

UOT 633.1:631.52:591.54

BƏRK BUĞDA (T. Durum Desf.) GENOTİPLƏRİNİN FİZİKİ VƏ GENETİK XÜSUSİYYƏTLƏRİNİN TƏDQIQI**SEVİL SADIQOVA*, GÜLGƏZ MƏMMƏDOVA, GÜLŞƏN POLADOVA, NƏRGİZ EYYUBOVA***Azərbaycan Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr., 155
sevil_sadigova@mail.ru*

Kənd təsərrüfatında bərk buğdanın genetik ehtiyatları, eləcə də onların yabanı əcdadlarının seleksiya və toxumçuluq proqramlarına daxil edilməsi, respublikamızda ərzaq təhlükəsizliyinin və ətraf mühitin etibarlı mühafizəsinin təmin edilməsində ən mühüm vasitələrdən biridir. Genetik ehtiyatların düzgün, səmərəli istifadəsi onun tükənmə və itmə təhlükəsindən xilas olması üçün çox vacibdir. Onların hərtərəfli-kompleks qiymətləndirilməsi mühüm əlamətlərə malik yeni sortların yaradılmasına, eyni zamanda valideyn formaların seçilməsinə və hibridləşdirmə metodlarının tətbiqinə şərait yaradır. Məqalə Azərbaycan Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun nəzdində olan Milli Genbankda toplanmış bərk buğda kolleksiyasına aid nümunələrin fiziki göstəricilərinin və genetik oxşarlığının öyrənilməsinə həsr olunmuşdur. Tədqiqat zamanı bərk buğdanın 41 nümunəsindən (39 növmüxtəlifliyi, Bərəkətli-95 və st. Qarabağ sortları) istifadə edilmişdir. Məqsəd genotiplərin iqlim şəraitindən asılı olaraq bəzi fiziki xassələrinin kəmiyyət göstəricilərinə görə öyrənilməsi və onların genetik xüsusiyyətlərinə əsasən qohumluq əlaqələrinin təyin edilməsidir. Ümumilikdə nümunələr arasında şüşəvarilik göstəricisi 73-100%, məhsuldarlıq 16,2-88,2s, 1000 dənin kütləsi isə 37,2-69,6 q arasında dəyişmişdir. Tədqiqat nəticəsində nisbətən yüksək göstəricilərə malik olan 3 nümunə seçilmişlər (*v.alboprovensale*, *v.muciense* və *v.melonoleucurum*). Yüksək variasiya əmsali məhsuldarlıq (sent.-lə) göstəricisində müşahidə olunmuşdur(326,14**) ki, bu da genetik müxtəlifliyin yüksək olması kimi qiymətləndirilmişdir. Klaster analizi nəticəsində 41 bərk buğda nümunəsi 5 əsas klasterdə qruplaşdırılmışdır. Nümunələrin genetik oxşarlığı 0,465-dən 0,754-ə qədər dəyişmişdir. Ən böyük klaster 18 nümunəni əhatə edən 4 qrupdan ibarət olmuşdur. Ən yaxın genetik oxşarlıq BBFS-014k-61(*v.courulescens*) və BBFS-019k-40 (Auradur) nümunələrində, ən uzaq genetik oxşarlıq isə BBFS-018k-8 (*v.murciense*) və BBFS-019k-10 (*v.murciense*) nümunələri arasında müşahidə olunmuşdur. Tədqiqatın nəticələri göstərir ki, bərk buğda nümunələri arasında yüksək genetik müxtəliflik mövcuddur. Bu müxtəliflik, seleksiya prosesində yeni rekombinant variantların əldə olunması və texnoloji göstəricilərinin yaxşılaşdırılması üçün əhəmiyyətlidir. Klaster analizi nəticəsində genetik oxşarlığa əsaslanaraq, uğurlu çarpazlaşmalar üçün münasib valideyn formalar identifikasiya edilə bilər.

