

AZƏRBAYCAN RESPUBLİKASI

Əlyazması hüququnda

AZƏRBAYCANDA BECƏRİLƏN GİLƏS BİTKİSİNİN SORT VƏ FORMALARININ GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN TƏDQIQI

İxtisas: 2409.01 – Genetika

Elm sahəsi: Biologiya

İddiaçı: **Xəyalə İkrəm qızı Kərimova**

Fəlsəfə doktoru elmi dərəcəsi almaq üçün
təqdim edilmiş dissertasiyanın

AVTOREFERATI

Bakı – 2023

Dissertasiya işi AR Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun "Molekulyar genetica və genomika", "Meyvə bitkiləri" şöbələrində və Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyes Universitetinin Gen-Kök Hüceyrə Mərkəzinin Biotexnologiya laboratoriyasında yerinə yetirilmişdir.

Elmi rəhbər:

AMEA-nın müxbir üzvü, professor
Zeynal İba oğlu Əkpərov

Rəsmi opponentlər:

Biologiya elmləri doktoru, professor
Ramiz Tağı oğlu Əliyev

B.e.d., AMEA-nın müxbir üzvü
İlham Əyyub oğlu Şahmuradov

Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru, dosent
Cavid Mətləb oğlu Ocaqi

Azərbaycan Respublikasının Prezidenti yanında Ali Attestasiya Komissiyasının AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən FD 1.37 Dissertasiya şurası.

Dissertasiya şurasının
sədri:



Biologiya elmləri doktoru, dosent
Mehrac Əli oğlu Abbasov

Dissertasiya şurasının
elmi katibi:



Biologiya üzrə fəlsəfə doktoru
Səidə Qasım qızı Həsənova

Elmi seminarın sədri:



Biologiya elmləri doktoru, dosent
Hamlet Bəykişi oğlu Sadıqov

GİRİŞ

Mövzunun aktuallığı və işlənmə dərəcəsi. Azərbaycanın təbii coğrafi mövqeyi və əlverişli torpaq-iqlim şəraiti bir çox meyvə bitkilərinin olduqca zəngin genetik müxtəlifliyinin əmələ gəlməsinə imkan vermişdir. Meyvə bitkilərinə aid növlər arasında giləs bitkisi sort müxtəlifliyinə görə geniş yer tutmaqla əkin sahəsinə, istehsal dəyərinə və ixrac potensialına görə böyük əhəmiyyətə malikdir.

Gilas (*Prunus avium* L.) Rosaceae fəsiləsinə aid çarpaz tozlanan, diploid xromosom sayına ($2n=16$) malik ağac bitkisi olub, təbii arealı Qərbi Avrasiyanı və Afrikanın şimal hissəsini əhatə edir. Gilasın mənşə mərkəzinin Qara dəniz və Xəzər dənizi arasındakı ərazidə olması, oradan quşlar vasitəsilə Avropaya yayılması güman edilir¹. Gilasın mənşə mərkəzi Cənubi Qafqaz ehtimal olunsada, hal-hazırda Avropa materiki və Qərbi Asiyada da rast gəlinir². Xalqımızın uzun illərdən bəri müşahidələri nəticəsində müəyyən edilmişdir ki, giləs bitkisinin sadəcə meyvələri deyil, kökləri, yarpaqları, çiçəkləri, saplaqları, hətta gövdəsinin qabığı da istifadə olunur. Gilas bitkisi mədə-bağırsaq, sidik yolları xəstəliklərində, həmçinin iştahartırıcı pəhriz qidası kimi çox xeyirlidir. Gilasın meyvələrindən və onların şirəsindən qaraciyər, ürək-damar xəstəliklərində, həmçinin qan damarlarının təmizlənməsində istifadəsi olduqca faydalıdır.

Azərbaycanda giləs bitkisinə həm yabanı halda qarışıq dağ meşələrində, həm də mədəni halda müxtəlif təsərrüfatlarda və həyətyanı sahələrdə rast gəlinir. Tez yetişməsinə və ciddi qulluq tələb etmədiyinə görə ölkəmizdə də geniş becərilir.

¹ Webster, A. D. The taxonomic classification of sweet and sour cherries and a brief history of their cultivation / A.D.Webster, N.E.Looney // - Wallingford: Cherries: Crop Physiology, Production, and Uses, - 1996. - p. 3-24.

² Ganopoulos, I.V. Diversity of morpho-physiological traits in worldwide sweet cherry cultivars of Gene Bank collection using multivariate analysis / T.Moysiadis, A.Xanthopoulou, M.Ganopoulou [et al.] // - Thessaloniki: Scientia Horticulturae, - 2015. №197, - p. 381-391.

Əsasən meyvəsinin ölçüsü, bərkliyi və dadının yaxşılaşdırılması kimi çox dar istiqamətdə aparılan uzunmüddətli seleksiya proqramları, münasib görünüşü olmayan yerli, ənənəvi sortların bazardan çıxış oluması və istehlak tələbatının böyük hissəsinin çox az sayda sortlardan əldə edilmiş məhsul hesabına ödənilməsi gilə bitkisinin genetik müxtəlifliyinin kəskin azalmasına, təsərrüfat əhəmiyyətli allellərin itirilməsinə gətirib çıxarmışdır. Odur ki, gilə bitkisinin müxtəlif qaynaqlarda olan genetik müxtəlifliyinin araşdırılması, fenotipik və genotipik səviyyədə tədqiqi və bu yolla yeni qiymətli gen mənbələrinin müəyyən edilməsi olduqca aktualdır.

Lakin, ölkəmizdə gilə bitkisinin toplanması və qorunub saxlanması ilə bağlı sistemli tədbirlərə yalnız son illərdə başlanıldığına görə, bütün sortlar və onların yayılma arealları haqqında müasir texnologiyalardan istifadə etməklə dolğun məlumatlar toplanılmamış, bu bitkinin molekulyar markerlərlə genetik tədqiqinə dair işlər aparılmamışdır. Bu baxımdan molekulyar marker texnologiyasından istifadə etməklə, gilə bitkisinin genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsi və pasportlaşdırılması olduqca zəruridir.

Tədqiqatın məqsədi və vəzifələri. Tədqiqat işinin əsas məqsədi Azərbaycanın müxtəlif bölgələrində yayılmış yerli və introduksiya olunmuş gilə sort və yabanı formalarının areallarının müəyyən edilməsi, müasir vəziyyətinin təhlili, biomorfoloji xüsusiyyətlərinin öyrənilməsi, molekulyar markerlər əsasında identifikasiyası, genetik qohumluq dərəcələrinin təyini, sortların pasportlaşdırılması və bütün bunların əsasında ərzaq və seleksiya proqramları üçün tövsiyələrin verilməsidir.

Bu məqsədə nail olmaq üçün qarşıya aşağıdakı vəzifələr qoyulmuşdur:

- Azərbaycanın Quba, Xaçmaz, Şəki, Ağdaş və Tərtər rayonlarında elmi ekspedisiya tədqiqatları ilə ayrı-ayrı təsərrüfatlarda, həyətəni sahələrdə, dağ-meşə ərazilərində yayılmış gilə sortlarının və yabanı formalarının aşkar edilməsi, qeydiyyatının aparılması, GPS texnologiyası vasitəsi ilə areallarının təyin edilməsi;

- Genotiplərin biomorfoloji əlamətlərinin müqayisəli tədqiqi, təsərrüfat göstəriciləri, pomoloji analiz və kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığının qiymətləndirilməsi;
- Mikrosatellit markerlər vasitəsilə genetik müxtəlifliyin səciyyələndirilməsi, polimorfizm informasiya həcminin hesablanması və genetik məsafə matrisinin qurulması;
- ISSR praymerlər vasitəsilə giləs nümunələri arasında genetik qohumluğun və marker sisteminin effektivliyinin təyini;
- Alınan nəticələr əsasında giləs bitkisinin ərzaq və seleksiya proqramlarında səmərəli istifadə olunmasına dair tövsiyələrin hazırlanması.

Müdafiəyə çıxarılan əsas müddəalar:

1. Təqdim edilmiş 74 giləs sort və formalarının meyvələrində ümumi şəkərin miqdarı 11.3 (Kəhrəbə giləs, Şəki) – 26.9% (Cır giləs, Xaçmaz) arasında dəyişmişdir.
2. 13 biomorfoloji-kəmiyyət göstəricisi üzrə oxşarlığın Evklid məsafə indeksinə görə, giləs bitkisinin ən yaxın genotipləri Qırmızı Mayovka (Şəki), Çəhrayı Napoleon (Tərtər), Ağ Krım (Tərtər) və Ala giləs (Ağdaş), ən uzaq genotipləri isə Türkiyə mənşəli Samba (Quba) və yerli Cır giləs (Quba) sort və formalarıdır.
3. UBC 868, IS 50 və IS 37 ISSR praymerləri giləs kolleksiyasında polimorfizm və genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi üçün ən effektiv praymerlərdir.
4. ISSR praymerləri əsasında qiymətləndirilməyə görə, Samba (Quba) və Ala giləs (Ağdaş) genotipləri ən uzaq sortlardır.
5. Ən yüksək allel müxtəlifliyi SSR AK 193, SSR PaCITA 18, SSR PaCITA 10, SSR pchcms 2, SSR AK 200 və SSR pchgms 2 lokuslarında müşahidə olunmuşdur. Güman olunur ki, tədqiq olunmuş genotiplərin allel müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsində həmin lokuslardan istifadə daha məqsədəuyğundur.
6. İlk dəfə olaraq, Tərtər rayonundan toplanmış tezyetişən Çal Krım və gecyetišən Öküzürəyi sortlarında SSR praymerləri üzrə nadir allellərə rast gəlinmişdir.

Tədqiqatın elmi yeniliyi. Ekspedisiya tədqiqatları ilə müəyyən edilmişdir ki, Azərbaycanın Quba, Xaçmaz, Şəki, Ağdaş,

Tərtər rayonlarında becərilən 74 giləs sort və formalarının meyvələrinin yetişməsi torpaq-iqlim şəraitindən asılı olaraq may ayının sonları və iyun ayının müxtəlif ongünlüklərinə təsadüf edir. Aparılan tədqiqatlar nəticəsində, meyvələrin yetişmə müddətinə görə 39.2%-i tez yetişən, 51.4%-i ortayetişən, 9.5%-i gec yetişən olduğu müəyyən edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, giləs nümunələrində ümumi şəkər faizi 11.3-26.9% arasında dəyişmişdir. Cır giləs (Xaçmaz) formasının ən yüksək şəkərlilik (26.9%) göstəricisinə malik olduğu aşkar edilmişdir.

