüxtəliflikləri arasında ən yüksək polimorfizm var. *ferrugineum*, var. *milturum* və var. *erythrosperrum* üçün qeydə alınmışdır.

Kolleksiyalarda unikal allellərə malik genotiplər aşkar edilmişdir. Ümumilikdə 11 TNP markeri üçün unikal, 38 marker üçün isə nadir allel əldə edilmişdir. Var. *lutescens* növmüxtəlifliyinə aid 22 nömrəli nümunə və Nurlu 99 sortunda iki unikal allel qeydə alınmışdır. Klaster analizi bütün nümunələri bir-birindən fərqləndirməyə və identifikasiya etməyə imkan vermişdir. Yeni yaradılmış Leyla sortunun Pərvizvan 2, yeni Start sortunun isə Aran sortuna genetik baxımdan oxşar olması qeydə alınmışdır.

Yeni yaradılmış genotipləşdirmə paneli nümunələr arasından unikal profilə malik genotipləri aşkar etməyə, bütöv kolleksiyada genetik müxtəlifliyin ümumi mənzərəsini yaratmağa və nümunələri genetik yaxınlıq dərəcələrinə görə düzgün şəkildə qruplaşdırmağa imkan vermişdir. Alınmış nəticələrin GBS analizi ilə uzlaşması panelin etibarlılığını daha da artırır. Hazırlanmış panel bərk və yumşaq buğda növləri üzrə aparılacaq genotipləşdirmə

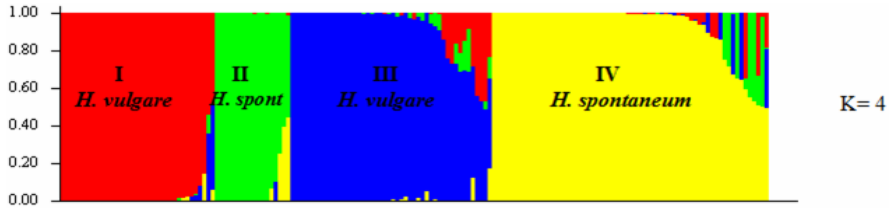
tədqiqatlarında və gələcək genotip-fenotip assosiasiya analizlərində əminliklə istifadə oluna bilər.

5.4. Arpa kolleksiyasının ampikon sekvensləmə paneli əsasında genotipləşdirilməsi

Dissertasiya işi çərçivəsində ilk dəfə olaraq, arpa genomu boyunca paylanmış 365 TNP spesifik praymerdən ibarət panel və multipleks ampikon sekvensləmə metodundan istifadə etməklə Azərbaycanın 20 müxtəlif regionundan toplanmış 86 yabanı (*H. spontaneum*) və 85 mədəni arpa (*H. vulgare*) nümunəsinin genotipləşdirilməsi həyata keçirilmişdir. Sekvensləmə nəticəsində 4.72×10^4 oxunma əldə edilmiş, oxunmaların median uzunluğu 117 n.c. təşkil etmişdir.

H xromosomları boyunca TNP markerlərin sayında kəskin variasiya müşahidə olunmamış, ən çox TNP 6H (45), ən az marker isə 7H (29) xromosomunda qeyd alınmışdır. Arpa genomunda aşkar edilmiş TNP markerləri A/T istisna olmaqla, bütün növ əvəzətləri özündə birləşdirmiş, tranzisiyalar ümumi variantların 66%-ni, transversiyalar isə 34%-ni təşkil etmişdir. Tədqiq edilən arpa kolleksiyasında TNP markerlər üzrə genetik müxtəlifliyin yüksək olması (GMƏ=0.347; PIC=0.280) aşkar edilmiş, növlərin müqayisəsi isə mədəni arpa nümunələrinin (GMƏ=0.343; PIC=0.272) yabanı arpalara (GMƏ=0.247; PIC=0.200) nisbətən genetik baxımdan daha zəngin olmasını göstərmişdir.

Arpa nümunələri arasında Ney genetik məsafə indeksi 0-0.76 arasında dəyişmiş və orta hesabla 0.42 vahid təşkil etmişdir. Klaster analizi ilə nümunələr 3 əsas qrupda birləşdirilmiş, analiz yabanı və mədəni arpa genotiplərini tam şəkildə bir-birindən ayırmağa imkan vermişdir. Dendrogramın sonrakı şaxələnməsi hər iki növ daxilində genetik baxımdan tam fərqli iki qrupun olmasını göstərmiş, STRUCTURE və PCoA analizləri bu nəticələri təsdiqləmişdir (şəkil 5.4.1).



Şəkil 5.4.1. 169 arpa nümunəsində 255 TNP markeri əsasında STRUCTURE analizi

Tədqiqat işində ilk dəfə olaraq, mədəni arpa kolleksiyasında bir sıra morfoloji əlamət və xəstəliklərə davamlılıqla TNP markerlər arasında assosiasiya analizi həyata keçirilmişdir. Əsas komponentlərdən istifadə etməklə 14 biomorfoloji əlamət üzərində yerinə yetirilən assosiativ xəritələşdirmədə ən üstün göstəricilər sünbülün uzunluğu əlamətinə görə qeydə alınmışdır. Tədqiqatların əsas nəticəsi olaraq 4H xromosomunda, ~ 103 cM məsafədə gövdə pası (*P. graminis* f. sp. *tritici*, QCCJ ştamı) və 7H xromosomunda ~ 90 cM məsafədə qonur ləkəlilik (*C. sativus*; ND85F isolate) üçün əhəmiyyətli marker əlamət assosiasiyası aşkar edilmişdir.

VI Fəsil. Molekulyar markerlərlə buğda və eqilops nümunələrinin genetik idendifikasiyası

6.1. Diploid buğdaların SSR markerlərlə analizi

6.1.1. *T. urartu* nümunələrində genetik müxtəlifliyin SSR markerlərlə qiymətləndirilməsi

Tədqiqat işində SSR marker texnologiyasından istifadə etməklə müxtəlif mənşəli *T. urartu* nümunələrinin genetik müxtəlifliyi qiymətləndirilmişdir. 8 ölkəni təmsil edən 74 *T. urartu* genotipi üçün 11 SSR praymeri ilə 83 allel sintez olunmuş, ən yüksək allel sayı barc-213 (15), ən az allel sayı isə barc-200 və barc-209 praymerləri (4) ilə qeydə alınmışdır. Kolleksiya üçün gözlənilən heteroziqotluq (H_E) 0.56, polimorfizm informasiya tutumu isə 0.52 vahid təşkil etmişdir. Klaster analizi vasitəsilə genotiplər 3 klasterdə qruplaşmış, nümunələrin qruplaşması ilə ölkələr arasında əlaqə qeydə

alınmamışdır. Molekulyar variasiya analizi (AMOVA) ilə genetik müxtəlifliyin böyük hissəsinin (90%) ölkə daxilindəki, az bir hissəsinin isə (10%) ölkələrarası variasiya ilə izah olunduğu aşkar edilmiş, coğrafi regionlar arasında hesablanmış F-Statistic (Fst) qiymətlərinin aşağı olması bu faktı təsdiq etmişdir.

6.1.2. *T. boeoticum* nümunələrində genetik müxtəlifliyin SSR markerlərlə qiymətləndirilməsi

63 yabanı təkdənli *T. boeoticum* nümunəsinin SSR markerlərlə tədqiqi zamanı 11 praymerlə 83 allel sintez olunmuş, bir lokusa düşən allel sayı orta hesabla 7.5 ədəd təşkil etmişdir. Bütün lokuslar üçün unikal allellər qeydə alınmışdır. Kolleksiya üçün He və PIC müvafiq olaraq, 0.52 və 0.49 vahid təşkil etmişdir. Tədqiq olunan ölkələr arasında ən yüksək müxtəliflik Suriya (PIC=0.49; 6 genotip), ən aşağı göstərici isə (PIC=0.26) İraqdan olan 4 nümunə üçün müşahidə olunmuşdur. Klaster və PCoA analizi ilə nümunələr 5 qrupda birləşdirilmiş, nümunələr arasında genetik differensiasianın aşağı olması müəyyən edilmişdir. Genetik məsafə və coğrafi region arasında əlaqə yalnız İran genotipləri üçün qeydə alınmışdır.

6.1.3. Diploid buğdaların müqayisəli SSR analizi

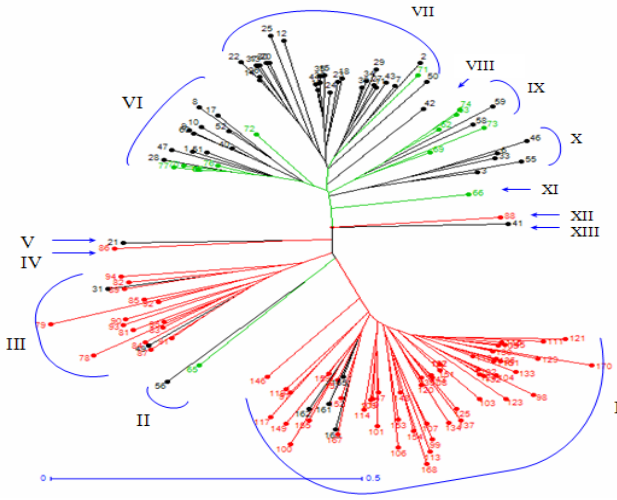
Diploid buğdalarda növlərarası əlaqələri müəyyənləşdirmək məqsədilə, üç növü əhatə edən 139 nümunədən ibarət ümumi kolleksiyada (14 *T. monococcum*, 71 *T. urartu* və 54 *T. boeoticum*) SSR markerlərlə genetik variasiya tədqiq olunmuşdur. Kolleksiya üçün sintez olunmuş 111 alleldən 26-sı *T. urartu*, 20-si *T. boeoticum* və 4-ü *T. monococcum* növü üçün spesifiklik nümayiş etdirmişdir. Üç növ arasında *T. urartu* ən yüksək, *T. monococcum* isə ən aşağı ümumi allel sayı və genetik müxtəlifliklə səciyyələnmişdir (cədvəl 6.1.1).

Cədvəl 6.1.1

Diploid buğda növləri üçün 11 SSR markeri ilə əldə olunmuş statistik göstəricilər

Növlər	Nümunə sayı	Allel sayı	Npa	H _o	He	PIC
<i>T. urartu</i>	71	81	15	0.28	0.58	0.54
<i>T. boeoticum</i>	54	78	6	0.13	0.52	0.50
<i>T. monococcum</i>	14	35	4	0.13	0.40	0.36
Ümumi	139		25			

Nümunələr arasında genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, orta göstərici 0.64 vahid təşkil etmişdir. *T. boeoticum* növü üçün orta genetik məsafə 0.54, *T. urartu* üçün 0.53 və *T. monococcum* üçün 0.40 vahid olmaqla müəyyən edilmişdir. NJ dendroqramında 1000 “bootstrap” dəyəri ilə 13 klaster ayırd edilmişdir. Klaster analizi diploid buğda nümunələrini növ səviyyəsində fərqləndirə bilmiş, genotiplər, müəyyən istisnalarla, taksonomik qruplarla müvafiq olaraq qruplaşmışdır (şəkil 6.1.1). Belə ki, I və III klaster, əsasən, *T. urartu*, VII və X klaster isə *T. boeoticum* nümunələri ilə təmsil olunmuş, *T. monococcum* nümunələri isə VI və IX klasterlərdə müstəqil subklasterlər əmələ gətirmişdir. Klasterdən də görüldüyü kimi, *T. monococum* nümunələrinin *T. boeoticum*-a daha yaxın yerləşməsi müşahidə olunur ki, bu da qeyd olunan növlərin ortaq allellərə malik olduğunu göstərir. Bundan əlavə, üç növ arasında ən aşağı genetik məsafə də *T. monococcum* və *T. boeoticum* növləri (GM=0.16) üçün qeydə alınmış, *T. urartu* və *T. monoccocum* növlərinin (GM=0.54) isə genetik cəhətdən bir-birinə uzaq olması aşkar edilmişdir. Əldə olunan nəticələr diploid buğda növlərinin mənşəyi ilə bağlı tədqiqatların nəticələri ilə uzlaşır və *T. monococcum* növünün *T. boeoticum*-dan başlanğıc götürməsi hipotezasını təsdiq edir.