*Açar sözlər: bərk buğda, genetik müxtəliflik, şəcərə, şüşəvarilik, məhsuldarlıq***GİRİŞ**

Yer kürəsində əhalinin sayının getdikcə artması bəşəriyyətin əsas qida mənbəyi olan çörəyə, yəni dənli taxıl bitkilərinə, xüsusilə, buğdaya olan tələbatının durmadan yüksəlməsi ilə müşayiət olunur. Odur ki, dünyanın qabaqcıl genetik alimləri və seleksiyaçıların qarşısında duran başlıca məsələ bir sıra faydalı və qiymətli təsərrüfat əlamətlərini özündə ehtiva edən yeni intensiv buğda sortları yaratmaqdan ibarətdir. Buna isə genetik materialın yabanı əcdad və qohum cinslərdən buğdaya ötürülməsi yolu ilə nail olmaq olar (Brown, 2021). Azərbaycanın təbii coğrafi mövqeyi və əlverişli torpaq-iqlim şəraiti bir çox taxıl bitkilərinin olduqca zəngin genetik müxtəlifliyinin əmələ gəlməsinə imkan vermişdir. Genetik materialın bir növ və ya cinsdən digərinə introqressiyası artıq xeyli vaxtdır ki, genetik və seleksiya sahəsində çalışan mütəxəssislərin diqqət mərkəzindədir. Məlum olduğu kimi, buğdaya (*Triticum* L.) qohum olan egilops (*Aegilops* L.) və çovdar (*Secale* L.) cinsləri xəstəlik və zərərvericilərə, şaxta və quraqlığa qarşı davamlı olmaqla yanaşı, dənlərinin yüksək zülal tərkibi ilə fərqlənirlər (Atkinson, 2020). Bu cür əlamətlərin buğdaya ötürülməsi məqsədilə indiyədək buğda,

egilops və çovdar müxtəlif kombinasiyalarından ibarət çoxlu sayda *Triticale* (*Secalotricum*), *Aegilotricum*, *Aegilocale* və *Aegilotriticale* nümunələri yaradılmışdır.

Lakin bu nümunələrin əksəriyyətinin dənəri xırda olub, qeyri-şüşəvarıdır. Məhz bu səbəbdən də həmin nümunələrin böyük əksəriyyəti dən keyfiyyətinin yüksəldilməsi məqsədilə yenidən buğda sortları ilə hibridləşməyə cəlb olunurlar. Bunun nəticəsində yadcinsli xromosomlara malik əvəzolunmuş, əlavəolunmuş və translokant xətlər meydana çıxır ki, onlar da bəzi təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətləri buğda sortlarına introqressiya edir (Гаджиев Э.С., Акпаров З.И.).

Buğda insanların qida rasionunun əsasını təşkil etməklə, kənd təsərrüfatının başlıca prioritet bitkilərindən biri olub, Şimal və Cənub yarımkürəsinin əsas zülal və eyni zamanda dünyanın 80-dən çox inkişaf etməkdə olan ölkəsinin fermerlərinin əsas gəlir mənbəyidir (Dexter et all., 1988).

Tədqiqatın məqsədi genotiplərin iqlim şəraitindən asılı olaraq bəzi fiziki xassələrinin kəmiyyət göstəricilərinə görə öyrənilməsi və onların genetik xüsusiyyətlərinə əsasən qohumluq əlaqələrinin təyin edilməsidir.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işi 2022-ci ildə İnstitutun Genbankından götürülmüş, son beş il ərzində yüksək keyfiyyət göstəriciləri öyrənilərək seçilən, Abşeron Elmi Tədqiqat bazasında becərilmiş 39 bərk buğda (*Tr. durum* Desf.) nümunəsi, st. Bərəkətli-95 və Qarabağ sortları üzərində aparılmışdır.