İlk dəfə olaraq, müxtəlif ekoloji şəraitlərdə becərilmiş giləs genotiplərinin kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığı da qiymətləndirilmişdir. Evklid məsafə indeksinə görə klasterlərin genetik cəhətdən ən uzaq genotipləri Qubadan toplanmış Samba sortu və Cır giləs forması olmuşdur. Samba giləs sortu Qubada yetişdirilməsinə baxmayaraq, mənşəyi Türkiyə olduğu üçün yerli Cır giləs forması ilə kəmiyyət göstəricilərinə görə müqayisədə ən uzaq genotiplərdir.

İlk dəfə olaraq, 92 ISSR praymeri sınaqdan keçirilərək bunlardan 8 praymerin giləs üçün daha xarakterik olduğu aşkarlanaraq tədqiqat işi davam etdirilmişdir. 8 ISSR praymer üzrə ümumilikdə 68 bənd sintez olunmuşdur ki, bunlardan 47-si (69.1%) polimorf, 21-i (30.9%) isə monomorf olmuşdur. Lokus üzrə amplifikasiya olunmuş fraqmentlərin sayı 7-10 arasında dəyişmişdir. Ən çox ampikon sayı IS 50 və IS 54 praymerləri ilə sintez olunmuşdur (10 ədəd). Beləliklə, giləs kolleksiyasında polimorfizm göstəricisinə görə UBC 868, genetik müxtəlifliyinə (GM) görə isə IS 50, polimorf bəndlərin sayına görə isə IS 50 və UBC 868 ISSR praymerlərinin daha effektiv olduğu müəyyən edilmişdir. ISSR praymeri əsasında giləs nümunələrində genetik qohumluğu əks etdirən dendrogramda ən uzaq genotiplər Qubadan toplanmış Samba ilə Ağdaşdan olan Ala giləs olmuş və onlar arasında genetik oxşarlıq $S_J=0.006$ vahid təşkil etmişdir.

İlk dəfə olaraq, giləs kolleksiyasında 157 SSR praymeri yoxlanılmış, bunlardan yalnız 12 praymerin daha effektiv olduğu müəyyən edilmişdir. 12 SSR praymer cütü ilə 52 allel sintez

olunmuş, hər SSR lokusuna düşən allel variabelliği 2-12 arasında dəyişmişdir. AK 193, PaCITA 18, PaCITA 10, pchcms 2, AK 200, pchgms 2 lokusları yüksək allel müxtəlifliyi nümayiş etdirmişdir. Qeyd olunan praymerlərin tədqiq olunan genotiplər üçün daha informativ olması müəyyən edilmişdir. Gilas genotipləri arasında mikrosatellit lokusa görə maksimum genetik müxtəliflik (0.8016) SSR AK 193 praymeri ilə, zəif genetik müxtəliflik isə (0.0312) SSR AK 123 praymer cütü ilə xarakterizə olunmuşdur. Tərtər rayonundan toplanmış tezyetişən Çal Kırım və gecyetišən Öküzürəyi sortlarında SSR praymerləri üzrə nadir allellərə (159, 180, 162, 145, 352, 464, 154, 268 n.c.) rast gəlinmişdir.

Tədqiqatın nəzəri və praktik əhəmiyyəti. Müxtəlif ekoloji şəraitdə becərilən gilas genotiplərinin kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığı qiymətləndirilmişdir. Həmçinin, molekulyar marker texnologiyasından istifadə edərək, gilas kolleksiyasında polimorfizm və genetik müxtəlifliyin tədqiqi üçün SSR və ISSR markerlərinin daha səmərəli olduğu müəyyən edilmişdir. Bu baxımdan, *Prunus avium* L.-in həmin molekulyar markerlərlə səciyyələndirilməsindən gələcək tədqiqat işlərində istifadə edilə bilər.

SSR və ISSR molekulyar markerləri ətraf mühit amillərindən asılı olmayıb, bitkinin inkişafının istənilən mərhələsində qiymətləndirməyə imkan verdiyindən olduqca əhəmiyyətlidir. Beləliklə, gilasan biomorfoloji xüsusiyyətlərinin təhlili və molekulyar analizlərin nəticələri genetik cəhətdən yaxın genotipləri qruplaşdırmağa və seleksiya prosesində lazımsız kombinasiyaların çıxış edilməsinə imkan verir. Eyni zamanda, tədqiq edilmiş 74 gilas genotipindən meyvələrinin ölçüsünə və davamlılığına görə fərqlənmiş Samba, Ziraat 0900, Regina, Ramon Oliva, Qara Öküzürəyi, Ağ gilas, Napoleon sortları yeni sortların yaradılmasında, fermer təsərrüfatlarında və ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında geniş istifadə oluna bilər.

Aprobasiyası və tətbiqi. Dissertasiya işinin əsas nəticələri Akademik Cəlal Əliyevin 90 illik yubileyinə həsr olunmuş “Innovation in Biology and Agriculture to Solve Global Challenges” mövzusunda keçirilən gənc alim və tələbələrin konfransında

(Bakı, 2018), Ukraynada keçirilən “Неделя науки в Крутах - 2019” III Beynəlxalq elmi-praktik konfransında (Ukrayna, 2019), Gəncə Dövlət Universitetində keçirilən “Müasir təbiət və iqtisad elmlərinin aktual problemləri” mövzusunda Beynəlxalq elmi konfransında (Gəncə, 2019), Ukraynada keçirilən “Modern problems of Genetics, Biotechnology, and Biochemistry of agricultural plants” Beynəlxalq elmi konfransında (Ukrayna, 2020), Bakı Dövlət Universitetində “Biologiyada elmi nailiyyətlər və çağırışlar” mövzusunda X Beynəlxalq elmi konfransında (Bakı, 2021), “Zəfər Günü və şəhidlərin xatirəsinə” həsr olunmuş Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası II Beynəlxalq təbii elmlər konqresində (Bakı, 2021), Lənkəran Dövlət Universitetində “Beynəlxalq subtropik və sitrus bitkiləri” mövzusunda elmi konfransında (Lənkəran, 2022), Bitki mühafizəsi və texniki bitkilər Elmi Tədqiqat İnstitutunda “Heydər Əliyev və aqrar siyasət” mövzusunda elmi-praktik konfransında (Gəncə, 2023), həmçinin AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun ümumi yığıncağında (Bakı-2022) və Elmi seminarında (Bakı-2023) müzakirə edilmişdir.

Dissertasiya işinin əsas müddəalarını əks etdirən 17 elmi iş dərc olunmuşdur ki, bunlardan 9-u məqalədir (2-si beynəlxalq xülasələndirmə və indeksləmə bazasına daxil olan dövrü elmi nəşrlərdə dərc olunmuşdur).

Dissertasiya işinin yerinə yetirildiyi təşkilat. Dissertasiya işi 2017-2020-ci illərdə, Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyasının Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun “Meyvə bitkiləri”, “Molekulyar genetik və genomika” şöbələrində və Türkiyənin Kayseri şəhərində yerləşən Erciyes Universitetinin Gen-Kök Hüceyrə Mərkəzinin Biotexnologiya laboratoriyasında yerinə yetirilmişdir.

Dissertasiyanın struktur bölmələrinin ayrılıqda həcmi qeyd olunmaqla dissertasiyanın işarə ilə ümumi həcmi. Dissertasiya Azərbaycan dilində yazılaraq 184 səhifədən, giriş, 5 fəsil, yekun, nəticələr və tövsiyələr, ixtisarlar, ədəbiyyat siyahısı və əlavələrdən ibarətdir. Tədqiqat işində 226 ədəbiyyat məlumatlarına istinad edilmişdir ki, onun da 208-i xarici nəşrdir. Dissertasiyanın işarə ilə ümumi həcmi 213043 işarə (giriş-11987,

I fəsil-69997, II fəsil-29674, III fəsil-39358, IV fəsil-20327, V fəsil-35510, nəticə-6184, tövsiyələr-704) təşkil edir. Dissertasiya işi 22 cədvəl və 52 şəkil ilə zənginləşdirilmişdir.

İŞİN ƏSAS MƏZMUNU I FƏSİL. ƏDƏBİYYAT İCMALI

Dissertasiya işinin bu fəslində gilə bitkisinin mənşəyinə, yayılmasına, sistematikasına, xalq təsərrüfat əhəmiyyətinə və molekulyar markerlərlə gilə bitkisinin genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsinə aid elmi tədqiqatların və ədəbiyyat məlumatlarının xronoloji ardıcılıqla qısa şərh verilmişdir.

II FƏSİL. TƏDQIQATIN MATERIAL VƏ METODİKASI

Tədqiqat materialı olaraq, Azərbaycanın Quba, Xaçmaz, Şəki, Ağdaş və Tərtər rayonlarında becərilən, elmi ekspedisiyalar nəticəsində aşkarlanmış, ayrı-ayrı təsərrüfatlara, həyətyanı sahələrə, elmi tədqiqat və təcrübə bazalarına mənsub 31 yerli, 34 introduksiya olunmuş və 9 yabani formadan ibarət 74 gilə nümunəsindən istifadə edilmişdir.

Gilə bitkisinin fenoloji xüsusiyyətləri, biomorfoloji-kəmiyyət əlamətləri beynəlxalq deskriptorlar əsasında tədqiq edilmiş³, variasiya, korrelyasiya, əsas komponent (principle component) və klaster kimi çoxölçülü statistik proqramlar əsasında analiz olunmuşdur. Tədqiqat obyektinin meyvəsinin pomoloji analizi “Meyvə, giləmeyvə və qərzəkli bitkilərin proqramı və metodikası” (1999) əsasında aparılmışdır⁴. Statistik analizlər və nəticələrin

³ Delmas, M. Passport and priority descriptors for cherry // M.Delmas, M.Höfer, D.Giovannini // ECPGR, Version 1(EU Cherry Version), - 2018, -21 p.

⁴ Седов, Е.Н., Огольцова, Т.П. Программа и методика сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур / Е.Н. Седов, Т.П. Огольцова. - Орел: ВНИИСПК, - 1999. - 606 с.

etibarlılığı SPSS 26.0 və MSTATC kompüter proqramları vasitəsilə yerinə yetirilmişdir.