Şəkil 6.1.1. Ney genetik məsafə indeksi əsasında 139 diploid buğda nümunəsi arasında genetik əlaqəni əks etdirən dendroqram. Müxtəlif rənglər müxtəlif növləri göstərir (*T. urartu* - qırmızı, *T. boeoticum* – qara, *T. monococcum* – yaşıl). Rum rəqəmləri klasterlərin nömrəsini göstərir.

6.2. Bərk buğda (*T. durum* Desf.) kolleksiyasında genetik müxtəlifliyin SSR markerlərlə qiymətləndirilməsi

29 növmüxtəlifliyinə aid 145 bərk buğda nümunəsinin genetik müxtəlifliyi SSR marker sistemi vasitəsilə tədqiq edilmişdir. Ümumilikdə 145 nümunə üçün 13 SSR praymer cütü ilə 104 amplikon sintez olunmuş, bir praymerə düşən allel sayı 8 ədəd təşkil etmişdir. Kolleksiya üçün H_E və PIC-in orta göstəricisi müvafiq olaraq, 0.62 və 0.58 vahid təşkil etmişdir ki, bu da Azərbaycana məxsus bərk buğda nümunələrinin yüksək genetik müxtəlifliyə malik olduğunu göstərir. Nümunələr arasında genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, orta hesabla 0.60 vahid təşkil etmişdir. Dendroqramda növmüxtəliflikləri əsasında aydın qruplaşma modeli aşkar edilməmiş, ən çox oxşarlıq var. *hordeiforme* və var. *melanopus* arasında qeydə alınmışdır. SSR dendroqramındakı ümumi topologiya, xüsusən də sortların qruplaşma xarakteri GBS və amplikon sekvensləmənin nəticələri ilə uyğunluq təşkil etmişdir. Növmüxtəliflikləri daxilində aşkar olunmuş zəngin genetik

müxtəliflik kolleksiyasının gələcək seleksiya işlərində *T. durum* növünün genetik fondunun zənginləşdirilməsi məqsədilə yeni allellərin donoru kimi istifadəsinin mümkün olduğunu göstərir.

6.3. Yumşaq buğda (*T. aestivum* L.) kolleksiyasında genetik müxtəlifliyin SSR markerlərlə qiymətləndirilməsi

SSR markerlərdən istifadə etməklə Azərbaycanın yumşaq buğda sort və nümunələrinin də daxil olduğu 158 nümunədən ibarət kolleksiyada genetik variasiya tədqiq edilmişdir. Ümumilikdə kolleksiya üçün 35 allel sintez olunmuş, hər praymerə düşən allel sayı 8.8 ədəd təşkil etmişdir. Tədqiqat nəticəsində kolleksiyada zəngin genetik müxtəlifliyin olması ($GM\Theta=0.654$) aşkar edilmişdir. Klaster analizi ilə genotiplər 3 qrupda birləşdirilmiş, hər klasterdə genetik baxımdan uzaq və yaxın olan nümunələr müəyyən edilmişdir. Növmüxtəliflikləri arasında var. *ferrugineum* (0.66) genetik müxtəliflik indeksinin ən yüksək, var. *albidum* isə (0.22) ən aşağı göstəricisi ilə səciyyələnmişdir. Beləliklə, alınmış nəticələrdən yumşaq buğda nümunələrinin pasportlaşdırılması və seleksiya proqramlarında çarpazlaşdırılacaq valideyn kombinasiyalarının seçilməsində istifadə oluna bilər.

6.4. *Aegilops* növlərində genetik polimorfizmin SSR markerlərlə tədqiqi

6.4.1. *Aegilops* nümunələrində mikrosatellit lokuslar üzrə genetik variasiyanın qiymətləndirilməsi

Dissertasiya işində müxtəlif mənşəli 8 *Aegilops* növünü təmsil edən 88 nümunənin genetik müxtəlifliyi SSR marker texnologiyası ilə tədqiq edilmişdir. Bu tədqiqat Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Aegilops* növləri üzərində aparılan ilk SSR qiymətləndirmə işidir.

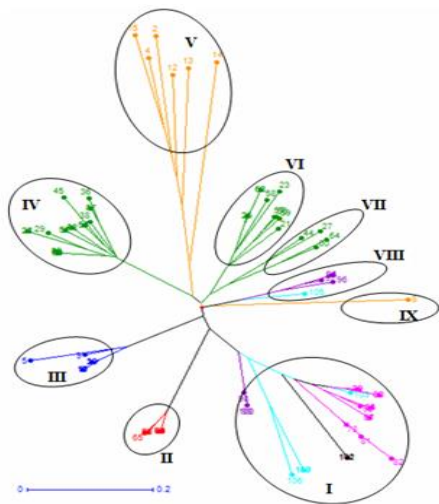
Yeddi SSR praymer cütü vasitəsilə ümumilikdə 58 allel sintez olunmuş, bir praymerə düşən ampliton sayı orta hesabla 8 ədəd təşkil etmişdir. gwm210 praymerini çıxmaq şərtilə, qalan bütün praymerlər 8 növ arasında 100% transfer olunma qabiliyyəti nümayiş etdirmişlər. Ümumilikdə sintez olunmuş allellərin 33%-nin növ-spesifik, 21%-nin isə nümunə-spesifik olması müəyyən edilmişdir.

Cəmi iki allel tədqiqata cəlb olunmuş bütün *Ae. cylindrica*, digər iki allelin kombinasiyası isə *Ae. triuncialis* nümunələrini identifikasiya edərək digər növlərdən fərqləndirə bilmişdir. Növlər arasında ən yüksək genetik müxtəliflik *Ae. speltoides* (PIC=0.591), ən aşağı göstərici isə *Ae. cylindrica* (PIC=0.044) üçün qeydə alınmışdır. Tədqiqatın nəticələri Azərbaycanda diploid *Ae. tauschii* növü ilə yanaşı, bu regiondan olan *Ae. biuncialis* və *Ae. triuncialis* növlərinin də zəngin müxtəlifliyə malik olmasını göstərmişdir. Alınmış nəticələr *Aegilops* növlərinin molekulyar-genetik müxtəlifliyi haqqında dolğun informasiya verməklə, onların səmərəli qorunub saxlanması və idarə olunması, həmçinin adaptiv allellərin mənbəyi kimi buğda yaxşılaşdırma proqramlarında istifadəsinə əsaslı təkan verəcəkdir.

6.4.2. *Aegilops* kolleksiyasında növlərarası və növdaxili genetik qohumluğun qiymətləndirilməsi

Aegilops kolleksiyasında SSR markerlər əsasında hesablanmış genetik məsafə indeksi 0-1 arasında dəyişmiş, orta göstərici 0.51 vahid təşkil etmişdir. SSR verilənləri əsasında aparılan klaster və PCoA analizləri *Aegilops* növləri arasında kəskin genetik fərqliliyin, differensiasianın olmasını aşkar etmişdir. Cəmi 7 SSR markeri müxtəlif seksiyalara aid olan və fərqli genom strukturuna malik 8 *Aegilops* növünü bir-birindən fərqləndirə bilmişdir.

UNJ klasterləşdirmə alqoritmi əsasında *Aegilops* nümunələri 9 klasterdə qruplaşdırmış (şəkil 6.4.1), klasterlərdə yerləşmə sistematikaya uyğun olmuşdur. Bütün *Ae. cylindrica* nümunələri II və bütün *Ae. geniculata* genotipləri III klasterdə qruplaşmışdır. *Ae. tauschii* genotipləri 3 müstəqil homogen klaster (IV, VI və VII klasterlər) arasında paylanmış və nümunə sayının çoxluğuna baxmayaraq, digər növlərə qarışmamışdır. Növün genotiplərinin bir neçə klasterə ayrılması *Ae. tauschii*-də yüksək növdaxili polimorfizmi, klasterlərin homogenliyi isə D genomunun unikallığını və digər genomlardan tam differensiasiya etməsini göstərir.



Şəkil 6.4.1. Ney genetik məsafə indeksi əsasında 88 *Aegilops* nümunəsi arasında genetik əlaqəni əks etdirən dendroqram. Müxtəlif rənglər müxtəlif növləri göstərir (*Ae. umbellulata* - qara, *Ae. tauschii* - yaşıl, *Ae. cylindrica* - qırmızı, *Ae. biuncialis* - bənövşəyi, *Ae. geniculata* - göy, *Ae. speltoides* - sarı, *Ae. neglecta* - mavi və *Ae. triuncialis* - çəhrayı).

VII Fəsil. Müxtəlif mənşəli diploid buğda nümunələrinin duza davamlılığının təyini

7.1. Diploid buğdaların duza davamlılığının hidroponik sistemdə qiymətləndirilməsi

Tədqiqat işində ICARDA genbankında saxlanılan müxtəlif mənşəli diploid buğda növlərinə aid 196 nümunənin (31 nümunə - *T. monococcum*, 87 nümunə - *T. urartu*, 78 nümunə - *T. boeoticum*) duza davamlılığı qiymətləndirilmişdir. Bu məqsədlə ilk növbədə Mans və Ceyms tərəfindən hazırlanmış metod əsasında hidroponik sistemdən istifadə etməklə nümunələrin duz ionlarını kökdən kənarlaşdırma bilmək qabiliyyəti yoxlanılmış və onlar davamlı - *T. monococcum*, CV 68-101, Line 149 sortu və həssas -Tamoroi sortu ilə müqayisə edilmişdir.

7.1.1. *T. monococcum* genotiplərinin duza davamlılığının təyini

Tədqiq edilən *T. monococcum* nümunələrinin yarpaqlarında müşahidə edilən Na⁺ ionlarının miqdarı 11.5-175.6 mM arasında dəyişmişdir. Na⁺ ionlarını kənarlaşdırma qabiliyyətinə görə nümunələr 3 qrupa ayrılmışdır. Birinci qrup müxtəlif mənşəli 12 *T. monococcum* nümunəsindən təşkil olunmuşdur. Qrupa daxil olan genotiplərin Na⁺ ionlarını kənarlaşdırma qabiliyyəti duza davamlılığı ilə seçilən Line 149 sortundan da yüksək olmuş, nümunələrin yarpaqlarında toplanan Na⁺ ionlarının miqdarı 40 mM-dan aşağı qiymətlərlə səciyyələnmişdir. Seçilmiş bu nümunələr duza davamlılıq istiqamətində seleksiya işlərində uğurla istifadə oluna bilər. İkinci qrupa daxil olan nümunələrin yarpaqlarında toplanan Na⁺ ionlarının miqdarı 43.3-64.5 mM arasında dəyişmiş, qrup orta davamlı kimi qiymətləndirilmişdir. Üçüncü qrupa aid edilmiş və həssas kimi qiymətləndirilmiş 7 nümunənin isə əvvəlki genotiplərə nisbətən daha çox Na⁺ ionu qəbul etməsi aşkar edilmiş, nümunələrin yarpaqlarında müşahidə edilən Na⁺ ionlarının miqdarı 75.4-175.6 mM intervalında dəyişmişdir.