Dənin şüşəvarılığı ilə 1000 dənin kütləsi qəbul edilmiş metodların (DS-10842-64, 10840-64) əsasında öyrənilmişdir (Данильчук П.В., Торжинская Л.Р. 1990)

Məhsuldarlıq aşağıda verilən formul əsasına hesablanmışdır:

$$M = \left(\frac{a}{b} \right) : 10$$

Burada: M –məhsuldarlıq, a- alınan məhsulun miqdarı, b- xətlərarası sahənin ölçüsü

Fiziki xassələrin statistik göstəriciləri SPSS proqram vasitəsilə həyata keçirilmişdir, klaster analizi Ward metoduna əsasən aparılmışdır,

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Aparığımız tədqiqat işində, iqlim şəraitindən asılı olaraq bərk buğda bitkilərinin bəzi fiziki göstəriciləri təyin edilmiş və cədvəldə verilmişdir (Cədvəl 1). Nümunələrin genetik qohumluqlarının klaster analizi aparılmış və dendroqramm formasında verilmişdir (Şəkil1).

Cədvəldən də göründüyü kimi №5 (*v.alboprovinsale*), №10 (*v.murciense*) və №21 (*v.melanoleucurum*) nümunələr fiziki göstəricilərinə görə daha yüksək olmuşlar (cədvəl 1)

Öyrənilmiş və üstün göstəricilərə malik nümunələr seçilərək gələcək seleksiyada və genetik analizlərin aparılmasında iştirak üçün Genbanka təqdim edilmişdir.

Cədvəl 1.

Bərk buğda nümunələrinin fiziki göstəriciləri (2023)

Sıra №-si	Nümunələrin adları	Növmüxtəliflikləri	Şəcərəsi	Fiziki göstəricilər		
				Şüşəvarilik %	1000 dənin kütləsi qr-la	Məhsuldarlıq sent
1	BBFS- 016k-11	<i>v. leucomelan</i>	<i>leucurum x leucomelan</i>	97	40.0	51.4
2	BBFS- 016k-11	<i>v. hordeiforme</i>	<i>tur.dresh x milturum</i>	98	54.8	16.2

3	BBFS- 016k-49	<i>v.niloticum</i>	<i>qraecum x nilutcum</i>	83	54.4	19.2
4	BBFS- 016k-50	<i>v.obscurum</i>	<i>Bezostaya1 x lyubicum</i>	88	47.2	29.4
5	BBFS- 016k-63	<i>v.alboprovinsale</i>		99	51.6	73.5
6	St.Qarabağ			84	42.0	38.2
7	St.Bərəkətli-95			94	52.0	66.2
8	BBFS- 017k-5	<i>v. hordeiforme</i>		98	46.0	41.2
9	BBFS- 017k-62	<i>v.affine</i>		97	52.8	68.4
10	BBFS- 017k-64	<i>v.murciense</i>		99	64.8	61.8
11	BBFS- 017k-76	<i>v.melanopus</i>		84	57.2	67.6
12	BBFS- 017k-83	<i>v.aegepteacum</i>		96	69.6	72.1
13	BBFS- 018k-8	<i>v.murciense</i>		98	48.8	36.8
14	BBFS- 018k-14	<i>v.obscurum</i>		85	42.8	61.8
15	BBFS- 018k-26	<i>v.niloticum</i>		96	44.4	27.9
16	BBFS- 018k-64	<i>v.melanopus</i>		100	49.6	30.1
17	BBFS- 018k-73	<i>v.mut.apulicum</i>		98	46.0	16.2
18	BBFS- 019k-39	<i>v.lyubicum</i>	<i>Azəri x courlessens</i>	92	55.2	29.4
19	BBFS- 019k-33	<i>v.alboprovinsale</i>		96	51.2	41.2
20	BBFS- 019k-38	<i>v.aegepteacum</i>	<i>Bezostaya1 x niloticum</i>	100	49.6	39.7
21	BBFS- 019k-40	<i>v.melanoleucuru</i>	<i>albidum x lyubicum</i>	100	58.8	69.8
22	BBFS- 019k-42	<i>v.affine</i>	<i>leucomelan x affine</i>	99	54.0	58.8
23	BBFS- 019k-90	<i>v.murciense</i>	<i>Sarı buğda x Gürgənə</i>	100	42.0	39.7
24	BBFS- 019k-10	<i>v.murciense</i>	<i>lyubicum x Sarı buğda</i>	100	51.6	29.4
25	BBFS-019k-44	<i>v.murciense</i>	<i>Bezostaya 1 x lyubicum</i>	100	44.0	38.2
26	BBFS- 019k-4	<i>v.melanopus</i>	<i>melanopus x apulicum</i>	100	37.2	36.7
27	BBFS- 019k-103	<i>v.erytromelan</i>	<i>erythromelan x şiraslan</i>	98	44.4	32.4
28	BBFS- 019k-73	<i>v.mut.hordeiform</i>	<i>leucurum x Sevinc</i>	91	47.2	51.5
29	BBFS- 019k-23	<i>v. leucomelan</i>	<i>Maya x melanapus x hor</i>	100	54.0	55.9
30	BBFS- 014k-12	<i>v. hordeiforme</i>	<i>tr.turg.dres x merediona</i>	98	56.0	54.4
31	BBFS- 014k-43	<i>v.erytromelan</i>	<i>Abşeron təbii hibrid</i>	73	63.2	51.5
32	BBFS- 014k-61	<i>v.courulescens</i>	<i>tr.dreş. x apulicum</i>	100	58.0	50.7