Gilas nümunələrinin genom səviyyəsindəki genetik müxtəlifliyi 8 ISSR (Inter Simple Sequence Repeats - mikrosatellitlər arası ardıcılığın təkrarları) və 12 SSR (Simple Sequence Repeats – sadə ardıcılığın təkrarları) praymeri ilə tədqiq edilmişdir. Nüvə DNT-si S.O.Rogersin təklif etdiyi CTAB protokolu əsasında giləsin yarpaqlarından ekstraksiya edilmiş⁵, spektrofotometrə miqdarı təyin olunmuş, 1%-li aqaroza gellərində elektroforez edilməklə təmizlik dərəcəsi yoxlanılmış, müvafiq qatılıqda durulaşdırılmış və PZR (polimeraza zəncirvari reaksiyası) aparılmışdır. SSR və ISSR praymerləri ilə əldə olunmuş PZR məhsulları 2%-li aqaroza gellərində elektroforetik analiz edilmişdir. Həmçinin, SSR praymerlərindən əldə olunan PZR məhsulları ABI 3500 kapilyar elektroforez cihazında analiz edilmişdir. Flüoresent boyama nişanlı SSR genotipləşdirilməsi və PZR, allel ölçüləri və aqaroza gellərindəki ilkin ekran görünüşü polimorfik olan lokusların səciyyəvləndirilməsi Schuelke tərəfindən təsvir edilmiş metoda əsasən aparılmışdır. Flüoresent nişanlı M13 praymer də daxil olmaqla PZR reaksiyaları 6-FAM, NED, PET və VIC boyaları ilə həyata keçirilmişdir (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) (Chao *et al.* 2007)⁶.

SSR verilənləri ilə statistik parametrlərin öyrənilməsi PowerMarker V3.25 və Mega 6 programından istifadə etməklə hesablanmışdır (Schuelke 2000)⁷. SSR praymerlərlə sintez olunmuş genetik parametrlərdən allellərin sayı, allellərin tezliyi, gözlənilən heteroziqotluq, müşahidə olunan heteroziqotluq, genetik müxtəliflik, polimorfizm informasiya həcmi (PIC)

⁵ Rogers, S.O. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues / S.O.Rogers, A.J.Bendich // Plant Molecular Biology, – 1985. №5, – p. 69-76.

⁶ Chao, C.C. The date palm (*Phoenix dactylifera* L.): Overview of biology, uses, and cultivation / C.C.Chao, R.R.Krueger // American Society for Horticultural Science, – 2007. V. 42 (5), – p. 1077-1082.

⁷ Schuelke, M. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments // Nature Biotechnology, – 2000, №18, – p. 233-234.

hesablanmışdır. Tədqiq olunan gilə genotipi arasında genetik oxşarlıq əmsalı SSR praymerlərlə tərtib olunmuş binar matris əsasında Ney və Li düsturu ilə hesablanmışdır⁸, Gilə kolleksiyasında genetik strukturun tədqiqi STRUCTURE 2.3.4 proqram paketi və STRUCTURE HARVESTER vasitəsilə öyrənilmişdir.

ISSR praymerlərlə gilə nümunələrinin genetik analizinin effektivliyini müəyyən etmək məqsədi ilə polimorfizm informasiya həcmi-PIC (Roldan-Ruiz et al, 2000)⁹, effektiv multipleks əmsalı-EMR, marker indeksi-MI (Powell et al., 1996)¹⁰, görüntüləmə qabiliyyəti-RP (Prevost və Wilkinson, 1999)¹¹ və orta görüntüləmə qabiliyyəti-MRP kimi statistik parametrlər hesablanmışdır. ISSR praymerləri əsasında genetik parametrlər isə DARwin 6.0 proqramı ilə təhlil edilmişdir. ISSR praymerlərlə klaster analizi UPGMA metodu Cakard genetik oxşarlıq indeksi¹², NTSYS kompüter proqramı əsasında isə genetik məsafə indeksi öyrənilmişdir.

Gilə bitkisinin qiymətləndirilməsində Beynəlxalq Biomüxtəliflik İnstitutu və mərkəzi məlumat bazası üçün tərtib edilmiş bitkilərin ilkin səciyyələndirilmə deskriptorlarından istifadə edilmişdir.

⁸ Nei, M. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases / M.Nei, W.H.Li // - Texas: Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, – 1979. №76, – p. 5269-5273.

⁹ Roldan-Ruiz, I. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.) / I.Roldan-Ruiz, J.Dendaui, E.Vanbockstaele [et al.] // - Amsterdam: Molecular Breeding, Springer, – 2000. №6, – p. 125-134.

¹⁰ Powell, W. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis / W.Powell, M.Morgante, C.Andre [et al.] // - Amsterdam: Molecular Breeding, – 1996. №2, – p. 225-238.

¹¹ Prevost, A. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars / A.Prevost, M.Wilkinson // Theoretical Applied Genetics, Springer, – 1999. №98, – p. 107-112.

¹² Jaccard, P. Nouvelles Recherches Sur La Distribution Florale // - Zurich: Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles, – 1908, №44, – p. 223-270.

III FƏSİL. GİLƏSİN SORT VƏ FORMALARININ BIOMORFOLOJİ XÜSUSİYYƏTLƏRİ, TƏSƏRRÜFAT VƏ POMOLOJİ GÖSTƏRİCİLƏRİ

3.1. Gilas bitkisinə aid nümunələrin biomorfooloji əlamətlərinin qiymətləndirilməsi

Tədqiqatlar nəticəsində Quba (23), Xaçmaz (13), Şəki (26), Tərtər (8), Ağdaş (4) rayonlarında yayılmış gilə bitkisinin 74 sort və formalarının biomorfooloji əlamətlərinin qiymətləndirilməsi aparılmışdır.

Morfooloji xüsusiyyətlərin ətraf mühit şəraitilə və aqroteknika qulluqla bağlı olmasına baxmayaraq, onların xarakterizə olunması, biokimyəvi və ya molekulyar tədqiqatlara başlamazdan əvvəl tədqiq edilməsi təklif olunan ilk addımdır¹³.

Gilə çoxillik ağac bitkisi olub sortları bioloji xüsusiyyətindən və calaqlar altından asılı olaraq 25-30 il yüksək məhsul vermə qabiliyyətinə malikdir. Ağacın hündürlüyü 1.5-11 m arasında dəyişərək May giləsi (Quba) və Alyanaq sortlarında ağaclar 11 m hündürlüyə qədər çatır. Ən aşağı göstərici isə (1.5) Mayovka qırmızı (Şəki) sortunda müşahidə edilmişdir. Bunu ağacın nisbətən cavan və yaşının 4 ilə yaxın olması ilə əlaqələndirmək olar.

Gilə ağacının hündürlüyündə olan fərq, gövdəsinin və çətirinin diametrində də müşahidə edilmişdir. Gövdənin diametri 8-100 sm arasında dəyişərək, ən kiçik ölçü North Vander sortunda, ən böyük göstərici isə Alyanaq sortunda müəyyən edilmişdir.

Tezyetişən Kassini, Regina, Krım, Ağ gilə, Mayovka, Sarı uzun gilə, Şampan gilə, Ramon Oliva kimi sortlar piramida çətirə malik olmuşlar. Nümunələrin çoxunda girdə (34) formaya malik çətir müşahidə edilmişdir. Piramida formalı çətir 12, oval 7 nümunədə, sallaq 5, yumru isə 6 nümunədə müəyyən edilmişdir.

¹³ Berinyuy, J.E. Morphological diversity of *Solanum scabrum* accessions in Cameroon / J.E.Berinyuy, D.A.Fontem, D.A. Focho [et al.] // Plant Genetic Resource Newslett., – 2002. №131, – p. 42-48.

3.2. Gilasın sort və formalarının təsərrüfat göstəriciləri və pomoloji analizi

Pomoloji göstəricilərdən - meyvənin uzunluğu, meyvənin eni, meyvə saplağının uzunluğu, meyvənin kütləsi, lətin kütləsi, çəyirdəyin uzunluğu, çəyirdəyin eni, şəkərlilik faizi öyrənilmişdir. Meyvənin uzunluğu sortlardan asılı olaraq 7.6-29.4 mm arasında dəyişmişdir. Ən yüksək göstərici Ağ giləs (Xaçmaz) sortunda, ən aşağı isə Cır giləs (Tərtər) formasında müşahidə olunmuşdur. Meyvənin eninin ölçüləri də müxtəlif olmuşdur. Cır giləs (Xaçmaz) forması 11.3 mm olub ən aşağı göstəriciyə, Samba sortu isə 28.6 mm olaraq ən yüksək göstəriciyə malik olmuşdur.

Digər parametrlərlə yanaşı meyvə saplağının uzunluğu da öyrənilmişdir. Bu ölçülər 30.2-63.3 mm arasında dəyişmişdir ki, ən qısa saplaq Cır giləs formasında (Tərtər), ən uzun isə Quzugörən giləs sortunda aşkarlanmışdır.

Həmçinin, bir meyvənin orta kütləsi hesablanaraq 1.01-11.2 qr arasında dəyişmişdir. Beləliklə, kütləsi ən kiçik olan meyvə Cır giləs (Xaçmaz) formasında, kütləsi ən yüksək olan meyvə isə Samba sortunda müşahidə edilmişdir.

Öyrənilən sort və formaların keyfiyyətini müəyyənləşdirmək üçün şirədə ümumi şəkərin faizlə miqdarı öyrənilmişdir. Ən yüksək şəkərlilik göstəricisi Cır giləs (Xaçmaz) formasında (26.9%), ən az isə Kəhrəbə giləs sortunda (11.3%) olmuşdur.

Beləliklə, bu tədqiqat nəticələri daha məhsuldar, keyfiyyətli, yaxşı görünüşə malik, bazarın tələbini ödəyən yeni sortların yaradılmasında istifadə edilə bilər.

3.3. Gilas nümunələrinin kəmiyyət göstəricilərinə görə oxşarlığının qiymətləndirilməsi

Tədqiqat obyektini kimi seçilmiş genotiplərin 13 biomorfoloji-kəmiyyət əlaməti (göstəricisi) üzrə variasiya, korrelyasiya, PCA, klaster analizi aparılmışdır.