7.1.2. *T. boeoticum* genotiplərinin duza davamlılığının qiymətləndirilməsi

Tədqiqat işində müxtəlif ölkələrə aid və müxtəlif zamanlarda toplanılmış 77 *T. boeoticum* buğdasının duz stresinə davamlılığı tədqiq edilmiş, genotiplərin duza davamlılığına görə əhəmiyyətli dərəcədə fərqlənməsi müəyyən edilmişdir. 77 nümunənin 47-si yüksək miqdarda Na⁺ ionlarını kənarlaşdırmaq qabiliyyətinə malik olmaqla, onların yarpaqlarında rast gəlinən Na⁺ ionlarının miqdarı 7.69 mM - 40.9 mM intervalında dəyişmişdir. Qeyd edilən nümunələr duza davamlılıq istiqamətində seleksiya işləri üçün seçilmiş və əlamət kolleksiyasına daxil edilmişdir.

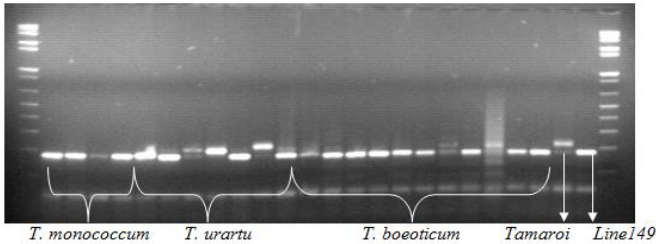
7.1.3. *T. urartu* nümunələrinin duza davamlılığının təyini

Tədqiqat işində 87 *T. urartu* nümunəsinin də davamlılığı tədqiq edilmiş, onlardan 20 nümunə duza yüksək, 44 nümunə orta davamlı

olmuş, 23 nümunə isə həssas kimi qiymətləndirilmişdir. Yüksək davamlı kimi qiymətləndirilmiş nümunələrdə toplanılan Na^+ ionlarının miqdarı 15.9 mM - 39.9 mM arasında dəyişmişdir. Seçilmiş nümunələr həm davamlılıq istiqamətində seleksiya işlərində, həm də yeni genlərin identifikasiyası üçün faydalı əlamət kolleksiyası kimi gələcək tədqiqatlarda istifadə oluna bilər.

7.2. Diploid buğda genotiplərində *Nax* genlərinin skriningi

Tədqiqatın sonrakı mərhələsində diploid buğda nümunələri *Nax1* geni ilə əlaqəli olan gwm312 SSR markeri ilə skrining edilmişdir (şəkil 7.2.1). *Nax* genlərinin donoru hesab edilən *T. monococcum* CV 68-101 və Line149 nümunələri *Nax* genlərinin daşıyıcısı kimi, duza həssaslığı ilə seçilən və *Nax* genlərinə malik olmayan Tamaroi sortu isə həssas nəzarət variant kimi götürülmüşdür. *Nax1* geninin skriningi zamanı, bir genotip istisna olmaqla, bütün *T. monococcum* nümunələrində davamlılıq geninin olduğu müəyyən edilmiş, *T. boeoticum* və *T. urartu* növünə aid genotiplərdə isə polimorfizm müşahidə edilmişdir.

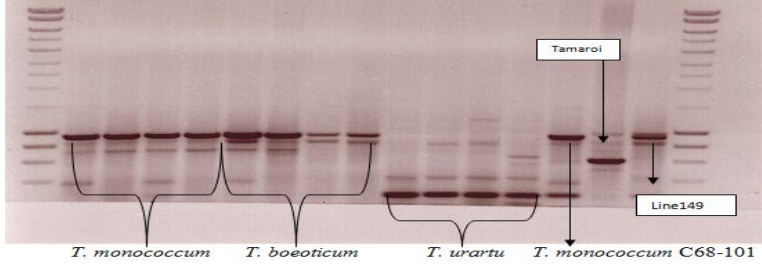


Şəkil 7.2.1. Diploid buğdalarda gwm 312 praymeri ilə *Nax1* geninin skriningi

Amplifikasiya məhsullarının fraqment analizi zamanı 25 *T. monococcum* nümunəsində nəzarət variantlarında olduğu kimi, 199 n.c. uzunluğunda fraqment aşkar edilmişdir ki, bu da bir daha qeyd edilən nümunələrin *Nax1* geninə malik olmasını sübut edir. Cəmi 5 *T. monococcum* nümunəsində fərqli ölçülü amplifikasiya məhsulları sintez olunmuşdur. *T. boeoticum* növünə aid nümunələrdə

Nax1 geninə görə geniş polimorfizmin olduğu müşahidə edilmiş, *T. urartu*-ya aid nümunələrdə isə *Nax1* geni aşkar edilməmişdir.

Diploid buğdaların *Nax2* geni üzrə skriningi zamanı *T. monococcum* və *T. boeoticum* növlərinə aid nümunələrdə *Nax2* geni aşkar edilmiş, *T. urartu* nümunələrində isə qeyd olunan genin olmadığı müəyyən edilmişdir (şəkil 7.2.2).



Şəkil 7.2.2. Diploid buğdalarda *Nax2* geninin skriningi

Molekulyar analiz və hidroponik sistemdən əldə olunmuş nəticələr müqayisə edilərək sistemləşdirilmişdir. *Nax1* və *Nax2* genlərinin olması təsdiq edilmiş 25 *T. monococcum* nümunəsində Na^+ və K^+ ionlarının miqdarı davamlı Line 149 sortuna yaxın olmuşdur. Belə ki, bu nümunələrdə Na^+ ionları üzrə orta göstərici 55 mM, K^+ ionları üzrə isə 213 mM olmuşdur. Monteneqrodan toplanılmış bir *T. monococcum* nümunəsində isə Na^+ ionları 175 mM, K^+ ionları isə 93 mM təşkil etmiş, bu nümunədə *Nax* genlərinə təsadüf edilməmişdir.

Hər iki duza davamlılıq geninə (*Nax1*, *Nax2*) malik 18 *T. boeoticum* nümunəsində Na^+ ionlarının orta göstəricisi 34 mM, K^+ ionlarının orta göstəricisi isə 235 mM olmuşdur. Yalnız *Nax2* geninin olması güman edilən 47 nümunədə də oxşar nəticə qeydə alınmışdır. *Nax1* geninə malik iki nümunədə isə toplanan Na^+ ionlarının miqdarı isə yüksək olmaqla 127 mM təşkil etmişdir. 7 *T. boeoticum* nümunəsində *Nax* genlərinin heç biri aşkar edilməsə də onlarda toplanan Na^+ ionlarının miqdarı aşağı - 53 mM olmuşdur. Bu nəticə *T. boeoticum* növünə daxil olan nümunələrdə *Nax* genlərindən

fərqli, digər duza davamlılıq genlərinin olduğunu göstərməklə gələcək tədqiqatlar üçün zəmin yaratmışdır.

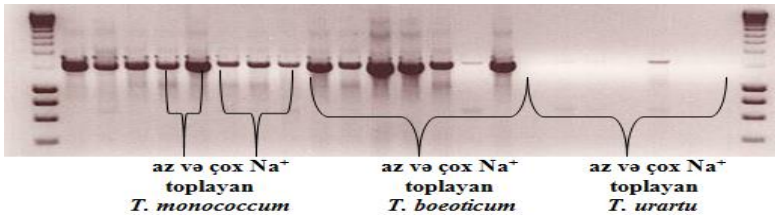
Tədqiq edilən *T. urartu* nümunələri üçün də maraqlı nəticələr əldə edilmişdir. Yüksək davamlılığa görə fərqlənən 43 nümunədə heç bir *Nax* geni aşkar edilməmiş, onlarda toplanan Na^+ ionlarının miqdarı 15-59 mM intervalında dəyişmişdir. 37 nümunədə isə bu göstərici 61-250 mM arasında olmuşdur. Seçilmiş davamlı nümunələr duza davamlılıq istiqamətində aparılan seleksiya işləri ilə yanaşı, yeni davamlılıq genlərinin identifikasiyasında da istifadə oluna bilər.

7.3. Duza davamlılıq genlərinin ekspressiyasının təyini

Tədqiqat işində ilk dəfə olaraq, nəzarət variantı kimi götürülən nümunələr də daxil olmaqla diploid buğda növlərinə aid 3 davamlı və 3 həssas genotip seçilərək, kiçik hidroponik sistemlərdə əkilmiş və kök toxumasından RNT-nin ekstraksiyası həyata keçirilmişdir. Daha sonra RNT üzərində cDNT sintez olunmuş və *Nax* genlərinin ekspressiyası tədqiq edilmişdir.

Tədqiqatlar nəticəsində az miqdarda Na^+ toplama xüsusiyyətinə malik *T. monococcum* genotiplərində *Nax1* geninin ekspressiyasının güclü, yüksək miqdarda Na^+ ionları toplayan genotiplərdə isə zəif olması aşkar edilmişdir. Eyni nəticələr *Nax2* geni üçün də qeydə alınmışdır.

T. urartu nümunələrində *Nax2* geni olmadığından bu gen üçün heç bir ekspressiya müşahidə edilməmişdir. Digər yabanı diploid növlər - *T. boeoticum* və *T. urartu* genotiplərində *Nax1* genlərinin ekspressiyasının Na^+ ionlarının toplanması ilə əlaqədar olmadığı müəyən edilmişdir (şəkil 7.3.1).



Şəkil 7.3.1. *Nax2* geni üçün RT-PZR analizinin nəticələri

Beləliklə, əks transkriptaza PZR (RT-PCR) üsulunun nəticələri *Nax* genlərinin daha çox *T. monococcum* üçün spesifik olduğunu təsdiq etmiş, genlərin ekspressiya dərəcəsi nümunələrin davamlılıq dərəcəsi ilə birbaşa əlaqədar olmuşdur. *T. boeoticum* nümunələrində ekspressiyada ciddi fərq müşahidə olunmamış, *T. urartu* genotiplərində isə *Nax* genlərinin, xüsusilə *Nax2* geninin olmadığı bir daha təsdiq edilmişdir.