33	BBFS- 014k-148	<i>v.melanopus</i>	<i>leucurum x murciense</i>	98	48.4	47.0
34	BBFS- 014k-149	<i>v.mut. melanopus</i>	<i>leucurum x murciense</i>	86	58.0	54.4
35	BBFS- 014k-199	<i>v. leucomelan</i>	Bərəkətli 95 x <i>leucomelan</i>	95	57.2	26.4
36	BBFS- 014k-183	<i>v.albo provinsalis</i>	<i>boeffi x qreacum</i>	99	42.4	51.5
37	BBFS- 014k-194	<i>v.courulescens</i>	<i>nilotucum x leucurum</i>	99	46.9	33.0
38	290/22			92	57.6	77.9
39	267/22			94	58.0	20.5
40	274/22			81	52.4	88.2
41	162/22			90	52.0	35.3

41 nümunənin fiziki xassələrindən şüşəvarilik göstəricisinin 73-100%, məhsuldarlıq göstəricisinin 16,2-88,2 s, 1000 dənin kütləsinin isə 37,2-69,6 qr arasında tərəddüd etdiyi aydın olur. Yüksək variasiya əmsalı məhsuldarlıq (326,14**) göstəricisində müşahidə edilirki, bu da genetik müxtəlifliyin yüksək olması kimi qiymətləndirilmişdir (Cədvəl 2).

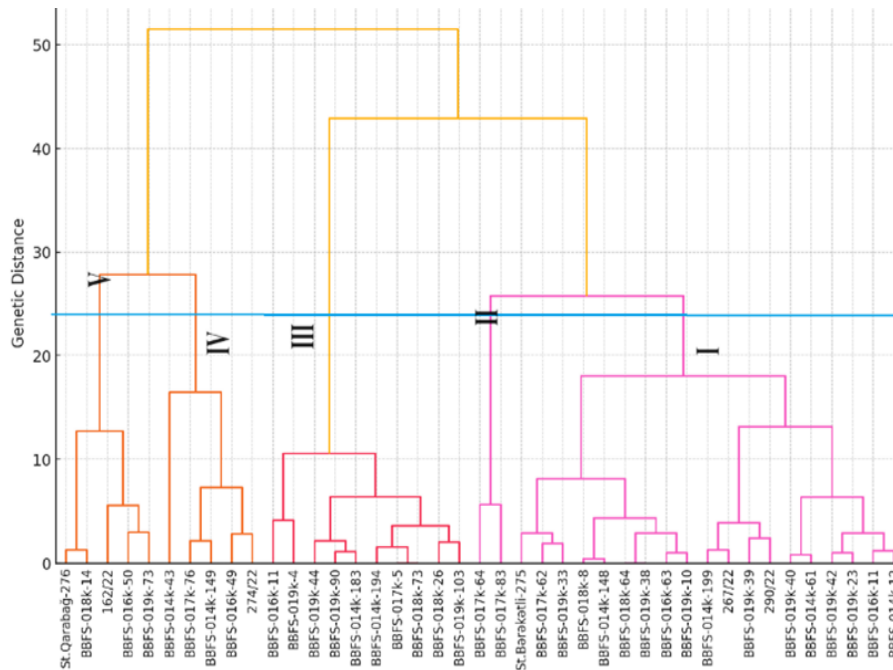
Cədvəl 2.