Tədqiq edilmiş 13 əlamət üzrə standart kənarlaşma (SK), standart xəta (SX), minimum, maksimum, orta qiymətlər və variasiya əmsalı (CV%) cədvəl 3.3.1-də verilmişdir. Əlamətlər arasında ən yüksək variasiya əmsalı 20 ədəd meyvənin kütləsi

(1595%), ən aşağı variasiya əmsalı isə çəyirdəyin kütləsində (0.027%) müəyyən edilmişdir. Yüksək variasiya əmsalı göstərmiş əlamətlərdən yarpağın uzunluğunu (178%) da qeyd etmək olar. Həmçinin, iyirmi ədəd meyvənin kütləsinin maksimum qiyməti ən yüksək göstəriciyə (224) malik olmuşdur.

Cədvəl 3.3.1

Gilas genotiplərinin statistik göstəriciləri

Əlamətlər	İxtisarlar	Min	Max	Orta	SX	SK	CV%
Meyvənin uzunluğu, mm	MU	7.6	29.4	21.8	0.5	4.02	16.2
Meyvənin eni, mm	ME	7.3	28.6	21.3	0.5	4.4	19.9
Çəyirdəyin kütləsi, qr	ÇK	0.9	0.93	0.79	1	0	0.027
Saplağın uzunluğu, mm	SU	24.3	63.3	39	0	8.2	66.9
Lətin kütləsi, qr	LK	0.8	25.2	24.4	0.3	2.9	8.6
Ümumi şəkər %-i	ÜŞ	11.3	26.9	15.6	0.5	4	16
Çəyirdəyin uzunluğu, mm	ÇU	5.6	12.6	7	0.2	1.7	2.9
Çəyirdəyin eni, mm	ÇE	5.7	9.9	4.2	0.1	1.3	1.7
Meyvənin kütləsi, qr	MK	1.01	11.2	10.19	0.2	2	4
20 meyvənin kütləsi, qr	İMK	20.2	224	203.48	5	39.9	1595
Yarpaq saplağının uzunluğu, mm	YSU	29.7	52	22.3	0.5	4.5	20.5
Yarpağın uzunluğu, mm	YU	63.7	122	58.3	1.6	13.3	178.2
Yarpağın eni, mm	YE	27.8	68.3	40.5	1	8.3	68.3

Şəkil 3.3.1. Gilas genotiplərinin biomorfoloji, pomoloji, biokimyəvi əlamətlərinin Evklid məsafə indeksi əsasında qurulmuş dendroqram

15

dəyişmişdir. Bu klasterdə qruplaşmış Şəkidən toplanmış Dümağ giləs və Tərtərdən toplanmış Çəhrayı Napoleon sortları arasında Evklid məsafə indeksi ən aşağı (7.713) qiymətə malik olmuşdur. Bu, həmin genotiplərin ən yaxın olduğunu göstərir. Dendrogramın ikinci klasterində 12 genotip qruplaşmışdır ki, bunlardan 11-i 2A subklasterində, 1-i isə 2B subklasterində yer almışdır. 2B subklasterində yer alan Xaçmaz rayonundan toplanmış Ağ giləs sortu bir neçə əlamətə görə fərqləndiyi üçün ümumi klasterdən ayrılmışdır. Üçüncü klaster isə 10 genotipdən ibarətdir. Dendrogramın dördüncü klasteri isə 1 genotipdən ibarət olub sərbəst qruplaşmışdır. Beləliklə, Qubadan toplanmış Samba sortu bir neçə əlamətə görə fərqləndiyi üçün ümumi klasterdən ayrılmışdır. Beşinci klasterdə isə 8 genotipin olduğu müəyyən edilmişdir. Dendrogramın sonuncu klasterində isə 5 genotip yer almışdır.

Evklid məsafə indeksinə görə klasterlərin ən uzaq genotipləri Qubadan toplanmış Samba sortu (Türkiyə mənşəli) və Cır giləs forması (83.753) olmuşdur. Bu isə Sambanın mədəniləşmiş sort olması ilə izah edilə bilər. Samba sortu meyvənin eni, lətinin kütləsi, bir meyvənin kütləsi, iyirmi meyvənin kütləsi kimi əlamətlərinə, Cır giləs forması isə meyvə saplağının uzunluğu əlamətinə görə digər genotiplərdən seçilərək ən yüksək göstəriciyə malik olmuşlar.

IV FƏSİL. ISSR PRAYMERLƏRİ VASİTƏSİLƏ GİLƏS GENOTİPLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN TƏYİNİ

4.1. ISSR praymerləri əsasında giləs nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi

ISSR sürətli, sadə, yüksək təkrar olunma qabiliyyətinə malik bir praymerdir. ISSR praymerləri, adətən, yüksək polimorfizm nümayiş etdirirlər və onların ən böyük üstünlüyü genom ardıcılığı haqqında əvvəlcədən heç bir informasiyanın tələb

olunmamasıdır¹⁴. 74 giləş genotipinin genetik müxtəlifliyinin tədqiqində meyvə bitkiləri üçün xarakterik olan 8 ISSR praymeri üzrə ümumilikdə 68 bənd sintez olunmuşdur ki, bunlardan 47-si (69.1%) polimorf, 21-i (30.9) isə monomorf olmuşdur. Lokus üzrə amplifikasiya olunmuş fraqmentlərin sayı 7-10 arasında dəyişmişdir. Alınmış fraqmentlərin uzunluq diapazonu 100-1200 n.c. arasında dəyişmişdir.

Ən çox amplikon sayı (10 ədəd) IS 50 və IS 54 praymerləri ilə sintez olunmuşdur. IS 50 praymeri ilə sintez olunan amplikonların 8-i polimorf olmuşdur. IS 54 praymerində isə sintez olunan bəndlərin 5-i polimorf, digər 5-i isə monomorf olmuşdur. Ən az amplikon sayı IS 3 və IS 48 praymerlərində (7 amplikon) qeydə alınmışdır. IS 3 praymerindəki amplikonların 4-ü polimorfdur. IS 48 praymeri vasitəsilə isə sintez olunan bəndlərin 5-i polimorf xarakter daşımışdır. Polimorf bəndlərin sayı 4-8 arasında dəyişmiş, orta hesabla 5.9 ədəd təşkil etmişdir. Hər praymerə düşən bənd sayı 8.5 vahid təşkil etmişdir.

UBC 868 praymeri giləş genotiplərində ən yüksək polimorfluq göstərərək, qeydə alınan 9 amplikondan 8-i polimorf olmuşdur. Polimorfizm isə 89% təşkil etmişdir. Amplikonların uzunluğu 400-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. ISSR IS 50 praymeri ilə sintez olunmuş 10 amplikondan 8-i polimorf olmuşdur. Polimorfizm 80% təşkil etmişdir. Fraqmentlərin uzunluğu 300-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. IS 2 praymeri ilə sintez olunmuş ümumi bəndlərin sayı 9, polimorf bəndlərin sayı isə 6 olaraq qeydə alınmışdır. Fraqmentlərin uzunluğu 400-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. IS 3 praymeri ilə sintez olunmuş 7 amplikondan 4-ü polimorf olmuşdur. Polimorfizm 57% təşkil etmişdir. Fraqmentlərin uzunluğu 600-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. IS 37 ISSR praymeri ilə qeydə alınan 8 amplikondan 6-sı polimorf olmuşdur. IS 37 praymerində polimorfizm 75% təşkil etmişdir. Fraqmentlərin uzunluğu 500-1200

¹⁴ Bornet, B. Nonanchored inter simple sequence repeat (ISSR) markers: Reproducible and specific tools for genome fingerprinting / B.Bornet, M.Branchard // Plant Molecular Biology Reporter, Springer, – 2001. №19(3), – p. 209-215.

n.c. arasında dəyişmişdir. IS 47 ISSR praymeri ilə sintez olunan 8 bənddən 5-i polimorf olmuş, polimorfizm 62.5% təşkil etmişdir. Fraqmentlərin uzunluğu isə 500-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. IS 48 praymeri ilə sintez olunan 7 amplikondan 5-i polimorf olaraq qeydə alınmış, polimorfizm 71.43% təşkil etmişdir. Fraqment uzunluğu isə 600-1200 n.c. arasında dəyişmişdir. IS 54 praymeri ilə 10 bənd sintez olunmuşdur ki, bunlardan 5-i polimorfdur. IS 54 praymerində polimorfizm isə 50% təşkil etmişdir. Fraqmentlərin uzunluğu 300-1200 n.c. arasında dəyişmişdir.

Cədvəl 4.1.1-dən göründüyü kimi, praymerlər üzrə polimorfizm göstəricisi 50-89% arasında dəyişmiş, orta polimorfizm 69.4% təşkil etmişdir.

Cədvəl 4.1.1

ISSR praymerləri ilə gilə genotiplərində təyin olunmuş polimorfizm və genetik müxtəlifliyin əsas parametrləri

Praymerlər	Ardıcılıq (5-3)	Sintez olunmuş bənd	Polimorf bənd	Polimorfizm %	Rp	PIC	EMR	MI	MRp	GM
IS 2	(GA) ₉ C	9	6	70	5.56	0.33	6.75	2.2	0.02	0.96
IS 3	G(TG) ₉	7	4	57	7.46	0.41	4.1	1.6	0.02	0.85
IS 37	(CA) ₈ GT	8	6	75	5.0	0.33	5.6	1.7	0.03	0.94
IS 47	(ACC) ₆	8	5	62.5	6.30	0.41	5.6	2.3	0.02	0.91
IS 48	(ATG) ₈	7	5	71.4	5.16	0.43	4.2	1.7	0.03	0.93
IS 50	(GAA) ₆	10	8	80	7.34	0.45	8.0	3.6	0.01	0.97
IS 54	(AG) ₈ C	10	5	50	8.34	0.41	8.0	3.3	0.01	0.93
UBC868	(GAA) ₆	9	8	89	4.46	0.32	6.8	2.0	0.03	0.89
Ümumi		68	47							
Orta qiymət		8.5	5.9	69.4						0.92

PIC-polimorfizm informasiya həcmi; EMR-effektiv multipleks əmsalı; MI-marker indeksi; Rp-görüntüləmə qabiliyyəti; MRp-orta görüntüləmə qabiliyyəti; GM-genetik müxtəliflik

Tədqiqat işində marker sisteminin effektivliyini üzə çıxarmaq üçün bəzi əlavə hesablamalardan istifadə edilmişdir. EMR fraksiya məhsulu olub, polimorf bəndlərin sayını göstərir. MI isə PIC və EMR məhsuludur, ona görə də EMR və MI dəyərləri nə qədər yüksək olarsa, praymer-marker sisteminin effektivliyi artır. Apardığımız təcrübədə EMR-in göstərdiyi qiymətlər 4.1-8.0, MI dəyəri isə 1.6-3.6 arasında dəyişmişdir. EMR və MI parametrlərinin ən yüksək göstəricisi IS 50 (8.0-3.6), ən aşağı göstərici isə IS 3 (4.1-1.6) praymerlərində müşahidə edilmişdir.