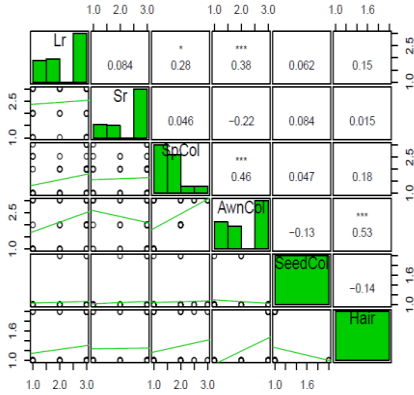
VIII Fəsil. Bərk buğda və yumşaq buğda nümunələrinin pas xəstəliklərinə davamlılığının qiymətləndirilməsi

8.1. Bərk buğda kolleksiyasında qonur pasa və gövdə pasına davamlılığın qiymətləndirilməsi

Aparılan tədqiqatlar zamanı Milli Genbankda saxlanılan bərk və yumşaq buğda kolleksiyası nümunələrinin süni fonda və davamlılıq genləri əsasında pas xəstəliyinə davamlılığı qiymətləndirilmişdir.

Tədqiq edilən bərk buğda kolleksiyası 15 növmüxtəlifliyinə aid 64 nümunə və 18 sortdan təşkil olunmuş, təcrübələrdə qonur pasın 4 (BBBDB, PRTUS25, PRTUS45 və PRTUS60), gövdə pasının isə 3 (MCCFC, TPMKC, RKQQC) izoformasından istifadə olunmuşdur. Pas xəstəliklərinə həssas Morokko sortu nəzarət variantı kimi götürülmüşdür. Bərk buğda kolleksiyasında fitopatoloji tədqiqatların nəticələrinə əsasən 82 *T. durum* nümunəsinin 18-i qonur pasa yüksək davamlı, 23-ü orta davamlı, 41-i isə həssas nümunə kimi qiymətləndirilmişdir. Tədqiq edilən kolleksiyada gövdə pasına 14 davamlı və 12 orta davamlı nümunə təyin edilmişdir. Molekulyar skrining zamanı 2 nümunədə (6129 - *T. durum* var. *melanopus* və Cəfəri) *Lr19* geni aşkar edilmiş, hər iki nümunənin qonur pasın 4 izoformasına qarşı yüksək davamlılıq nümayiş etdirməsi müəyyən edilmişdir. Süni fonda qiymətləndirilmiş Azərbaycan mənşəli bərk buğda nümunələrində qonur pasa davamlılıqla sünbülün rəngi əlaməti arasında birbaşa asılılığın olduğu müəyyən edilmiş, davamlı və orta davamlı nümunələrin 83.3%-də sünbül ağ, həssas

nümunələrin isə 70.7%-də sünbül qırmızı rəngdə olmuşdur. Qeyd edilən əlamətlər arasında $P < 0.05^*$ səviyyəsində müsbət korrelyasiya aşkar edilmişdir (şəkil 8.1.1).

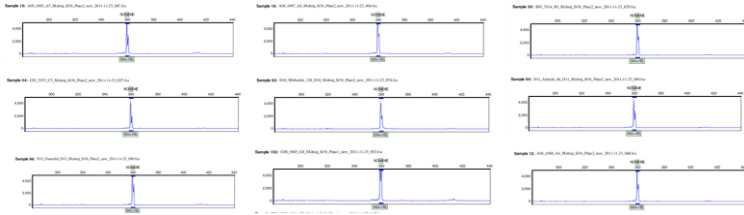


Şəkil 8.1.1. Öyrənilən fenotipik əlamətlər arasında korrelyasiya matrisi. Yuxarı diaqonal Pirson korrelyasiya əmsallarını, aşağı diaqonal isə nöqtəvi qrafiki (müstəvini) göstərir. Lr – qonur pasa davamlılıq; Sr – gövdə pasına davamlılıq; SpCol – sünbülün rəngi; AwnCol – qılçıqın rəngi; SeedCol – toxumun rəngi; Hair – tüküksüzlük; * $p < 0.05$; *** $p < 0.001$.

8.2.Yumşaq buğda kolleksiyasında qonur və gövdə pasına davamlılığın qiymətləndirilməsi

Yumşaq buğda kolleksiyasında qonur pasa və gövdə pasına davamlılığın süni fonda qiymətləndirilməsi zamanı 29 nümunənin gövdə pasına, cəmi 3 nümunənin isə qonur pasa davamlı olması müəyyən edilmişdir. Tədqiqatda ilk dəfə olaraq, 12 yumşaq buğda nümunəsində (6959, 6960, 6961, 7010, Qrekum 75/50, Arzu, Zərdabi, Gürgənə 1, Mirbəşir 128, Əkinçi 84, Günəşli və Yeganə) 7D xromosomunda yerləşən Lr34 davamlılıq geni, 9 yumşaq buğda nümunəsində (6945, 6983, 6984, 6987, 7014, 7033, Əkinçi 84, Günəşli, Mirbəşir 128) T1RS·1BL çovdar translokasiyası aşkar edilmişdir (şəkil 8.2.1).

Tədqiqatın yekun nəticəsi olaraq, ümumilikdə qonur pasa yüksək davamlılığı ilə fərqlənən 25 yumşaq buğda nümunəsindən ibarət əlamət kolleksiyası yaradılmışdır.



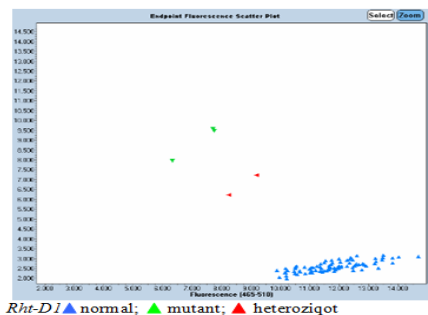
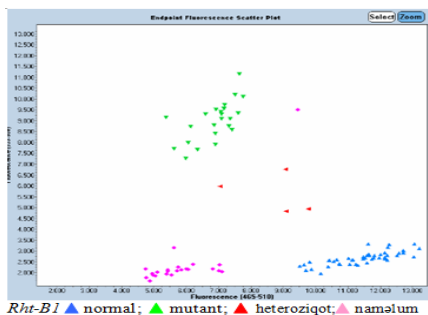
Şəkil 8.2.1. Çovdar translokasiyası müşahidə edilən nümunələrin fragment analizi

IX Fəsil. KASP texnologiyası ilə Azərbaycan mənşəli yumşaq buğda (*T. aestivum* L.) sort və nümunələrinin genotipləşdirilməsi

9.1. Məhsuldarlıqla əlaqəli genlərin skriningi

Tədqiqat işində ilk dəfə olaraq, KASP texnologiyasından istifadə etməklə, Milli genbankda saxlanılan 166 yumşaq buğda nümunəsində məhsuldarlıq, keyfiyyət göstəriciləri və xəstəliklərlə bağlı 11 müxtəlif lokusun skriningi həyata keçirilmişdir.

Bitkinin boyu, fotoperiodizmə qeyri-həssaslıq məhsuldarlıqla əlaqəli ən mühüm fenotipik əlamətlərdən sayılır. *Rht* (boyun qısalması) genləri cırtıdan boyluluq və yüksək məhsuldar fenotiplə əlaqədar olub 1935-ci ildə aşkar edilmiş və yaşıl inqilabdan sonra buğda seleksiyasında geniş şəkildə istifadə olunmuşdur. Tədqiq olunan 166 yumşaq buğda genotipi arasında 43 nümunədə *Rht-B1* geninin *Rht-B1b*, 5 nümunədə isə *Rht-D1* geninin *Rht-D1b* mutant (cırtıdan boyluluq) alleli aşkar edilmişdir. 6 nümunənin *Rht-B1*, 4 nümunənin isə *Rht-D1* geninə görə heteroziqot olması müəyyən edilmişdir (şəkil 9.1.1). *Rht-B1b* alleli aşkar edilən nümunələr arasında Azərbaycanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış növmüxtəliflikləri ilə yanaşı, Arzu, Qarabağ, Zərdabi, Əkinçi 84, Ruzi 84, Əzəmətli 95, Qobustan, Yeganə kimi sortlar da yer almışdır. Analizlər nəticəsində yumşaq buğda nümunələrinin 53%-nin fotoperiodizmə qeyri-həssas, 41.5%-nin isə həssas olduğu müəyyən edilmişdir.



Şəkil 9.1.1. Yumşaq buğda genotiplərinin *Rht-B1* geni üzrə skriningi. 96 nümunənin (1 PZR qabı) nəticələri

9.2. Dənin keyfiyyət göstəriciləri ilə əlaqəli genlərin skriningi

I homeoloji xromosomda yerləşən və ağır molekullu qlütenin subvahidlərini kodlaşdıran *Glu-D1* geninin *Glu-D1a* alleli yumşaq buğdalarda geniş yayılmış və çörəkbişirmə keyfiyyətinə müsbət təsir göstərən parametrlərdən biridir. Tədqiqata cəlb olunmuş yumşaq buğda sort və nümunələrinin tədqiqi zamanı, ümumilikdə 34 genotipdə *Glu-D1a* alleli aşkarlanmış, 31 nümunənin, o cümlədən 7 sortun bu allelə görə homoziqot, 3-nün isə heteroziqot olması müəyyən edilmişdir. Ağdamdan toplanmış var. *milturum* növmüxtəlifliyinə aid bir nümunədə isə yüksək protein tərkibi ilə əlaqəli allel aşkar edilmişdir. Qeyd edilən genotip yüksək protein tərkibi üzrə seleksiya proqramlarında donor kimi istifadə oluna bilər.

9.3. Biotik stressə davamlılıq genlərinə görə skrining

Kolleksiya nümunələrinin gövdə (*Sr*) və yarpaq pasına (*Lr*) davamlılıq genlərinə görə skriningi nəticəsində 17 genotipin *Lr 34* geninə görə davamlı olması, 33 genotipin isə heteroziqot vəziyyətdə davamlılıq genini daşdığı aşkar edilmişdir. Sortlar arasında yalnız Səba və Günəşli sortlarında *Lr 34* davamlılıq geni qeydə alınmışdır. 17 nümunədən 10-nun var. *alborubrum* növmüxtəlifliyinə aid olması müəyyən edilmişdir. Qeyd olunan nümunələr seleksiya işlərində qonur pasa davamlılığın yüksəldilməsi üçün qiymətli genetik mənbə kimi istifadə oluna bilər.

Sünbülün fuzariozu xəstəliyinə davamlılıqla bağlı FHB 5A lokusunun skrininqinin nəticələri 47 genotipin bu xəstəliyə davamlı, qalanlarının isə həsas olduğu göstərmişdir. 4 nümunədə qeyd olunan lokusa görə heterozioqotluq müşahidə edilmişdir. Müxtəlif illərdə yaradılmış Bol buğda, Yerli, Birlik, Gürgənə 1, Qızıl buğda sortları ilə yanaşı, yeni yaradılmış Start və Leyla sortlarının da davamlı olması müəyyən edilmişdir. Fuzarioza qarşı II tip davamlılığı təmin edən *Fhb1* geninin skrininqi zamanı yalnız var. *barbarossa* növ müxtəlifliyinə aid 1 nümunədə bu genin müsbət (davamlılığı təmin edən) allelli aşkar edilmiş, digər 1 nümunənin isə (var. *alborubrum* - Ağsu) heterozioqot halda davamlılıq allelinə malik olması müəyyənləşdirilmişdir.