Öyrənilən fiziki xassələrin statistik göstəriciləri

Əlamətlər	Max.	Min.	Orta qiymət	Variasiya
Şüşəvarilik, %	100,0	73,0	94,51	6,95
Məhsuldarlıq, sent.	88,2	16,2	46,13	326,14**
1000 dənin kütləsi, qr	69,6	37,2	51,30	13,66*

Məhsuldarlıq poligen əlamət olmaqla, çoxsaylı genlərlə idarə olunur. Belə əlamətlərin seleksiyası monogen əlamətlərlə müqayisədə daha mürəkkəbdir. Məhsuldarlığa çoxsaylı genlərin təsiri ilə yanaşı, mühitin və genotiplə mühitin qarşılıqlı təsirləri də böyükdür (Atkinson, 2020).

Bərk buğdalar arasındakı genetik məsafənin klaster analizi Ward metodu əsasında tədqiq edilmiş (Yılmaz et al., 2022) və nümunələrin genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram tərtib edilmişdir. Dendroqramda 41 bərk buğda nümunəsi 5 əsas klasterdə qruplaşmışdır (Şəkil 1). Bunlar da, öz növbəsində, qruplar və yarımqruplardan ibarət olmuşdur. Nümunələrin çoxu I klasterdə (18 nümunə), ən azı isə II klasterdə (2 nümunə) yer almışdır. Klaster daxilində genetik oxşarlığın (GO) ən aşağı göstəricisi 0,465 olmaqla I klasterdə və ən yuxarı GO isə 0,754 olmaqla V klasterdə qeydə alınmışdır.



Şəkil 1. Bərk buğda nümunələrinin genetik qohumluğunu əks etdirən dendroqram

I klaster ən böyük qrup olmaqla, 18 nümunəni əhatə edən 4 qrupdan (1a, 1b, 1c və 1d) ibarət olmuşdur. 18 nümunə arasında genetik oxşarlıq əmsalı 0,96 -0,563 intervalında dəyişmiş, orta GO əmsalı 0,696 vahid təşkil etmişdir. 1a qrupunda 6 nümunə (BBFS-014k-12, BBFS-016k-11, BBFS-019k-23, BBFS-019k-42, BBFS-014k-61, BBFS-019k-40) qruplaşmışdır ki, bu da ümumi materialın 15 %-ini təşkil edir. Qrup daxilində genetik oxşarlıq 0,823 – 0,947 arasında dəyişmişdir. Ən yaxın oxşarlıq BBFS-014k-61 və BBFS-019k-40 nümunələrində müşahidə olunmuşdur (GO=0,947). Onlar şüşəvarilik və 1000 dənin kütləsinə görə çox yaxın olmuşlar. BBFS-019k-40 nümunəsi ilə BBFS-014k-12 nümunəsi ən uzaq qohumluğa malik olmuş və burada genetik oxşarlıq 0,500 vahid təşkil etmişdir. Ümumilikdə qrup daxilində genetik oxşarlıq əmsalının orta qiyməti 0,567 olmuşdur.

1b qrupunda 4 nümunə: BBFS- 014k-199, BBFS- 019k-39, 267/22, 290/22, qruplaşmışdır (GO = 0,684).