Orta görüntüləmə qabiliyyəti (MRp) isə 0.01-0.03 arasında dəyişmiş və orta hesabla 0.02 vahid təşkil etmişdir.

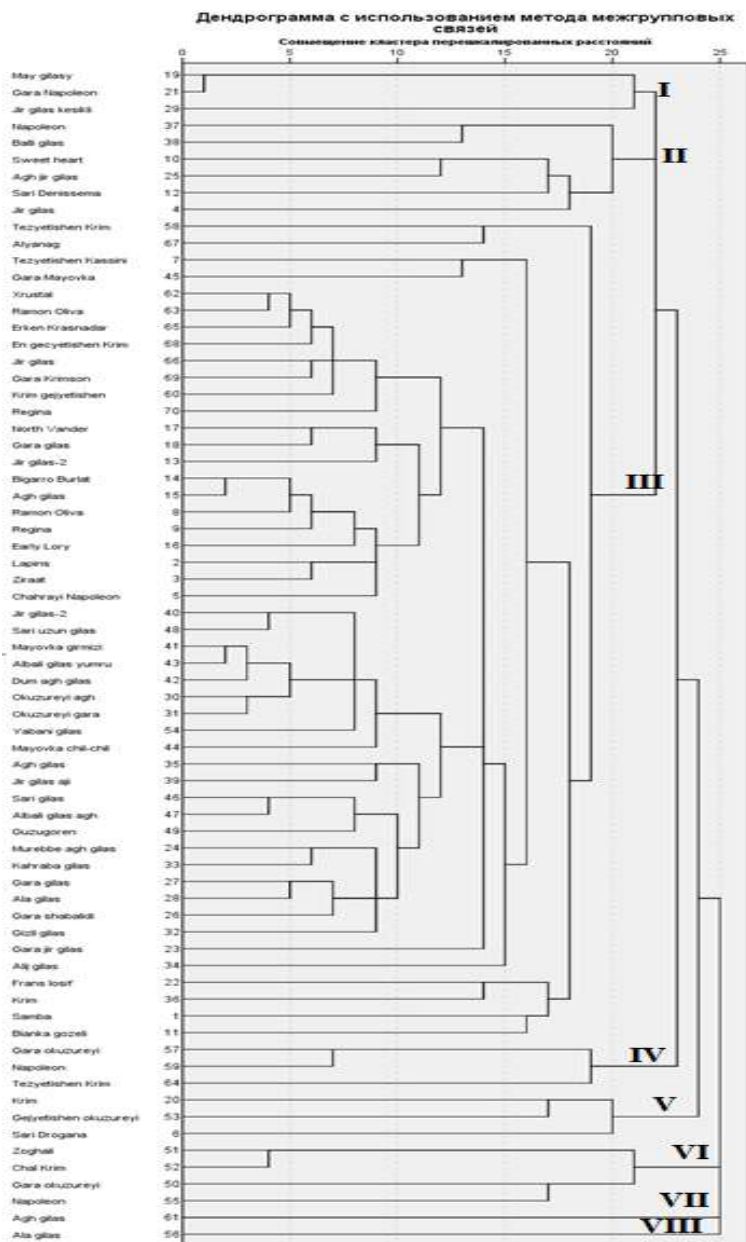
Gilas kolleksiyasında istifadə edilən 8 praymerə görə genetik müxtəlifliyin və polimorfizm informasiya həcminin yüksək qiyməti həm ISSR praymerlərinin effektivliyini, həm də öyrənilən giləs nümunələrinin genetik baxımdan çox çeşidli olmasını göstərir.

Tədqiqat işində istifadə olunan praymerlər arasında ən çox UBC 868, ondan bir az fərqlə IS 50 və IS 37 giləs kolleksiyasında polimorfizm və genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi üçün daha effektiv olduğu müəyyən edilmişdir.

Beləliklə, dissertasiya işində ilk dəfə olaraq ISSR dominant praymerlərindən istifadə etməklə, Azərbaycanın Quba, Xaçmaz, Şəki, Ağdaş, Tərtər rayonlarından toplanmış giləs genotiplərində genetik müxtəliflik tədqiq edilmişdir. Tədqiqatın nəticəsinə əsaslanaraq qeyd etmək olar ki, analizlərlə nümunələr arasında genetik variasiya orta səviyyədə olmuşdur. Buna baxmayaraq, kolleksiyada genetik baxımdan fərqli sortlar müəyyən edilmişdir. ISSR praymerlərlə genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi və genetik oxşarlığın təyini giləs nümunələrinin sistemləşdirilməsi və morfoloji əlamətlər əsasında aparılan genetik tədqiqatları nizamlamaq məqsədilə istifadə oluna bilər. Beləliklə, bütün molekulyar markerlər morfoloji əlamətlərlə birgə bir-birini tamamlayaraq, seleksiya proqramları üçün genetik cəhətdən fərqli valideyn formalarının seçilməsinə, həmçinin populyasiyaların müxtəlifliyi və genetik strukturu haqqında daha ətraflı informasiya toplamağa imkan verir.

4.2. ISSR lokusları əsasında giləs nümunələrinin qruplaşdırılması

Gilas genotiplərinin genetik oxşarlıq dərəcəsini əks etdirən dendroqramda 8 klaster ayırd edilmişdir (şəkil 4.2.1). Klasterlər arasında genetik məsafə indeksinin minimum və maksimum qiyməti müvafiq olaraq 0.006 və 1 vahid təşkil etmişdir. Beləliklə, klasterlərarası genetik məsafə nə qədər böyük olarsa, seleksiyada bu genotiplərdən heterozis effekti almaq daha məqsədəuyğundur. Burada 2 klaster sərbəst qruplaşmış və hər birində 1 genotip yerləşmişdir. Yeddinci klasterdə Xaçmaz rayonundan olan Ağ giləs, səkkizinci klasterdə isə Ağdaş rayonundan olan Ala giləs genotipləri sərbəst qruplaşmışdır. Bu genotiplər spesifik ISSR allellərinə malik olmaqla digərlərindən əhəmiyyətli dərəcədə fərqlənmişdir. Birinci klasterdə 3 genotip qruplaşmışdır. Quba rayonundan toplanmış 19 (May giləsi) və 21 (Qara Napoleon) nömrəli genotiplər bütün lokuslara görə 100% oxşarlıq göstərmişdir. İkinci klasterdə 6 nümunə yerləşmişdir ki, burada genetik məsafə indeksi 0.556-0.071 arasında dəyişmişdir. Ən uzaq genetik məsafədə yerləşən isə Şəkidən olan 29 (Cır giləs kəsikli) nömrəli genotip olmuşdur. Belə ki, genetik məsafə indeksinə əsasən ən yaxın genotiplər Qubadan toplanmış Sweet Heart ilə Şəkidən olan Ağ cır giləs olmuş, onlar arasında maksimum qiymət müvafiq olaraq 0.556 vahid təşkil etmişdir. Üçüncü klasterdə 50 ədəd nümunə qruplaşmışdır ki, burada genotiplərin təqribən 68%-i cəmləşmişdir. Bu klasterdə genetik məsafə indeksinin minimum və maksimum qiyməti müvafiq olaraq 0.951-0.421 vahid təşkil etmişdir. Burada ən yaxın genetik məsafədə yerləşən Quba rayonundan toplanmış 15 (Biqarro Burlat) və 14 (Ağ giləs) nömrəli genotiplər olmuşdur ki, onlar arasında genetik məsafənin maksimum qiyməti 0.951 vahid təşkil etmişdir. Genetik olaraq ən uzaq məsafədə yerləşən genotiplər isə Quba rayonundan olan Frans İosif ilə Samba sortları olmuşdur ki, bunlar arasında genetik oxşarlıq $S_J=0.421$ olaraq qeydə alınmışdır.



Şəkil 4.2.1. ISSR praymerləri əsasında giləs genotiplərində genetik qohumluğu əks etdirən dendroqram

Dördüncü klaster 3 genotipdən təşkil olunmuşdur. Burada iki Xaçmazdan və bir Ağdaşdan olan genotiplər qruplaşmışdır. Bunlar arasında genetik məsafə 0.75-0.222 arasında dəyişmişdir. Beşinci klasterdə 3 genotip qruplaşmışdır. Burada iki Qubadan və bir Tərtərdən olan nümunələr yerləşmişdir. Altıncı klaster 4 genotipdən təşkil olunmuşdur. Burada qruplaşmış genotiplər Tərtər rayonundan toplanmışdır. Bu klasterdə qruplaşmış genotiplərin genetik oxşarlığı 0.333-0.875 arasında tərəddüd etmişdir. Genetik olaraq ən uzaq genotiplər 55 (Napoleon) ilə 50 (Qara Öküzürəyi) nömrəli nümunələr olmuşdur ki, bunlar arasında genetik oxşarlıq $S_J=0.333$ olaraq qeydə alınmışdır. Genetik olaraq ən yaxın 51 (Zoğalı) ilə 52 (Çal Kırım) nömrəli genotiplər olmuşdur ki, onlar arasında genetik oxşarlıq $S_J=0.875$ olaraq qeydə alınmışdır.