YEKUN

İlk dəfə olaraq, Azərbaycanda genomika, biotexnologiya və molekulyar genetikanın ən müasir üsullarından istifadə etməklə çox sayda buğda, arpa və eqilopsun kolleksiya nümunələrinin genotipləşdirilməsi, genetik strukturunun müəyyənləşdirilməsi, molekulyar marker texnologiyasından istifadə etməklə növdaxili və növlərarası polimorfizmin aşkar edilməsi, spesifik genlər üzrə duza və pas xəstəliyinə davamlılığının skrininqi həyata keçirilmiş, əldə edilən nəticələr ən son bioinformatik və biostatistik kompüter paket proqramları vasitəsilə analiz olunmuşdur. Aparılan bütün analizlərin yekun təhlili göstərmişdir ki, bitki genetik ehtiyatlarının genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsi üçün Yeni Nəsil Sekvenser texnologiyaları əvəzəlməzdir, sekvens əsasında genotipləşdirmə (GBS), ampikon sekvensləmə və molekulyar markerlər bir-birlərini tamamlayan metodlar olmaqla genomda paylanmış TNP və digər variasiyaları aşkarlamağa, genetik müxtəlifliyi qiymətləndirməyə imkan verir və bu texnologiyalardan istifadə etməklə yeni genlərin identifikasiyasını həyata keçirmək, həmçinin seleksiya işlərinin keyfiyyətini və sürətini əhəmiyyətli dərəcədə artırmaq mümkündür. İstifadə olunan bütün müasir metodlar və əldə olunan nəticələr əsasında deyə bilərik ki, təqdim olunan dissertasiya işində olduqca mühüm elmi nəticələr alınmış və onların böyük elmi və praktik

əhəmiyyəti vardır. Dissertasiya işi ilk tədqiqat işidir ki, burada genomika və genetikanın YNS texnologiyalarına əsaslanan 3 ən müasir metodundan istifadə edilmiş və alınmış nəticələr bir-birini təsdiq etmişdir. Genetik müxtəlifliyə aid nüfuzlu beynəlxalq jurnallarda nəşr edilən elmi əsərlər vasitəsilə Azərbaycanda buğda, arpa və onların yabani əcdadlarının zəngin genetik ehtiyatlarının olması faktı təsdiq edilmiş, ölkəmizin bu bitkilərin əsas mənşə mərkəzlərindən biri olması dünya elmi ictimaiyyətinə çatdırılmışdır. Dissertasiya işi gələcəkdə genomika və genetika üzrə aparılacaq tədqiqatlar üçün mühüm elmi və praktik baza rolunu oynaya bilər. Dissertasiya işində alınmış nəticələr Azərbaycanda biomüxtəlifliyin tədqiqi və seleksiya işlərinin keyfiyyətə yeni mərhələyə keçməsinə imkan verəcəkdir.

NƏTİCƏLƏR

1. Bərk buğdanın (*T. durum* Desf.) 76, yumşaq buğdanın isə (*T. aestivum* L.) 87 nümunəsinin sekvens əsasında genotipləşdirməsi zamanı, müvafiq olaraq 1039 və 411 tək nukleotid polimorfizmi (TNP) aşkar edilmiş, bərk buğda kolleksiyasında TNP markerlərin 69.2%-i tranzisiya, 30.8%-i transversiya, yumşaq buğdalarda isə TNP-lərin 70.2%-nin tranzisiya, 29.8%-nin isə transversiya tipli olması müəyyən edilmişdir. TNP-lərin tetraploid və heksaploid buğda genomu üzrə paylanma xarakteri B genomunun genetik baxımdan daha zəngin olduğunu göstərmişdir.
2. Sekvens əsasında genotipləşdirilmiş bərk buğda və yumşaq buğda kolleksiyalarında TNP markerlər üzrə zəngin genom variasiyası aşkar edilmiş, kolleksiyalar üzrə orta PIC və genetik müxtəliflik indeksi, müvafiq olaraq 0.33 və 0.42 vahid təşkil etmişdir. Hər iki növə aid sortların qruplaşması ilə onların genealogiyası arasında əlaqə müəyyən olunmuşdur. Azərbaycanın yumşaq buğda nümunələrinin D genomunun bir çox digər genofondlarla müqayisədə genetik baxımdan daha polimorf olması müəyyən edilmişdir.

3. *Aegilops* növləri üzərində aparılmış ilk DArTseq analizi ilə Azərbaycan mənşəli 150 eqilops nümunəsi üçün 30433 TNP və 61574 SilicoDArT markeri əldə olunmuşdur. DArTseq texnologiyası ilə kolleksiyada Şannon genetik müxtəliflik indeksi 0.809 vahid təşkil etmişdir. Dendroqramın topologiyası cinsin klassifikasiyası ilə uyğunluq təşkil etmiş, hər iki marker D və U genomu növlərini və bu genoma aid hər bir *Aegilops* növünü identifikasiya edə bilmişdir. Tədqiqatlarla Azərbaycanda yayılmış *Ae. tauschii* növü daxilində genetik baxımdan tam fərqli iki qrupun olması aşkar edilmişdir. TNP markerləri ilə müqayisədə SilicoDArT markerlərinin *Ae. tauschii* növünün təyində daha səmərəli olması müəyyən edilmişdir.
4. İlk dəfə olaraq, Yeni Nəsil Sekvenser (YNS) texnologiyasından istifadə etməklə Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Ae. tauschii* kolleksiyasının genetik müxtəlifliyi qiymətləndirilmiş və 348 TNP markeri aşkar edilmişdir. Kolleksiyada orta GMƏ və PIC dəyəri, müvafiq olaraq 0.386 və 0.303 vahid təşkil etmiş, ayrı-ayrı *Ae. tauschii* nümunələri üçün spesifik TNP markerləri identifikasiya olunmuşdur. Azərbaycan və Gürcüstan mənşəli *Ae. tauschii* genotipləri arasında tək nukleotid polimorfizmi üzrə əhəmiyyətli genetik differensiasianın olması müəyyən edilmişdir.
5. İlk dəfə olaraq, müxtəlif buğda növləri üçün YNS texnologiyasına əsaslanan 401 praymerdən ibarət ampikon sekvensləmə paneli yaradılmışdır. AA, BB, DD genomlarını əhatə edən genotipləşdirmə panelinin 4 fərqli buğda kolleksiyasına tətbiqi nəticəsində yeni tək nukleotid polimorfizm markerləri aşkar edilmiş, bütün buğda sort və nümunələri genetik identifikasiya olunmuşdur. Ampikon sekvensləmə və GBS üsullarının müqayisəsi panelin genetik variantların sürətli və etibarlı təyini üçün effektiv olduğunu aşkara çıxarmışdır.
6. Arpa genomu boyunca paylanmış 255 praymerdən ibarət PZR-genotipləşdirmə panelindən istifadə olunmaqla, Azərbaycanın 20 müxtəlif regionundan toplanmış 84 *H. spontaneum* və 85 *H. vulgare* nümunəsindən ibarət kolleksiya multipleks ampikon

sekvensləmə metodu ilə genotipləşdirilmişdir. Ümumilikdə, tədqiq olunan arpa kolleksiyası üçün GMƏ və PIC 0.347 və 0.280 vahid təşkil etmiş, ən çox TNP marker 6H, ən az marker isə 7H xromosomunda qeydə alınmışdır. Növlər arasında yüksək genetik differensiasianın olması aşkar edilmiş, mədəni arpa nümunələrinin, yabanı arpalara nisbətən genetik baxımdan daha zəngin olması müəyyənləşdirilmişdir. Hər iki növ daxilində genetik struktur baxımdan kəskin differensiasiya etmiş qrupların olması aşkar edilmişdir.

7. İlk dəfə olaraq, mədəni arpa kolleksiyasında 14 morfobioloji əlamət və xəstəliklərə davamlılıqla TNP markerlər arasında assosiasiya analizi həyata keçirilmiş, 4H xromosomunda, ~ 103 cM məsafədə gövdə pası və 7H xromosomunda ~ 90 cM məsafədə qonur ləkəlilik üçün əhəmiyyətli marker əlamət assosiasiyası aşkar edilmişdir.
8. Diploid buğdalar üzərində 11 polimorf SSR markeri ilə aparılan tədqiqatlar zamanı 139 nümunə üçün, ümumilikdə 111 allel sintez olunmuş, onların 45%-nin növ-spesifik olması aşkar edilmişdir. SSR markerlərin yaxın buğda növləri arasında yüksək transfer olunma qabiliyyəti aşkar edilmişdir ki, bu da tədqiq olunan SSR regionların diploid növlər üzrə konservativliyini göstərir. Üç növdən ibarət kolleksianın yüksək genetik müxtəlifliyə ($GM\dot{I}=0.65$) malik olduğu müəyyən edilmiş, *T. urartu* növü ən yüksək (PIC=0.54) genetik variasiya və unikal allel sayı ilə xarakterizə olunmuşdur. *T. boeoticum* və *T. monoccocum* növlərinin genetik baxımdan yaxın, *T. urartu* və *T. monoccocum* növlərinin isə genetik cəhətdən uzaq olması müəyyən edilmişdir.
9. Öyrənilmiş 145 bərk buğda və 158 yumşaq buğda nümunəsinin mikrosatellit lokuslar əsasında molekulyar-genetik profili tərtib olunmuşdur. *T. durum* və *T. aestivum* kolleksiyaları üçün polimorfizm informasiya tutumu orta hesabla 0.58 və 0.62 vahid təşkil etmiş, SSR verilənləri əsasında tərtib olunmuş dendroqramın ümumi topologiyasının GBS və amplikon sekvensləmənin nəticələri ilə uzlaşması müəyyən edilmişdir.

Bərk buğdanın var. *leucurum*, yumşaq buğdanın isə var. *ferrugineum* növmüxtəlifliyinin genetik baxımdan daha zəngin olması aşkar edilmişdir. Tədqiqat nəticəsində istifadə olunan SSR praymerlərin tetraploid və heksaploid buğda bitkisininə növdaxili polimorfizmin və genetik əlaqələrin tədqiqi üçün effektiv olduğu təsdiq edilmişdir.

10. *Aegilops* növləri üzərində aparılan SSR qiymətləndirmə zamanı 7 mikrosatellit markeri ilə 58 allel sintez olunmuş, gwm210 praymeri istisna olmaqla, qalan bütün praymerlər 8 növ arasında 100% transfer olunma qabiliyyəti nümayiş etdirmişlər. Ümumilikdə sintez olunmuş bəndlərin 33%-nin növ-spesifik, 21%-nin isə nümunə-spesifik olması müəyyən edilmişdir. Kolleksiya üçün yüksək polimorfizm qeydə alınmış (PIC = 0.540), Azərbaycan mənşəli *Ae. tauschii* növü ilə yanaşı, bu regiondan olan *Ae. biuncialis* və *Ae. triuncialis* növlərinin də zəngin genetik müxtəlifliyə malik olması aşkar edilmişdir. *Ae. neglecta* və *Ae. biuncialis* növlərinin genetik baxımdan yaxın, *Ae. speltoides* və *Ae. umbellulata*-nın isə ən uzaq növlər olması aşkar edilmişdir.
11. Müxtəlif mənşəli 196 diploid buğdanın duza davamlılığının hidropnik sistemdə tədqiqi zamanı 12 *T. monococcum*, 47 *T. boeoticum* və 20 *T. urartu* nümunəsinin Na⁺ ionlarını kökdən kənarlaşdırmaq qabiliyyətinin yüksək olması aşkar edilmiş, nümunələr duz stresinə yüksək davamlı kimi qiymətləndirilmişdir. Kolleksiyanın molekulyar-genetik üsullarla skriniinqi nəticəsində *Nax1* və *Nax2* duza davamlılıq genlərinin yalnız *T. monococcum* və *T. boeoticum* növlərində mövcud olması aşkar edilmişdir.
12. Əks transkriptaza PZR (RT-PCR) üsulunun nəticələri *Nax* genlərinin daha çox *T. monococcum* üçün spesifik olduğunu təsdiq etmiş, genlərin ekspressiya dərəcəsi nümunələrin davamlılıq dərəcəsi ilə birbaşa əlaqədar olmuşdur. *T. boeoticum* nümunələrində ekspressiyada ciddi fərq müşahidə olunmamış, *T. urartu* genotiplərində isə *Nax* genlərinin, xüsusilə *Nax2* geninin olmadığı bir daha təsdiq edilmişdir.