1c qrupu 6 nümunədən ibarət olmuşdur. Bu nümunələr ümumi materialın 12 %-ini təşkil edir. Qrup daxilində genetik oxşarlıq 0,600- 0,919 arasında dəyişmişdir. Ən yaxın oxşarlıq BBFS-018k-8 və BBFS-014k-148 nümunələrində müşahidə edilmişdir. Burada genetik oxşarlıq əmsalı 0,919 vahid təşkil etmişdir. BBFS-018k-8 nümunəsi ilə BBFS-019k-10 nümunəsi arasında ən uzaq genetik oxşarlıq müşahidə olunur, genetik oxşarlıq isə 0,600 vahid təşkil etmişdir. Ümumilikdə qrup daxilində genetik oxşarlıq əmsalının orta qiyməti 0,699 olmuşdur.

1d qrupunda 3 nümunə St.Bərkətli-95, BBFS-017k-62, BBFS-019k-33 yer almışdır. Bunlar ümumi materialın 7%-ini təşkil etmişdir. Qrup daxilində genetik oxşarlıq 0,605 – 0,903 arasında variasiyalaşmışdır. Ən yaxın genetik oxşarlıq BBFS-017k-62 və BBFS-019k-33 nümunələrdə müşahidə olunmuşdur (GO=0,903). St.Bərkətli-95 və BBFS-019k-33 nümunəsi arasında ən uzaq genetik oxşarlıq (GO=0,579) qeydə alınmışdır. Ümumilikdə qrup daxilində genetik oxşarlıq əmsalının orta qiyməti 0,67-yə bərabər olmuşdur.

II klaster 2 nümunədən - BBFS-019k-64 və BBFS-017k-83 ibarətdir ki, onlar arasında genetik oxşarlıq əmsalı 0,645 – 0,958 arasında dəyişmiş, orta GO əmsalı 0,754 vahid təşkil etmişdir.

III klaster 9 nümunəni əhatə edən 3 (3a, 3b, 3c) qrupdan təşkil olunmuşdur. 9 nümunə arasında genetik oxşarlıq əmsalı 0,563-0,96 intervalında dəyişmiş, orta GO əmsalı 0,696 vahid təşkil etmişdir. 3a qrupunda 4 nümunə qruplaşmışdır (BBFS- 017k-5, BBFS- 019k-73, BBFS- 019k-103, BBFS-018k-26) nümunələrdir. Bunlar da ümumi materialın 9,7 %-ini təşkil edir. 3b qrupunda BBFS-019k-44,

BBFS- 019k-90, BBFS-014k-183 nümunələrini müşahidə edirik. Ən yaxın genetik oxşarlıq BBFS-019k-90 və BBFS- 014k-183 nümunələrində müşahidə olunmuşdur ($GO=0,903$). BBFS-019k-44 və BBFS- 014k-183 nümunələri arasında ən uzaq genetik oxşarlıq ($GO=0,579$) qeydə alınmışdır. Ümumilikdə qrup daxilində genetik oxşarlıq əmsalının orta qiyməti 0,67-yə bərabər olmuşdur.

IV klaster 5 nümunədən və 2 qrupdan təşkil olunmuşdur. 5 nümunə arasında genetik oxşarlıq əmsalı 0,550 – 0,900 arasında dəyişmiş, orta GO əmsalı 0,732 vahid təşkil etmişdir. 4a qrupu 4 nümunədən: BBFS-017k-76, BBFS-014k-149, BBFS-016k-49, 274/22 ibarətdir. Ən yaxın genetik oxşarlıq BBFS-017k-76 və BBFS-014k-149, ən uzaq genetik oxşarlıq isə BBFS-017k-76 və 274/22 nümunələri arasında olmuşdur. 4b qrupuna yalnız bir BBFS-014k-43 nümunəsi aid olmuşdur.