V FƏSİL. SSR PRAYMERLƏRİ VASİTƏSİLƏ MÜXTƏLİF MƏNŞƏLİ GİLƏS NÜMUNƏLƏRİNİN GENETİK MÜXTƏLİFLİYİNİN QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

5.1. SSR praymerlərlə sintez olunmuş allel sayının və ölçülərinin təyini

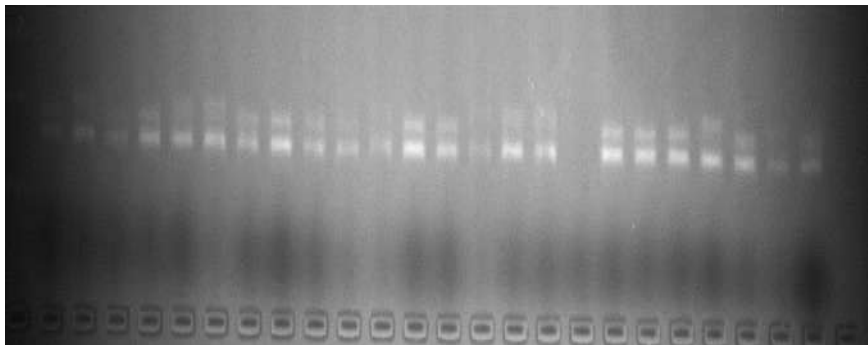
Prunus cinsində SSR praymerlərinin inkişafı 2000-ci ildən bəri davam edir¹⁵. İstifadə olunmuş SSR praymerlər 2015-ci ildə ərik (*Prunus armeniaca* L.) bitkisinin genetik xəritəsinin qurulması üçün təkmilləşdirilmişdir. Beləliklə, 74 gilə nümunəsi arasında genetik müxtəlifliyi qiymətləndirmək üçün, 12 nüvə mikrosatellitlərindən istifadə edilmişdir. Məlumatların toplanmasında və təhlil edilməsində qarşılaşdığımız çətinlikləri aradan qaldırmaq üçün yüksək səmərəliliyinə və avtomatlaşdırılmasına görə flüoresent nişanlı SSR praymerləri

¹⁵ Chen, C. Genome-wide characterization and selection of expressed sequence tag simple sequence repeat primers for optimized marker distribution and reliability in peach / C.Chen, C.Bock, W.Okier [et al.] // Tree Genetics & Genomes, –2014. №10, – p. 1271-1279.

olan kapilyar elektroforezdən istifadə etmək daha məqsədəuyğundur¹⁶.

12 SSR praymer cütü ilə 74 nümunə üçün 54 allel sintez olunmuş, hər bir praymer cütü ilə sintez olunan allellərin sayı 2 (SSR AK 69, AK 123, PaCITA 14B) – 12 (SSR AK 193) arasında dəyişmişdir. SSR AK 193, SSR PaCITA 18, SSR PaCITA 10, SSR pchcms 2, SSR AK 200, SSR pchgms 2 lokusları yüksək allel müxtəlifliyi nümayiş etdirmişdir.

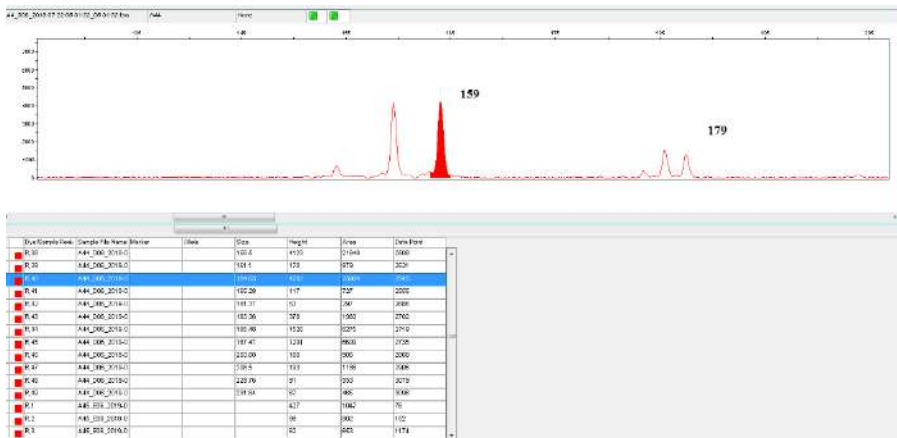
23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45



Şəkil 5.1.1. SSR AK 193 praymer cütü ilə əldə olunmuş bəzi PZR məhsullarının 2%-li aqaroza gelindəki elektroforeqramması

SSR AK 193 praymer cütü ilə əldə olunmuş bəzi PZR məhsullarının 2%-li aqaroza gelindəki elektroforeqramması (şəkil 5.1.1) və kapilyar elektroforezdəki heteroziqot allel görüntüləri (şəkil 5.1.2) verilmişdir.

¹⁶ Chandra, A. Allelic divergence and cultivar-specific SSR alleles revealed by capillary electrophoresis using fluorescence-labeled SSR markers in sugarcane / A.Chandra, M.P.Grisham, Y.B.Pan // - Ontario: Genome, Canadian Science Publishing, - 2014. №57 (6), - p. 363-372.



Şəkil 5.1.2. SSR AK 193 praymeri ilə kapilyar elektroforezdəki heteroziqot allel görüntüsü

5.2. Gilas nümunələrində mikrosatellit lokuslar üzrə genetik variasiyanın qiymətləndirilməsi

Tədqiq olunan kolleksiyada 54 allelin paylanma tezliyi 0.2929-0.9841 arasında dəyişmiş, orta hesabla 0.6385 vahid təşkil etmişdir. Hər bir lokusa düşən allel variabelliyi (2-12) müxtəlif tezlikli lokus-spesifik mutasiyaların olması ilə əlaqədar ola bilər. Apardığımız tədqiqat işində genetik müxtəliflik əmsalları 0.0139-0.9861 arasında dəyişmişdir.

AK 193, PaCITA18, PaCITA 10, pchcms 2, AK 200, pchgms 2 lokusları yüksək allel müxtəlifliyi nümayiş etdirmişdir. Qeyd olunan praymerlərin tədqiq olunan genotiplər üçün daha informativ olması müəyyən edilmişdir. Ən yüksək göstərici SSR AK 193 praymeri ilə amplifikasiya olunmuş lokus (GM=0.8016), ən aşağı göstərici isə SSR AK 123 praymeri üçün (GM=0.0312) qeydə alınmışdır. Bizim tədqiqatlarda bütün lokuslar üzrə polimorfizm informasiya həcmi (PIC) 0.3407 vahid təşkil etmişdir. SSR praymerin polimorfizm göstəricisi allel müxtəlifliyindən əhəmiyyətli dərəcədə asılıdır. Beləliklə, SSR AK 193 praymeri 74 gilə genotipləri üzrə yüksək allel sayı (12 allel) və buna müvafiq olaraq, yüksək GM əmsalı (0.8016) ilə xarakterizə olunduğu halda, SSR AK

123 praymeri ilə 2 allel sintez olunmuş və GM əmsalı da buna müvafiq olaraq 0.0312 vahid təşkil etmişdir. Həmçinin, SSR lokusu üçün əhəmiyyətli parametrlərdən olan gözlənilən heteroziqotluq hesablanmışdır. SSR PaCITA 14A üçün 0.9861 vahid təşkil etmişdir (cədvəl 5.2.1).

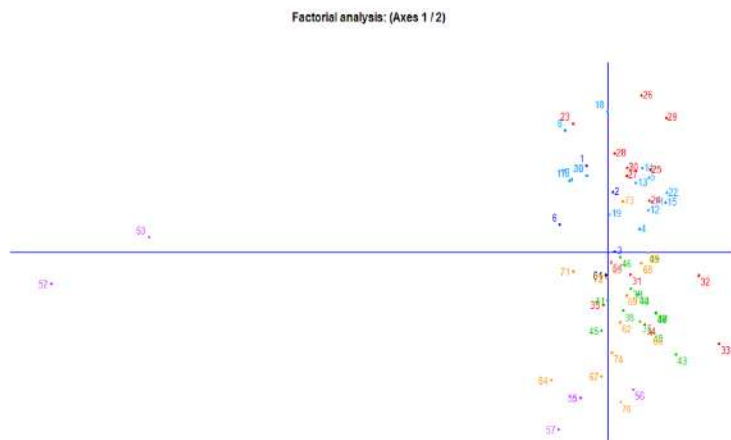
Cədvəl 5.2.1

74 giləs genotipində tədqiq olunmuş 12 mikrosatellit (SSR) praymerlərə görə sintez olunmuş genetik parametrlərdən allel sayı, allel tezlikləri, gözlənilən heteroziqotluq, müşahidə olunan heteroziqotluq, genetik müxtəliflik, polimorfizm informasiya həcmi (PIC)

Praymerlər	Allel tezliyi	Genotip sayı	Müşahidə sayı	Allel sayı	Müşahidə edilən heteroziqotluq	Genetik müxtəliflik	Gözlənilən heteroziqotluq	PIC
PaCITA18	0.4923	7	65	6	0.8784	0.6347	0.8769	0.5721
pchcms2	0.4727	6	55	5	0.7432	0.5893	0.1636	0.5038
AK69	0.9833	2	60	2	0.8108	0.0328	0	0.0322
AK123	0.9841	2	63	2	0.8514	0.0312	0	0.0308
PaCITA10	0.7576	4	66	4	0.8919	0.4008	0	0.3716
PaCITA12	0.9583	5	72	4	0.973	0.0807	0.0556	0.0791
PaCITA14A	0.4931	2	72	3	0.973	0.5136	0.9861	0.3952
PaCITA14B	0.5071	2	70	2	0.9459	0.4999	0.9857	0.3749
AK193	0.2929	22	70	12	0.9459	0.8016	0.7857	0.7753
AK200	0.4914	5	58	6	0.7838	0.5489	0.9483	0.4473
pchgms2	0.5069	6	72	5	0.973	0.5262	0.9167	0.4147
AK178	0.9514	4	72	3	0.973	0.0935	0.0139	0.0909
Ümumi	7.8911	67	795	54	10.7003	5.2214	5.7325	4.0879
Orta qiymət	0.6576	5.5833	66.25	4.5	0.8953	0.3961	0.4777	0.3407

Əsas koordinat analizinin (PCoA) nəticəsinə əsasən koordinat oxunda qırmızı rənglə göstərilən nümunələr Şəki üçün xarakterik olub ümumi variasiyanın çox böyük hissəsini - 21.46%-ni ifadə etmişdir. Quba rayonundan toplanmış olan giləs nümunələri göy rənglə

verilərək 12.06% təşkil etmişdir. Koordinat oxunda narıncı rənglə Xaçmaz rayonundan olan giləs genotipləri göstərilmiş, ümumi dəyişkənliyin 9.9%-ni təşkil etmişdir. Bənövşəyi rənglə Tərtər rayonundan olan nümunələr verilərək variasiyanın 7.13%-ni əhatə etmişdir. Ağdaş rayonundan olan giləs genotipləri 6.2% olaraq qara rənglə göstərilmişdir. 52 və 53 nömrəli genotipləri koordinat müstəvi üzərində digər nümunələrdən çox uzaqda yerləşmişdir. Digər genotiplər isə qrup şəklində səpələnmişlər. Beləliklə, Azərbaycanın müxtəlif eko-coğrafi bölgələrindən olan giləs genotiplərinin koordinat müstəvisi üzərində 2 qrup şəklində səpələnməsi şəkil 5.2.1-də əks edilmişdir.