13. Bərk buğda kolleksiyasında fitopatoloji tədqiqatların nəticələrinə əsasən 82 *T. durum* nümunəsinin 18-i qonur pasa yüksək davamlı, 23-ü orta davamlı, 41-i isə həssas nümunə kimi qiymətləndirilmişdir. Tədqiq edilən kolleksiyada gövdə pasına 14 davamlı və 12 orta davamlı nümunə təyin edilmişdir. Molekulyar skrining zamanı 2 nümunədə (6129 - *T. durum* var. *melanopus* və Cəfəri) *Lr19* geni aşkar edilmiş, hər iki nümunənin qonur pasın 4 izoformasına qarşı yüksək davamlılıq nümayiş etdirməsi müəyyənləşdirilmişdir. Süni fonda qiymətləndirilmiş Azərbaycan mənşəli bərk buğda nümunələrində qonur pasa davamlılıqla sünbülün rəngi əlaməti arasında birbaşa asılılığın olduğu müəyyən edilmiş, davamlı və orta davamlı nümunələrin 83.3%-də sünbül ağ, həssas nümunələrin isə 70.4%-də sünbül qırmızı rəngdə olmuşdur.
14. Yumşaq buğda kolleksiyasında qonur pasa və gövdə pasına davamlılığın süni fonda qiymətləndirilməsi zamanı 29 nümunənin gövdə pasına, cəmi 3 nümunənin isə qonur pasa davamlı olması müəyyən edilmişdir. Tədqiqatda ilk dəfə olaraq, 12 yumşaq buğda nümunəsində (6959, 6960, 6961, 7010, Qrekum 75/50, Arzu, Zərdabi, Gürgənə 1, Mirbəşir 128, Əkinçi 84, Günəşli və Yeganə) 7D xromosomunda yerləşən *Lr34* davamlılıq geni, 9 yumşaq buğda nümunəsində (6945, 6983, 6984, 6987, 7014, 7033, Əkinçi 84, Günəşli, Mirbəşir 128) T1RS·1BL çovdar translokasiyası aşkar edilmişdir.
15. İlk dəfə olaraq, KASP texnologiyası ilə 166 yumşaq buğda sort və növmüxtəlifliklərinin qiymətli təsərrüfat əlamətlərini idarə edən 11 lokus üzrə skriningi nəticəsində kolleksiyada yeni, qiymətli gen mənbələri aşkar edilmişdir. Tədqiq olunan yumşaq buğda genotiplərinin 43-də *Rht-B1* geninin, 5 nümunədə isə *Rht-D1* geninin mutant (cırtan boyluluq) alleli aşkar edilmişdir. Analizlər nəticəsində yumşaq buğda nümunələrinin yarısından çoxunun (53%) fotoperiodizmə qeyri-həssas, 41.5%-nin isə fotoperiodizmə həssas olduğu müəyyənləşdirilmişdir. Ümumilikdə 31 genotipdə çörəkbişirmə keyfiyyətinə müsbət təsir göstərən *Glu-D1a* alleli aşkarlanmışdır. Yumşaq buğda sort və

nümunələrinin biotik stressə davamlılıq genlərinə görə skriningi zamanı 17 genotipin *Lr34* geninə görə yarpaq pasına, 47 genotipin *Fhb5*, 1 genotipin (var. *barbarossa*) isə *Fhb1* geninə görə fuzarioz xəstəliyinə davamlı olması müəyyənləşdirilmişdir.

TÖVSIYƏLƏR

1. Dissertasiya işi çərçivəsində yaradılmış 401 praymerdən ibarət ampikon sekvensləmə paneli bərk və yumşaq buğda kolleksiyalarında genetik variantların sürətli və dəqiq təyini, genotip-fenotip assosiasiya analizlərində, həmçinin müasir elmi seleksiya proqramlarında istifadə oluna bilər.
2. Arpa bitkisinde assosiativ analizlər nəticəsində əldə olunmuş, gövdə pası və qonur ləkəlilik xəstəlikləri ilə əlaqəli TNP markerlərin marker əsaslı seçmə və genom seleksiyası tədqiqatlarında istifadəsi tövsiyə olunur.
3. Hidroponik sistem, həmçinin *Nax* genlərinin skriningi nəticəsində seçilmiş duza davamlı diploid buğda sort və nümunələri şoranlığa davamlı yeni sortların yaradılması və yeni davamlılıq genlərin identifikasiyası üçün istifadə oluna bilər.
4. Pas xəstəliyinə davamlılıq genləri, o cümlədən T1RS·1BL çovdar translokasiyası aşkar olunmuş genotiplərin qonur, sarı və gövdə pasına davamlı sortların alınmasında başlanğıc seleksiya materialı, genetik mənbə kimi istifadə edilməsi məqsədəuyğundur.
5. *Rht-B1*, *Rht-D1*, *Glu-D1a*, *Lr 34*, *Fhb5* və *Fhb1* genləri aşkar edilmiş yumşaq buğda nümunələrdən davamlılıq, məhsuldarlıq və dənin keyfiyyəti istiqamətində aparılan seleksiya işlərində valideyn formalar kimi istifadə olunması tövsiyə olunur.

DISSERTASIYA MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC OLUNMUŞ ƏSƏRLƏRİN SIYAHISI

1. **Abbasov Mehraj**, Spielmeier Wolfgang, Street Kenneth, Munns Rana, Aliyev Ramiz, Byrt Caitlin, Shavrukov Yuri, Tester Mark. Eco-geographic distribution of two genes for salinity tolerance in diploid wheats / 5th international crop science congress, April 13-18, 2008, Jeju, Korea, Book of Abstracts, p.188
2. **Abbasov Mehraj**, Byrt Caitlin, Spielmeier Wolfgang, Akparov Zeynal, Shavrukov Yuri, Street Kenneth, Mathur Prem, Tester Mark, Munns Rana. Screening diploid wheats with various eco-geographic distribution for two salt tolerance genes / From seed to Pasta: The durum wheat Chain, International Durum Wheat Symposium, June 30-July 3, 2008, Bologna, Italy, Book of Abstracts, p. 174
3. Cəfərova R.H., Şeyx-zamnova F.A., **Abbasov M.Ə.**, Rzayeva S.P. Azərbaycanın bərk buğda nümunələrinin morfoloji və bioloji xüsusiyyətlərinin öyrənilməsi // AMEA Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri, 2009, I cild, s. 27-32
4. Zeynal Akparov, **Mehraj Abbasov**. Physiological characteristics of salinity tolerance in diploid wheat ancestors / 8th International Wheat Conference, June 1-4, 2010, St. Petersburg, Russia, Book of Abstracts, p. 82
5. M.H.Zəifizadə, Ə.Y.Kərimov, **M.Ə.Abbasov**. Buğdanın keyfiyyət göstəricilərinin genetik medodlarla qiymətləndirilməsi / Azərbaycan Elmi Tədqiqat Əkinçilik İnstitutunun Elmi Əsərləri, XXII cild, 2010, səh. 197-202
6. **Abbasov M.A.**, Akparov Z.I., Street K., Jafarova R., Sheykzamanova F., Rzayeva S., Babayeva S., Munns R. Molecular physiological testing of diploid wheats (*T. monococcum*, *T. boeoticum* and *T. urartu*) to salinity stress / International conference “Diversity, characterization and utilization of plant genetic resources for enhanced resilience to climate changes” October 3-4, 2011, Baku, Azerbaijan, p. 116-119
7. **Аббасов М.А.**, Шейх-заманова Ф.А., Джафарова Р.Г., Рзаева С.П. Комбинационная способность у диаллельных гибридов твердой (*T. durum* Desf.) пшеницы // Известия Педагогического Университета. № 4, 2011, с. 118-124
8. Н.А.Герайбекова, **М.А.Аббасов**, О.Г.Рагимова, Н.А.Мамадова. Изучение образцов ячменя, собранных во время проведения

международной экспедиции по Азербайджану / Материалы IX Международного симпозиума «Новые и нетрадиционные растения и перспективы их использования», 14-18 июня, 2011, Москва, I том, с. 50-51

9. **Mehraj Abbasov**, Robert Bowden, Jon Raupp, Sunish Sehgal, Jesse Poland, Sevda Babayeva, Bikram Gill. Screening of Azerbaijani durum wheats accessions to leaf rust / Field Crops Rust Symposium, December 14-16, 2011, San Antonio, Texas, USA, Proceedings, p. 24-25
10. Мирзаи Ж.Ш., **Аббасов М.А.** Выявление новых источников ценных признаков среди образцов ячменя, собранных во время международной экспедиции по Азербайджану / Gənc alimlərin və Tədqiqatçıların Müasir Biologiyanın Nəzəri və Tətbiqi Problemləri Mövzusunda Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları, 29-30 Aprel, 2011, Bakı, Azərbaycan, s. 124-126
11. Hübətova A.M., Babayeva S.M., **Abbasov M.Ə.** Azərbaycan mənşəli bərk buğda (*T. durum* Desf.) növmüxtəlifliklərinin qonur pas xəstəliyinə davamlılığının müqayisəli analizi / Görkəmli alim, əməkdar elm xadimi, prof. M.A.Axundovun anadan olmasının 110-cu ildönümü münasibəti ilə Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları, Bakı, 25-26 May, 2012, s. 92-93
12. Mehtiyeva A.M., Babayeva S.M., **Abbasov M.Ə.** Müxtəlif mənşəli diploid buğdalarda duza davamlılıq genləri əsasında genetik müxtəlifliyin tədqiqi / Görkəmli alim, əməkdar elm xadimi, prof. M.A.Axundovun anadan olmasının 110-cu ildönümü münasibəti ilə Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları, Bakı, 25-26 May, 2012, s. 103-104
13. Mirzaie Ş., **Abbasov M.Ə.** Müxtəlif mənşəli arpa nümunələrində biomüxtəlifliyin morfoloji əlamətlər və duza davamlılıq əsasında qiymətləndirilməsi / Görkəmli alim, əməkdar elm xadimi, prof. M.A.Axundovun anadan olmasının 110-cu ildönümü münasibəti ilə Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya Problemləri” mövzusunda Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları, 25-26 May, 2012, Bakı, səh.107-108
14. **Mehraj Abbasov**, Robert Bowden, Jon Raupp, Sunish Sehgal, Babayeva, Bikram Gill. Stem rust responses of Azerbaijani bread and