V klaster 5 nümunədən və 2 qrupdan ibarətdir. 5 nümunə arasında genetik oxşarlıq əmsalı 0,514-0,853 intervalında dəyişmiş, orta GO əmsalı 0,665 vahid təşkil etmişdir. 1-ci qrupda 3, 2-ci qrupda 2 nümunə - St.Qarabağ, BBFS-018k-14, 162/22, BBFS-016k-50, BBFS-019k-73 qruplaşmışdır. Bu nümunələr ümumi materialın 12 %-ni təşkil etmişdir. Qrup daxilində genetik oxşarlıq 0,571 və 0,853 arasında dəyişmişdir. Ən yaxın genetik oxşarlıq St.Qarabağ və BBFS-018k-14 nümunələrində müşahidə olunmuşdur ($GO=0,885$), ən aşağı genetik oxşarlıq da St.Qarabağ və BBFS-019k-73 nümunələrində olmuşdur və burada genetik oxşarlıq 0,571 vahid təşkil etmişdir. Ümumilikdə qrup daxilində genetik oxşarlıq əmsalının orta qiyməti 0,663 olmuşdur.

NƏTİCƏLƏR

Tədqiqatın nəticələrindən göründüyü kimi, BBFS-018k-8 (*v.murciense*) və BBFS-019k-10 (*v.murciense*) nümunələri yüksək genetik müxtəlifliyə malik olmuşdur. Genetik müxtəlifliyin artırılmasında, yeni rekombinant variantların əldə olunmasında, kəmiyyət və keyfiyyət göstəricilərinin yaxşılaşdırılmasında bu nümunələrdən istifadə etmək olar. Həmçinin, nəzərə almaq lazımdır ki, iki uzaq genotipin çarpazlaşdırılması heterozis effektinin əmələ gəlməsinə səbəb olduğundan, yeni xüsusiyyətlərə malik nəsilərin yaranması ilə nəticələnə bilər.

ƏDƏBİYYAT

- Данильчук П.В., Торжинская Л.Р. Оценка качества зерна в хозяйствах и на хлебоприемных предприятиях. Киев: Урожай, 1990, 174 с. [Danilchuk P.V., Torzhinskaya L.R. Grain quality assessment in farms and grain receiving enterprises. Kyiv: Urozhai, 1990, 174 p. (in Russian)]
- Atkinson, H. Genetic Diversity in Wheat: A Study on Durum Varieties. Journal of Agronomy, 2020, 12(3), 345-358.
- Brown, L. & Smith, J. Inheritance Patterns in Wheat Under Varying Environmental Conditions. Plant Genetics Review, 2021, 14(2), 225-238.
- Dexter, J.E., Williams P.C., Edwards N.M., and Martin D.G. The relationships between durum wheat vitreousness, kernel hardness and processing quality. Journal of Cereal Science, 1988, 7:169-181.
- Hajiyev, E.S., Akparov, Z.I., Aliyev, R.T. et al. Genetic polymorphism of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) accessions of Azerbaijan. Russ J Genet 51, 863–870 (2015).
- Yılmaz, D. et al. Cluster Analysis of Durum Wheat Genotypes. International Journal of Plant Biology, 2022, 15(1), 120-133.

ИССЛЕДОВАНИЯ ФИЗИЧЕСКИХ И ГЕНЕТИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ГЕНОТИПОВ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ (*T. Durum* Desf.)

Севи́ль Сады́гова*, Гюльгаз Мамедова, Гюльшан Поладова, Наргиз Эюбова

Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования Азербайджанской Республики

Генетические ресурсы твёрдой пшеницы и их дикие сородичи являются одними из важнейших инструментов для обеспечения устойчивого развития, продовольственной безопасности и надёжной

защиты окружающей среды. Правильное и эффективное использование генетических ресурсов имеет решающее значение для их спасения от угрозы истощения и утраты. Их комплексная оценка позволяет создавать новые сорта с важными признаками, выбирать родительские формы и применять методы гибридизации. В статье изложены результаты исследования физических показателей и установление генетического сходства (или родства) генотипов твердой пшеницы (*T. Durum* Desf.) коллекции Генбанка Института генетических ресурсов Министерства Науки и Образования Азербайджанской Республики.