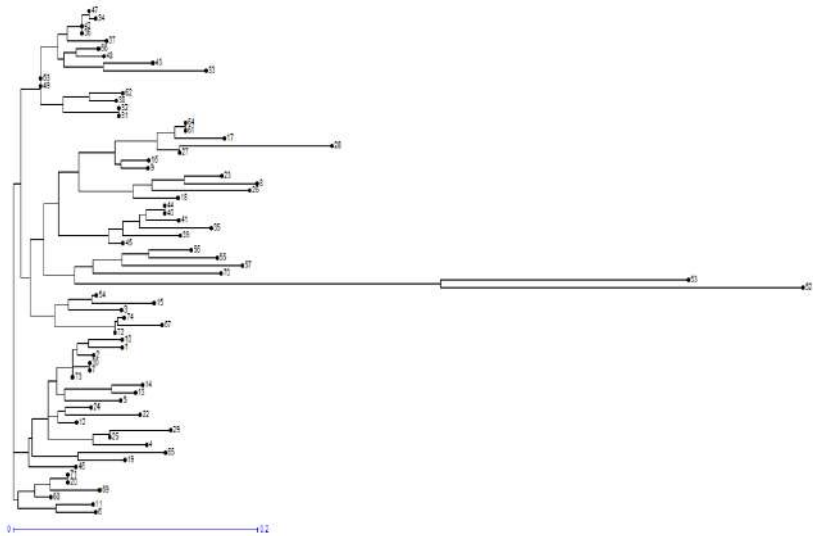


Şəkil 5.2.1. 74 giləs genotipinin koordinat müstəvisi üzrə paylanma xarakteri (scatter plot)

5.3. Giləs nümunələrinin genetik qohumluq dərəcələrinə görə qruplaşdırılması

Giləs nümunələri arasında genetik oxşarlıq əmsalları 0.5-0.7 intervalında dəyişmiş və orta hesabla 0.6 vahid təşkil etmişdir. Genotiplər arasında genetik oxşarlıq indeksini əsas götürməklə, NTSYS klaster analizi ilə tədqiq etdiyimiz giləs nümunələrinin

genetik qohumluq dərəcəsini əks etdirən dendroqram tərtib edilmişdir. Bizim tədqiqatda istifadə edilmiş 12 SSR praymeri Azərbaycanın Quba, Xaçmaz, Şəki, Tərtər və Ağdaş rayonlarından toplanmış genotipləri bir-birindən fərqləndirməyə imkan vermişdir.



Şəkil 5.3.1. 74 giləs nümunəsinin 12 SSR lokusuna görə genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram

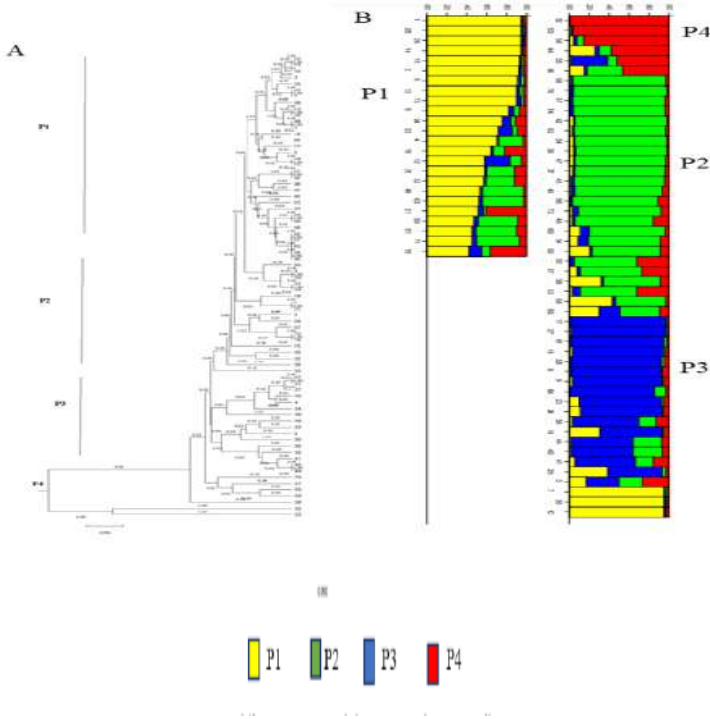
Tərtib edilmiş dendroqram 74 giləs genotipini 4 əsas klasterdə qruplaşdırmışdır (şəkil 5.3.1). Bununla da, 15 subklaster səviyyəsində nümunələrin qruplaşması aydın görünür.

Klaster analizinin nəticəsinə əsaslanaraq qeyd etmək olar ki, klaster səviyyəsində tam olmasa da, subklaster daxilində nümunələrin qruplaşması ilə toplandıqları rayon arasında əlaqənin olduğu müşahidə olunur. Tədqiqatımızda istifadə olunan mikrosatellit praymerlər gələcəkdə də giləs genotiplərinin bir-birindən fərqləndirilməsi üçün istifadə oluna bilər. Dendroqramda izlə olunmuş və müstəqil qrup əmələ gətirmiş, genetik baxımdan çox fərqli formalar aşkar edilmişdir. 2-ci klasterin 3-cü

subklasterində yerləşən tez yetişən Çal Kırım və gec yetişən Öküzürəyi nadir allellərə (159, 180, 162, 145, 352, 464, 154, 268 n.c.) malik olmaqla gələcək seleksiya və genetik tədqiqatlarda əhəmiyyətli sortlar kimi istifadə oluna bilər. Hər bir coğrafi region daxilində genetik cəhətdən bir-birindən uzaq və yaxın olan genotiplər aşkar edilmişdir. Quba rayonundan toplanmış Samba və Sweet Heart sortları eyni qrupda yerləşərək daha yüksək oxşarlıq dərəcəsi göstərmişdir. 4-cü klasterin 1-ci subklasterində yerləşən Alyanaq (Xaçmaz) ilə Kırım (Quba) sortları tam oxşarlıq göstərmişdir. Gilas kolleksiyasında “Alyanaq” və “Kırım” sortlarının eyni nüvə mikrosatellit markerlərinə malik olması onların sinonim nümunələr, yaxud da eyni bir sortun klon formaları olduğunu göstərir.

Tədqiqat işində genetik struktur analizi aparılaraq, K - subpopulyasiyaların sayı 2-6 arasında dəyişmiş, maksimum ΔK dəyəri $K=4$ modelində əldə edilmişdir. Ümumilikdə, PcoA - əsas komponent analizi STRUCTURE analizinin $K=2$, klaster analizinin isə $K=4$ statistik modelinə uyğun gəlmişdir. Nəticədə, Azərbaycan ərazisindən toplanmış giləs nümunələrində populyasiyaların ən çox ehtimal olunan sayı dörd olmuşdur. Gilas genotiplərində dörd populyasiya P1, P2, P3 və P4 olaraq qeydə alınmışdır (şəkil 5.3.2). Paylaşılan allel məsafəsinə əsaslanan UPGMA klasterləri qurularaq, giləs nümunələrinin coğrafi mənşəyə görə yayılması göstərilmişdir. P1 populyasiyasına 33 nümunə aid edilmiş və P1-də qruplaşmış genotiplərin əksəriyyəti (16) UPGMA filogenetik ağacın Şəki bölgəsi üçün xarakterik olmuşdur. STRUCTURE analizi ilə təklif edilən P2 populyasiyası on səkkiz nümunəni özündə birləşdirmişdir. P2-ni nəzərə alsaq, yenə də P1 populyasiyası kimi, əsasən nümunələr coğrafi mənşəyinə və ya toplanma yerlərinə görə qruplaşdırılmamışdır. P3 populyasiyasının on altı genotipi, qısaca olaraq, həm UPGMA filogenetik ağacı, həm də populyasiya daxili strukturu müəyyənləşdirmək məqsədi ilə coğrafi cəhətdən yaxın olan bəzi nümunələri bir araya gətirmiş, eyni zamanda coğrafi cəhətdən fərqli nümunələri də eyni qrupda qruplaşdırmışdır. STRUCTURE analizi P4 populyasiyasının yeddi nümunəsini də dendrogramın aşağı hissəsində birləşdirmişdir. P4 populyasiyasının 7 nümunəsindən beşi Tərtərdən toplanmışdır. Bununla belə, P4 populyasiyasının digər iki

nümunəsi Ağdaş (1 nümunə) və Xaçmaz (1 nümunə) rayonlarından toplanmışdır.



Şəkil 5.3.2. 12 SSR lokusuna əsaslanan 74 giləs genotipinin UPGMA klasterləri (A) və populyasiya daxili strukturunun təhlili (B)

Cari tədqiqat işində aldığımız nəticələr göstərir ki, istifadə edilən SSR praymerlərinin az olması nümunələrin STRUCTURE analizi və UPGMA dendrogramında coğrafi mənşəyinə görə tam ayrılmamışdır.

Beləliklə, biomorfoloji-kəmiyyət əlamətlərinin, SSR və ISSR lokuslarının allel müxtəlifliyinin klaster analizləri, nümunələrin istər

fenotip, istərsə də genom səviyyəsində coğrafi regionlarına uyğun qeyri-divergent olduqlarını göstərmişdir.

NƏTİCƏLƏR

1. İlk dəfə olaraq, tədqiq edilmiş 74 giləs sort və formalarının meyvələrində ümumi şəkərin miqdarının 11.3-26.9% arasında dəyişdiyi aşkar olunmuşdur. Ən yüksək (26.9%) və ən aşağı (11.3 %) şəkərlilik müvafiq surətdə Cır giləs (Xaçmaz) və Kəhrəbə giləs (Şəki) genotiplərində müşahidə edilmişdir.

2. Müxtəlif ekoloji şəraitdə yetişdirilən giləs genotiplərinin 13 biomorfoloji-kəmiyyət göstəricisi üzrə oxşarlığının Evklid məsafə indeksinə görə klaster analizinin nəticələri ən yaxın genotiplərin Qırmızı Mayovka (Şəki), Çəhrayı Napoleon (Tərtər), Ağ Krım (Tərtər) və Ala giləs (Ağdaş), ən uzaq genotiplərin isə Türkiyə mənşəli Samba (Quba) və yerli Cır giləs (Quba) olduğuna dəlalat edir.