- durum wheat accessions / Borlaug Global Rust Initiative, Technical Workshop. September 1-4, 2012, Beijing, China, p. 187
15. **Mehraj Abbasov**, Sevda Babayeva, Robert Bowden, Paul Amand, Jesse Poland, John Raupp, Sunish Sehgal and Bikram Gill. Resistance in Azerbaijani durum and bread wheat accessions to leaf and stem rust // Annual Wheat Newsletter, Volume 58, Kansas State University, Manhattan, KS, USA, 2012, pp. 64-66
 16. Bikram Gill, John Raupp, **Mehraj Abbasov**, Ahmed Amri. *In situ* Conservation of Crop Genetic Resources for Wheat: Current Status and Future Prospects / ASA, CSSA and SSSA International Annual Meetings. October 21-24, 2012, Cincinnati, Ohio, USA, p.259-1
 17. Hübətova A.M., Babayeva S.M., **Abbasov M.Ə.** Milli Genbankda saxlanılan bərk buğda genotiplərinin gövdə pası xəstəliyinə davamlılığının qiymətləndirilməsi / Görkəmli oftalmoloq alim, akademik Z.Ə. Əliyevanın 90 illik yubileyinə həsr olunmuş Gənc alimlərin və tədqiqatçıların "Müasir biologiyanın innovasiya problemləri" mövzusunda keçirilmiş III beynəlxalq elmi konfransın materialları (7-8 may), Bakı, BDU, 2013, s. 135
 18. Soltanova A.B., Rüstəmov X.N., **Abbasov M.Ə.** Azərbaycanın yerli bərk buğda sortlarının genofondunun yaradılması və öyrənilməsi / Görkəmli oftalmoloq alim, akademik Z.Ə.Əliyevanın 90 illik yubileyinə həsr olunmuş Gənc alimlərin və tədqiqatçıların "Müasir biologiyanın innovasiya problemləri" mövzusunda keçirilmiş III beynəlxalq elmi konfransın materialları (7-8 may), Bakı, BDU, 2013, s. 150
 19. Rüstəmov X.N., **Abbasov M.Ə.**, Quliyev Ş.B. Yumşaq buğdaların (*T. aestivum* L.) təsnifatına dair // AMEA Xəbərləri (biologiya və tıbb elmləri), 2013, cild 68, № 1, s. 67-75
 20. Rustamov Kh.N., Soltanova A.B., Dzhangirov A.A., Guliyev Sh.B., Hamidov H.N., **M.A.Abbasov**. Field museum of Azerbaijan bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties / International Plant Breeding Congress, 10-14 november, 2013, Antalya, Turkey, p. 645
 21. N.Garaybayova, H.Sadigov, O. Rahimova, A.Karimov, N.Mamadova, **M.A.Abbasov**. Study of populations of wild barley *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* (C. Koch) Thell. and the areas of its distribution in Azerbaijan / 7th International Triticeae Symposium, June 9-13, 2013, Chengdu, Sichuan, China, p. 64

22. Gəraybəyova N.Ə., Rəhimova O.H., Kərimov Ə.Y., **Abbasov M.Ə.** Müxtəlif mənşəli arpa genotiplərinin biomorfoloji əlamətlər əsasında qiymətləndirilməsi / Torpaqşünaslıq və aqrokimya, Cild 21, № 1, 2013, s. 409-412
23. **Abbasov M.Ə.**, Rüstəmov X.N., Soltanova A.B. Azərbaycanın bərk buğda (*T.durum* Desf.) sortlarının sarı pasa davamlılığının öyrənilməsi. / Ulu öndər Heydər Əliyevin anadan olmasının 91-ci il dönümünə həsr olunmuş Gənc Alimlərin və Tədqiqatçıların “Müasir Biologiyanın İnnovasiya problemləri” mövzusunda IV Beynəlxalq Elmi Konfransının Materialları, 16-17 May, 2014, s. 104
24. Акпаров З.И., Рустамов Х.Н., Джангиров А.А., Каримов А.Я., Кулиев Ш.Б., Гамидов Г.Н., **Аббасов М.А.** Гобустанский полевой музей пшениц (*Triticum* L.) / Мат. XI Междун. научно-методич. конф. «Интродукция, сохранение и использование биологического разнообразия культурных растений», Ч. 2, Махачкала, 2014, с. 101-105
25. Əliyev R.T., **Abbasov M.Ə.** Rəhimli V.R., Stres və bitkilərin adaptasiyası. Bakı: Elm, 2014, 344 s.
26. Акпаров З.И., Рустамов Х.Н., **Аббасов М.А.**, Джангиров А.А., Гамидов Г.Н. Сравнительное изучение пшениц (*Triticum* L.) Азербайджана в полевом музее. // Вестник Оренбургского Государственного Педагогического Университета, Электронный научный журнал (Online). 2015, № 2 (14), ISSN 2303-9922. <http://www.vestospu.ru>, с. 47-53
27. E.S.Hajiyev, Z.I.Akparov, **M.A.Abbasov**, S.M.Babayeva, S.V.Saidova, R.Ch. Sharma, Study of genetic diversity in bread wheat (*T.aestivum* L.) varieties and collection accessions conserved in national genebank using molecular markers // National Academy of Sciences of Azerbaijan, Reportes, 2015, volume XXI, №1, p.81-86
28. **Аббасов М.А.**, Рустамов Х.Н. Связь морфофизиологических показателей пшеницы твердой (*T.durum* Desf.) с засухоустойчивостью. // Зерновое хозяйство России № 3 (39), 2015, с. 3-7
29. Акпаров З.И., Рустамов Х.Н., Джангиров А.А., Хамидов Н.Н., Babayeva S.M., **Abbasov M.Ə.** Study of aborigine and breeding varieties of durum wheat (*T. durum* Desf.) of Azerbaijan // Journal of Qafqaz University-Chemistry and biology, Volume 3, Number 2, 2015, p. 120-124

30. Hajiyeu E.S., Akparov Z.I., Aliyev R.T, Saidova S.V., Izzatullayeva V.I., Babayeva S.M., **Abbasov M.Ə.** Genetic polymorphism of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) accessions of Azerbaijan. Russian Journal of Genetics, 2015, Vol. 51, No. 9, p. 1009–1017
31. **Mehraj Abbasov.** Evaluation genetic diversity of durum wheat genotypes using next generation sequencing / “Müasir Biologiyanın innovasiya problemləri” mövzusunda VI beynəlxalq elmi konfransın materialları. Bakı Dövlət Universiteti, 2016, s. 114
32. **Abbasov Mehraq.** Buğda (*T.durum* Desf., *T.aestivum* L.) genotiplərinin qonur pasa davamlılığının süni fonda qiymətləndirilməsi və davamlılıq genlərinin skriningi // ƏETİ Elmi Əsərləri məcmuəsi, XXVII cild, Bakı: Müəllim, 2016, s. 261-268
33. Shyam Solanki, Roshan Sharma Poudel, Gazala Ameen, Deepika Arora, **Mehraj Abbasov**, Jonathan Richards, and Robert Brueggeman. NLR with Janus faced integrated sensory domains / International Plant & Animal Genome XXV, January 14-18, 2017, San Diego, CA, USA, p.0287
34. Rüstəmov X.N., Əkrərov Z.İ., **Aббасов M.Ə.** Məmmədova Ş.F. Azərbaycanın yerli bərk buğda (*T.durum* Desf.) genofondunun aqrobioloji əlamətlərinin öyrənilməsi // Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi, XXVIII cild, Bakı: Müəllim, 2017, s. 92-96
35. **Abbasov Mehraj**, Akparov Zeynal, Aminov Naib, Rustamov Khanbala, Sheyhzamanova Fatma, Rzayeva Sveta, Bowden Robert, Raupp John, Sehgal Sunish and Gill Bikram. Evaluating genetic diversity of durum and bread wheat genotypes using next generation sequencing / 4th International scientific conference "Plant genetics, genomics, bioinformatics and biotechnology" (Plantgen, 2017), May 29 - June 2, 2017, Kazakhstan, Almaty, p.101
36. Garaybayova Nargiz, Akparov Zeynal, **Abbasov Mehraj**, Gross Thomas, Sharma Roshan Poudel, Richards Jonathan, Rahimova Ofelya, Mammadova Nazima, Babayeva Sevda, Solanki Shyam, Gross Patrick, Brueggeman Robert. Association mapping analyses of Azerbaijani barley collections based on multiplexing amplicon sequencing / 8th International Triticeae Symposium, June 12-16, 2017, Wernigerode, Germany, p.65
37. **Abbasov Mehraj** Screening of bread wheat accessions of Azerbaijan using KASP markers / Belyaev Conference A triumphant event in

- commemoration of the centenary of the birth of Academician Dmitri Belyaev, August 7–10, 2017, Novosibirsk, Russia, p. 212
38. **Abbasov Mehraj**, Akparov Zeynal, Rustamov Khanbala, Babayeva Sevda, Izzatullayeva Vusala, Sheyhzamanova Fatma, Rzayeva Sveta, Hajiyev Elchin, Bowden Robert L., Raupp W. John, Gill Bikram S. and Sunish Sehgal Evaluating genetic diversity of durum and bread wheat genotypes using Next-generation Sequencing // Annual Wheat Newsletter Vol. 63, 2017, p. 3-6
 39. **Abbasov Mehraj**, Tanaka Tsuyoshi, Raupp John, Akparov Zeynal, Aminov Naib, Bedoshvili David, Babayeva Sevda, Izzatullayeva Vusala, Rustamov Khanbala, Hajiyev Elchin, Gill Bikram. Genotyping by sequencing of *Aegilops tauschii* populations from Azerbaijan and Georgia / 4th International Vavilov Conference, N. I. Vavilov`s Ideas in the Modern World, 20-24 November 2017, Saint-Petersburg, Russia, p.212
 40. Azadəliyeva F., Gəraybəyova N., Rəhimova O., Məmmədova N., **Abbasov M.** Azərbaycanca yayılmış yabanı arpanın (*Hordum vulgare subsp. spontaneum*) eko-coğrafiyası və genetik müxtəlifliyi. “Ekologiya: Təbiət və Cəmiyyət Problemləri” mövzusunda III Beynəlxal elmi konfrans, Bakı, 26- 27 dekabr, 2017, s. 210
 41. Əhmədli Ü.M., **Abbasov M.Ə.**, Kazımov N.N.. *Hordeum vulgare* L. arpa növünün müxtəlifliyinin biomorfoloji əlamətlərlə qiymətləndirilməsi. Ekologiya: Təbiət və Cəmiyyət Problemləri” mövzusunda III Beynəlxal elmi konfrans, Bakı, 26- 27 dekabr, 2017, s. 304
 42. **Abbasov M.**, Akparov Z. Genetic diversity in durum wheat collections of Azerbaijan based on SSR markers // Proceedings of the Azerbaijan National Academy of Sciences (Biological and Medical Sciences), 2017, Volume 72, Issue 3, p. 120-127
 43. Rüstəmov X.N., Əkrərov Z.İ., Təlai C.M., Əhmədov M.Q., Abdullayev A.M., **Abbasov M.Ə.**, Axmedov M.A., Həsənova Q.M., Hacıyeva S.K., İbrhimov E.R. Yeni bərk buğda sortu – “Korifey-88” // AMEA-nın Xəbərləri (biologiya və tibb elmləri), 2017, cild 72, №, 2, s. 89-94
 44. Rüstəmov X.N., Əkrərov Z.İ., **Аббасов М.Ə.** Uzaq spontan hibridlədən seçilmiş yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) nümunələrinin aqrobioloji göstəriciləri. // AMEA Genetik Ehtiyatlar