К исследованию были привлечены 41 образцов твердой пшеницы (39 разновидности и как стандарт сорта Баракатли -95, Карабах). Целью исследования являлось изучение физических свойств зерна по некоторым показателям и установление генетического сходства (родства) генотипов в зависимости от почвенно-климатических условий. 37,2-69,6 q. По итогам результатов анализа выбраны три образца (*v.alboprovencale*, *v.muciense* və *v.melonoleucurum*). с высокими физическими показателями. Высокий коэффициент вариации наблюдался в показателях урожайности (ц) и массы 1000 зёрен, что оценивалось как высокое генетическое разнообразие. В результате кластерного анализа 41 образцов твердой пшеницы был сгруппирован в 5 основных кластеров. Генетическое сходство образцов варьировало от 0,465 до 0,754. Наибольший кластер состоял из 18 образцов, разделённых на 4 группы. Ближайшее генетическое сходство наблюдалось между образцами BBFS-014k-61 (*v.courulescens*) и BBFS-019k-40 (*Auradur*), а самое отдалённое генетическое сходство - между образцами BBFS-018k-8 (*v.murciense*) и BBFS-019k-10 (*v.murciense*). Результаты исследования показывают, что среди образцов твердой пшеницы существует высокое генетическое разнообразие. Это разнообразие имеет важное значение для получения новых рекомбинантных вариантов в процессе селекции и для улучшения технологических признаков. На основе генетического сходства, выявленного с помощью кластерного анализа, можно идентифицировать подходящие родительские формы для успешных скрещиваний.

Ключевые слова: твердая пшеница, генетическое разнообразие, родословная, стекловидность, продуктивность.

STUDIES OF PHYSICAL AND GENETIC PROPERTIES OF DURUM WHEAT GENOTYPES (*T. Durum* Desf.)

Sevil Sadigova*, Gulgaz Mammedova, Gulshan Poladova, Nargiz Eyyubova

Genetic Resources Institute? Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

The genetic resources of durum wheat and their wild relatives are among the most important tools for ensuring sustainable development, food security and reliable protection of the environment. Correct and effective use of genetic resources is crucial for saving them from the threat of depletion and loss. Their comprehensive assessment allows creating new varieties with important traits, selecting parental forms and applying hybridization methods. The article presents the results of a study of physical indicators and establishing the genetic similarity (or relationship) of durum wheat genotypes (*T. Durum* Desf.) from the Genbank collection of the Genetic Resources Institute of the Ministry Science and Education of the Azerbaijan Republic.

41 samples of durum wheat (39 varieties and the standard variety Barakatli-95, Karabakh) were involved in the study. The aim of the study was to study the physical properties of grain for some indicators and establish the genetic similarity (relationship) of genotypes depending on soil and climatic conditions. 37.2-69.6 q. Based on the results of the analysis, three samples (*v.alboprovencale*, *v.muciense* and *v.melonoleucurum*) with high physical indicators were selected. A high variation coefficient was observed in the yield (c) and 1000-grain weight indicators, which was assessed as high genetic diversity. As a result of cluster analysis, 41 samples of durum wheat were grouped into 5 main clusters. The genetic similarity of the samples varied from 0.465 to 0.754. The largest cluster consisted of 18 samples divided into 4 groups. The closest genetic similarity was observed between the samples BBFS-014k-61 (*v.courulescens*) and BBFS-019k-40 (*Auradur*), and the most distant genetic similarity was between the samples BBFS-018k-8 (*v.murciense*) and BBFS-019k-10 (*v.murciense*). The results of the study show that there is a high genetic diversity among the durum wheat samples. This diversity is

important for obtaining new recombinant variants in the breeding process and for improving technological traits. Based on the genetic similarity revealed by cluster analysis, it is possible to identify suitable parental forms for successful crossings.

Keywords: durum wheat, genetic diversity, pedigree, vitreousness, productivity

Çapa təqdim etmişdir: redaktor Hamlet Sadıqov, b.e.d., dosent

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 29.07.2024

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 11.08.2024

Çapa qəbul edilmə tarixi: 11.09.2024