3. İlk dəfə olaraq, 8 ISSR praymeri üzrə 74 giləs genotipində ümumilikdə 68 bənd sintez olunmuşdur ki, bunlardan 47-si (69.1%) polimorf, 21-i (30.9) isə monomorf olmuşdur. Lokusa amplifikasiya olunmuş fraqmentlərin sayı 7-10 arasında dəyişmişdir. Ən çox amplikon sayı (10 ədəd) IS 50 və IS 54 praymerləri ilə sintez olunmuşdur. Giləs kolleksiyasında polimorfizm və genetik müxtəlifliyin qiymətləndirilməsi üçün ən effektiv ISSR praymerlərinin UBC 868, IS 50 və IS 37 olduğu müəyyən edilmişdir.

4. Müxtəlif giləs nümunələrinin genetik qohumluğun ISSR praymerləri əsasında qiymətləndirilməsi Samba (Quba) və Ala giləs (Ağdaş) genotiplərinin ən uzaq (genetik oxşarlıq: $S_J=0.006$) sortlar olduğuna dəlalat edir.

5. Ümumilikdə, 12 SSR praymer cütü ilə 74 nümunə üçün 54 allel sintez olunmuş, həmin praymer cütləri ilə sintez olunan allellərin sayı 2 (AK 69, AK 123, PaCITA 14B) – 12 (AK 193) arasında dəyişmişdir. Ən yüksək allel müxtəlifliyi AK 193, PaCITA 18, PaCITA 10, pchcms 2, AK 200, pchgms 2 lokuslarında müşahidə olunmuşdur. Güman olunur ki, tədqiq olunmuş genotiplərin allel

müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsində həmin lokuslardan istifadə daha məqsədəuyğundur.

6. İlk dəfə olaraq, Tərtər rayonundan toplanmış tez yetişən Çal Kırım və gec yetişən Öküzürəyi sortlarında SSR praymerləri üzrə nadir allellərə (159, 180, 162, 145, 352, 464, 154, 268 n.c.) rast gəlinmişdir. Gilas genotipləri arasında mikrosatellit lokuslara görə maksimum genetik müxtəliflik (0.8016) AK 193 praymeri ilə, ən az genetik müxtəliflik (0.0312) isə AK 123 praymeri ilə müşahidə olunmuşdur.

7. İlk dəfə olaraq, giləs bitkisinin 74 sort və formasının pasport deskriptor məlumatları beynəlxalq standartlara əsasən sənədləşdirilərək AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Mərkəzi Məlumat Bazasına (MMB) verilmişdir. Bununla yanaşı, Beynəlxalq Biomüxtəliflik İnstitutunun təsis etdiyi “Deskriptor səhifələri” standartına uyğun 22 əlamətə görə giləs bitkisinin əlamətlər kolleksiyası yaradılmışdır.

TÖVSIYƏLƏR

1. Seçilmiş yüksəkməhsuldar, iri meyvəli, yaxşı görünüşlü, bazarın tələbini ödəyən giləs genotipləri (Samba, Ziraat 0900, Regina, Ramon Oliva, Qara Öküzürəyi, Ağ giləs, Çəhrayı Napoleon) seleksiya proqramlarında yeni sortların yaradılmasında istifadə oluna bilər.

2. Gilas kolleksiyasında polimorfizm və genetik müxtəlifliyin ISSR praymerləri ilə qiymətləndirilməsi üçün UBC 868, IS 50 və IS 37, SSR praymerləri ilə genetik müxtəlifliyin səciyyələndirilməsində isə AK 193, PaCITA 10, PaCITA 18 nüvə mikrosatellitlərinin istifadəsi tövsiyə olunur.

3. Nadir allellərə malik tez yetişən Çal Kırım və gec yetişən Öküzürəyi genotipləri yeni sortların yaxşılaşdırılmasında ilkin material kimi istifadə oluna bilər.

DİSSERTASIYANIN MÖVZUSU ÜZRƏ DƏRC OLUNMUŞ ƏSƏRLƏR

1. Karimova, Kh.I. Study of pomological traits and distribution of cherry (*Prunus avium* L.) in Azerbaijan // Innovation in Biology and Agriculture to Solve Global Challenges «Conference of Young Scientists and Student dedicated to the 90th Anniversary of Academician Jalal A.Aliyev», - Baku: Institute of Molecular Biology and Biotechnologies, Azerbaijan National Academy of Sciences, - 31 October, - 2018, - p. 171.
2. Karimova, Kh.I. The study of some pomological and biomorphological traits of cherry (*Prunus avium* L.) varieties and forms in the Guba and Khachmaz regions // Основные, малораспространенные и нетрадиционные виды растений-от изучения к внедрению (сельскохозяйственные и биологические науки) Материалы III Международной научно-практической конференции (в рамках IV научного форума «Неделя науки в Крутах - 2019», - Украина: Том 1, - 14 марта, - 2019, - с. 159-164.
3. Kərimova, X.İ. Quba-Xaçmaz bölgəsində giləs bitkisinin (*Prunus avium* L.) sort və formalarının pomoloji və biomorfoloji göstəricilərinin tədqiqi // Beynəlxalq elmi konfrans «Müasir təbiət və iqtisad elmlərinin aktual problemləri», - Gəncə: Azərbaycan Respublikası Təhsil Nazirliyi Gəncə Dövlət Universiteti, - 4 aprel - 3 may, 2019, - s. 154-156.
4. Karimova, Kh.I. Gilas bitkisinin (*Prunus avium* L.) sort və formalarının pomoloji və biomorfoloji parametrlərinin tədqiqi // - Bakı: Azərbaycan Milli Elmlər Akademiyası Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri, - 2019. C.VIII, №2, - s. 45-49.
5. Karimova, Kh.I. Pomological variability of the fruit of wild cherry (*Prunus avium* L.) in a part of its natural distribution in Azerbaijan // Modern problems of Genetics, Biotechnology, and Biochemistry of agricultural plants, - Ukraine: Plant Breeding and Genetics Institute-National Center of Seed and Cultivar Investigation, - 21 October, - 2020, - p. 153-154.

6. Karimova, Kh.I. Pomological and phenological characteristics of wild growing species and some sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars // - Baku: Azerbaijan Journal of Botany, Society of Azerbaijan Botanists, - 2020. V. 1, №1(1), - p. 30-35.
7. Керимова, Х.И. Оценка черешни (*Prunus avium* L.) по помологическим и биохимическим показателям в Азербайджанской республике // - Москва: Успехи современного естествознания, - 2020. №11, - с. 13-19.
8. Kərimova, X.İ. SSR markerlərindən istifadə edərək giləs (*Prunus avium* L.) genplazmasının molekulyar xarakteristikası // - Bakı: Pedaqoji Universitetin Xəbərləri (Riyaziyyat və təbiət elmləri seriyası), - 2020. C. 68, №2, - s. 135-145.
9. Karimova, Kh.I. Pomological and Phenological evaluation of different cherry cultivars // - Baku: Proceedings of Research Institute of Crop Husbandry, - 2020. V. 2 (3), №2, - s. 65-71.
10. Kərimova, X.İ. Azərbaycanda yayılmış (*Prunus avium* L.) genotiplərinin müxtəlifliyinin qiymətləndirilməsi // - Bakı: Odlar Yurdu Universitetinin Elmi və Pedaqoji Xəbərləri, - 2020. №56, - s. 245-256.
11. Керимова, Х.И. Ресурсы помологических и специфических молекулярных маркеров для анализа генетического разнообразия черешни (*Prunus avium* L.) // - Baku: Advances in Biology & Earth Sciences, - 2021. V. 6, №1, - p. 63-73.
12. Karimova, Kh.I. Research of farm indicators of sweet cherry (*Prunus avium* L.) plant existed Azerbaijan and determination of genetic diversity by means of ISSR markers // - Indian: International Research Journal of Advanced Engineering and Science, - 2021. V. 6 №3, - p. 238-244.
13. Kərimova, X.İ. Yabanı gilasa (*Prunus avium* L.) aid nümunələrin fenoloji xüsusiyyətləri // X Beynəlxalq elmi konfransın proqramı «Biologiyada elmi nailiyyətlər və çağırışlar» - Bakı: Azərbaycan Respublikasının Təhsil Nazirliyi Bakı Dövlət Universiteti, - 06 may - 07 may, 2021, - s. 168.
14. Керимова, Х.И. Молекулярная характеристика и генетическая связь между сортами черешни (*Prunus avium*

- L.), оцениваемая с помощью маркеров ISSR // - Москва: Успехи современного естествознания, - 2021. №8, - с. 24-28.
15. Karimova, Kh.I. Study of the biodiversity of cherry plants grown in our country // Karabagh 2nd International Congress on Applied Sciences. – Baku: Azerbaijan National Academy of Sciences, - 08 November - 10 November, 2021, - p. 5.
16. Karimova, Kh.I., Akparov, Z.I. Determination of quality indicators of the fruits of the cherry plant (*Prunus avium* L.) grown in the Tartar region of Azerbaijan // - Lankaran: International subtropical and citrus conference, - 08 December - 09 December, - 2022, - p. 49-50.
17. Qurbanov, M.M., Kərimova, X.İ. Gilas genotiplərində klasterosporioz xəstəliyinin yayılma xüsusiyyətləri // Heydər Əliyev və aqrar siyasət mövzusunda elmi-praktik konfrans, - Gəncə: Bitki mühafizəsi və texniki bitkilər Elmi Tədqiqat İnstitutu, - 04 may, 2023, - s. 45-49.

Kh. Karimova

Dissertasiyanın müdafiəsi 5 dekabr 2023-cü il tarixində saat 11⁰⁰-da Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində fəaliyyət göstərən FD 1.37 Dissertasiya şurasının iclasında keçiriləcək.

Ünvan: AZ1106, Bakı şəhəri, Azadlıq pr. 155.

Dissertasiya ilə Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun kitabxanasında tanış olmaq olar.

Dissertasiya və avtoreferatın elektron versiyaları Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun rəsmi internet saytında (<https://www.genres.az>) yerləşdirilmişdir.

Avtoreferat 1 noyabr 2023-cü il tarixində zəruri ünvanlara göndərilmişdir.

Çapa imzalanıb: 01.11.2023

Kağızın formatı: A5

Həcm:38500

Tiraj: 100