- İnstitutunun Elmi Əsərləri, II cild, Bakı: Təknur, 2017, VI cild № 1-2, s. 6-12
45. Tekin M., Cengiz M.F., **Abbasov M.**, Aksoy A., Canci H. and Akar T., Comparison of some mineral nutrients and vitamins in advanced hulled wheat lines // *Cereal Chemistry*, 95 (3), 2018, p. 436-444
 46. **Abbasov M.**, Akparov Z., Gross T., Babayeva S., Izzatullayeva V., Həjiyev E., Rüstamov Kh., Gross P., Tekin M., Akar T., Chao S., Brueggeman R. Genetic relationship of diploid wheat (*Triticum* spp.) species assessed by SSR markers // *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2018, p. 1-13
 47. **Abbasov M.** Genetic diversity in wild diploid wheat *T. urartu* revealed by SSR markers // *Cereal Research Communications*, 46 (4), 2018, p. 580-590
 48. **Аббасов М.А.** Изучение генетического полиморфизма диплоидной пшеницы *Triticum boeoticum* Boiss. с использованием SSR-маркеров // *Вавиловский журнал генетики и селекции*, 2018, 22 (5), с. 515-523
 49. **Abbasov M.Ə.** Milli genbankda saxlanılan yumşaq buğda (*T.aestivum* L.) nümunələrinin gen spesifik markerlər əsasında genotipləşdirilməsi // *Əkinçilik Elmi Tədqiqat İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi*, XXIX cild, 2018, s. 55-61
 50. Əkrərov Z., Rüstəmov X., **Abbasov M.** İntensiv tipli yeni buğda və pərinə sortlarının yaradılması // *Əkinçilik Elmi Tədqiqat İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi*, XXIX cild, 2018, s. 123-128
 51. **Abbasov Mehraj** Implementation of multiplex amplicon sequencing in bread wheat using Next Generation Sequencer / *Proceedings 1st International Conference, One Health Problems and Solution*, 1-2 June, 2018, Baku Azerbaijan, p. 64
 52. **Abbasov M.Ə.** DArT-seq əsaslı tək nukleotid polimorfizmi vasitəsilə Azərbaycan mənşəli *Aegilops* növlərinin genetik müxtəlifliyinin tədqiqi / “Müasir biologiyada innovativ yanaşmalar” mövzusunda VIII Beynəlxalq elmi konfrans, 27-28 aprel, 2018, Bakı, s.70
 53. **Abbasov M.Ə.** *Aegilops* L. növlərinin genetik müxtəlifliyinin mikrosatellit markerlərlə tədqiqi / XXI əsrdə ekologiya və torpaqşünaslıq elmlərinin aktual problemləri” VII Respublika elmi konfransı, 3-4 may, 2018, Bakı, s. 143-144
 54. **Abbasov M.A.** Genotypic assessment of Azerbaijani durum wheat germplasm using genotyping-by-sequencing / *Conference of Young*

Scientists and Students, Innovations in Biology and Agriculture to Solve Global Challenges, Dedicated to the 90th Anniversary of Academician Jalal A. Aliyev, October 31, 2018, Baku, Azerbaijan, p. 82

55. Zamanova D. L., **Abbasov M.Ə.** Azərbaycanın yumşaq buğda nümunələrində genetik müxtəlifliyin SSR markerlərlə qiymətləndirilməsi/ Akademik Cəlal Əlirza oğlu Əliyevin 90 illik yubileyinə həsr olunmuş Respublika Elmi Praktiki Konfransın Materialları / 30.11.2018, Gəncə, s 391-392.
56. **Abbasov Mehraj**, Brueggeman Robert, Raupp John, Akparov Zeynal, Aminov Naib, Bedoshvili David, Gross Thomas, Gross Patrick, Babayeva Sevda, Izzatullayeva Vusala, Mammadova Sevinj A., Həjiyev Elchin, Rustamov Khanbala, Gill Bikram S.. Genetic diversity of *Aegilops* L. species from Azerbaijan and Georgia using SSR markers // Genetic Resources and Crop Evolution, February 2019, Volume 66, Issue 2, pp. 453–463
57. Singh N., Wu S., Tiwari V.K., Sehgal S.K., Raupp J., Wilson D., **Abbasov M.**, Gill B.S. and Poland J. Genomic analysis confirms population structure and identifies inter-lineage hybrids in *Aegilops tauschii* // Frontiers in Plant Science, 10, 2019, p. 1-9
58. **Аббасов М.А.** Генотипирование образцов мягкой пшеницы (*T. aestivum* L.) Азербайджана на основе KASP технологии // Успехи современного естествознания. 2019, № 8, с. 7-12;
59. Akparov Z.İ., **Abbasov M.A.** Study of genomic variation in bread wheat collection based on next generation sequencing data. // Journal of Life Sciences & Biomedicine, vol. 1(74), 2019, No 1, p. 37-46
60. **Abbasov M.Ə.** AmpliSeq texnologiyası əsasında buğda bitkisi üçün genotipləşdirmə panelinin yaradılması. Həyat elmləri və biotibb jurnalı, cild 74, 2019, №2, səh. 69-77
61. **Mehraj Abbasov**, Carolina Paola Sansaloni, Juan Burgueño, César Daniel Petroli, Zeynal Akparov, Naib Aminov, Sevda Babayeva, Vusala Izzatullayeva, Elchin Həjiyev, Khanbala Rustamov, Sevinj A Mammadova, Ahmed Amri, Thomas Payne. Genetic diversity analysis using DArTseq and SNP markers in populations of *Aegilops* species from Azerbaijan // Genet Resour Crop Evol, 2020, N. 67, p. 281–29
62. Ramiz Əliyev, **Mehrac Abbasov**, Validə Rəhimli. Molekulyar Genetika (Dərs vəsaiti). Bakı, Müəllim nəşriyyatı, 2020, 195 s.

63. Xanbala Rüstəmov, **Mehrac Abbasov**, Sevda Bababyeva. Azərbaycanın buğda genofondu (Monoqrafiya). Bakı, Müəllim nəşriyyatı, 2020, 348 s.
64. Abbasov M., Abdulqader J., Akparov Z., Rustamov Kh., Babayeva S., et al. Genotyping by Sequencing and Rust Resistance of Azerbaijani Durum Wheat Germplasm. *Journal of Plant Physiology and Pathology*. (2021), p 8:4.
65. Рустамов Х.Н., Акпаров З.И., **Аббасов М.А.** Адаптивный потенциал сортов пшеницы твердой (*Triticum durum* Desf.) Азербайджана // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2021, Volume 181, p. 22-28.
66. **Аббасов М.А.**, Герайбекова Н.А., Шабанова Э.А., Рагимова О.Г., Рустамов Х.Н. Некоторые результаты изучения генофонда дикого предка ячменя (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* (C.Koch) Thell.) в Азербайджане / Материалы V Международной научно-практической конференции «Основные, малораспространенные и нетрадиционные виды растений – от изучения к внедрению» (сельскохозяйственные и биологические науки) (в рамках VI научного форума «Неделя науки в Крутах – 2021», 11 марта 2021 г., с. Круты, Черниговская обл., Украина)/ Круты, Том 3, с. 7-13.
67. Abdullayev A.M., Əkrərov Z.İ., Təlai C.M., **Abbasov M.Ə.**, Şixlinski N.M. “Start” yumşaq buğda sortu. / Azərbaycan Respublikası ərazisində kənd təsərrüfatı məhsulları istehsalı üçün istifadəsinə icazə verilmiş və mühafizə olunan seleksiya nailiyyətlərinin Dövlət reyestri (Rəsmi buraxılış), 2019, s. 123, 14.02.2019, Müəlliflik şəhadətnaməsi № 00246
68. Əkrərov Z.İ., **Abbasov M.Ə.**, Şeyxzamanova F.A., Rzayeva S.P., Cəfərova R.H., Rüstəmov X.N., Sadıqov H.B. “Maya” bərk buğda sortu. / Azərbaycan Respublikası ərazisində kənd təsərrüfatı məhsulları istehsalı üçün istifadəsinə icazə verilmiş və mühafizə olunan seleksiya nailiyyətlərinin Dövlət reyestri (Rəsmi buraxılış), 2019, s. 124, 14.02.2019, Müəlliflik şəhadətnaməsi № 00250
69. Əkrərov Z.İ., **Abbasov M.Ə.**, Gəraybəyova N.Ə., Rəhimova O.H., Kərimov Ə.Y. “Cəmil” arpa sortu. / Azərbaycan Respublikası ərazisində kənd təsərrüfatı məhsulları istehsalı üçün istifadəsinə icazə verilmiş və mühafizə olunan seleksiya nailiyyətlərinin Dövlət reyestri

(Rəsmi buraxılış), 2019, s. 125, 14.02.2019, Müəlliflik şəhadətnaməsi № 00253

70. Abdullayev A.M., Əkpərov Z.İ., Təlai C.M., **Abbasov M.Ə.**, Rüstəmov X.N., Morqunov A.İ., Şıxlinski H.M, Sadıqov H.B. “Cənub” yumşaq buğda sortu. // Azərbaycan Respublikası ərazisində kənd təsərrüfatı məhsulları istehsalı üçün istifadəsinə icazə verilmiş və mühafizə olunan seleksiya nailiyyətlərinin Dövlət reyestri (Rəsmi buraxılış - 1648393), 2020, s. 182. Müəlliflik şəhadətnaməsi № 00274
71. Rüstəmov X.N., Əkpərov Z.İ., Təlai C.M., Əhmədov M.Q., Abdullayev A.M., **Abbasov M.Ə.**, Axmedov M.A., Həsənova Q.M., Hacıyeva S.K., İbrahimov E.R. Korifey-88 bərk buğda sortu. // Azərbaycan Respublikası ərazisində kənd təsərrüfatı məhsulları istehsalı üçün istifadəsinə icazə verilmiş və mühafizə olunan seleksiya nailiyyətlərinin Dövlət reyestri (Rəsmi buraxılış-1604897), 2020, s.182, Müəlliflik şəhadətnaməsi № 00276

“Müəllim” nəşriyyatında çap olunmuşdur.

Çapa imzalanıb: 21.04.2021

Kağızın formatı: 60x84^{1/16}. Həcm: 77653

Tiraj: 100

Dissertasiyanın müdafiəsi **03.06.2021-ci il** tarixində saat **11⁰⁰-da** AMEA Botanika İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən ED.1.26 Dissertasiya şurasının iclasında keçiriləcək.

Ünvan: AZ1004, Bakı ş., Badamdar şossesi, 40.

Dissertasiya ilə AMEA Botanika İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq mümkündür.

Dissertasiya və avtoreferatın elektron versiyaları AMEA Botanika İnstitutunun rəsmi internet saytında yerləşdirilmişdir.

Avtoreferat **27 aprel 2021-ci il** tarixində zəruri ünvanlara göndərilmişdir.