



ISSN 2223-5817 (print)
ISSN 2790-7988 (on-line)

**Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik
Ehtiyatlar İnstitutunun**

ELMİ ƏSƏRLƏRİ

CİLD XV

№1

PROCEEDINGS

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

VOLUME XV

№1

BAKI – 2026 – BAKU

AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi əsərləri Elmi Şuranın qərarı ilə (16 iyun 2026-cı il, 2 nömrəli protokol) nəşr olunmuşdur.

REDAKSİYA HEYƏTİ

Baş redaktor:

Zeynal İba oğlu Əkrərov, AMEA-nın müxbir üzvü, a.e.d, professor (Genetik Ehtiyatlar İnstitutu (GEİ), Bakı, Azərbaycan; Genetika, Seleksiya və toxumçuluq, Bioloji ehtiyatlar)

Baş redaktorun müavini:

Məsul katib:

Natavan Sabir qızı Kələntərova, b.ü.f.d. (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika, Məlumat bazası)

BIOLOJİ EHTİYATLAR və SELEKSİYA | BIOLOGICAL RESOURCES and BREEDING

Saleh Heydər oğlu Məhərrəmov (**redaktor**) AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d., professor (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Heyvan genetikası)

Aydın Musa oğlu Əsgərov, b.e.d., professor (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Bioloji ehtiyatlar, Botanika)

Cəbrayıl Təzəxan oğlu Ağayev, a.e.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Bioloji ehtiyatlar)

Sevinc Əmir qızı Məmmədova, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Bioloji ehtiyatlar, Genetika)

Xanbala Nəriman oğlu Rüstəmov, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Seleksiya)

Abidin Məhərrəmli oğlu Abdullayev, a.e.ü.f.d., dosent (ƏETİ, GEİ, Bakı, Azərbaycan; Seleksiya)

Sabir Ramazan oğlu Həsənov, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Tərəvəz bitkilərinin seleksiyası)

Afiq Tofiq oğlu Məmmədov, a.e.ü.f.d., dosent (BTEB, Bakı, Azərbaycan; Bioloji ehtiyatlar)

Cavid Mətləb Ocaqi, b.ü.f.d., dosent (Xəzər Universiteti, Bakı, Azərbaycan; Bioloji ehtiyatlar, Genetika)

Kahraman Gurcan, PhD, assoc. professor (Erciyes Universiteti, Kayseri, Türkiyə; Genetika, Seleksiya)

Taner Akar, PhD, professor (Akdeniz Universiteti, Antalya, Türkiyə; Seleksiya)

GENETİKA və GENOMİKA | GENETICS and GENOMICS

İlham Əyyub oğlu Şahmuradov (**redaktor**) AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d. (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika; Bioinformatika)

Ramiz Tağı oğlu Əliyev, b.e.d., professor (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika)

Kamilə Əliqızı Əliyeva, b.e.d., professor (BDU, Bakı, Azərbaycan; İnsan genetikası)

Afət Dadaş-Şaraplı qızı Məmmədova, b.e.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika)

Ruhəngiz Bəxtiyar qızı Məmmədova, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika)

Səbinə Pərvin qızı Mehdiyeva, b.ü.f.d. (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Sitogenetika və Genomika)

Sevda Maşalla qızı Babayeva, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika və Genomika)

Orxan Nəriman oğlu Mustafayev, b.ü.f.d. (GEİ, BDU, Bakı, Azərbaycan; Bioinformatika)

Orxan Rasim oğlu İsayev, t.ü.f.d., dosent (ATU, Bakı, Azərbaycan; Molekulyar genetikə, İnsan genetikası)

Bayram İlham oğlu Bayramov, t.ü.f.d. (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Molekulyar genetikə, İnsan genetikası)

Seyid Abolghasem Mohammadi, PhD, professor (Təbriz Universiteti, İran; Genomika)

Aladdin Hamwiah, PhD, professor (ICARDA, Qahirə, Misir; Genomika)

BIOKİMYA və FİZİOLOGİYA | BIOCHEMISTRY and PHYSIOLOGY

Hamlet Bəykişi oğlu Sadıqov (**redaktor**) b.e.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika, Biokimya)
Qətibə Musa qızı Həsənova, a.e.d., dosent (ƏETİ, Bakı, Azərbaycan; Texnologiya, Seleksiya və toxumçuluq)

Sevinc Mehti qızı Məmmədova, b.ü.f.d., dosent (ƏETİ, Bakı, Azərbaycan; Seleksiya və toxumçuluq, Bioloji ehtiyatlar, Bitki fiziologiyası)

Tərlan Həzarpaşa oğlu Məmmədov, AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d., professor (Akdeniz Universiteti, Antalya, Türkiyə; Biokimya)

Elçin Saday oğlu Hacıyev, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; İmmunogenetika)

Əkbər Yaşar oğlu Kərimov, b.ü.f.d., dosent (GEİ, Bakı, Azərbaycan; Genetika, Biokimya)

Pərviz Ülkər oğlu Fətullayev, b.ü.f.d., dosent (AMEA-nın Naxçıvan Bölməsi, Bioresurslar İnstitutu, Azərbaycan; Seleksiya və toxumçuluq)

Anar Sahib oğlu Qocayev, b.ü.f.d. (ADA universiteti, Bakı, Azərbaycan; Biokimya)

Ram Çandra Şarma, PhD, professor (Tribhuvan Universiteti, Nepal; Bitki fiziologiyası)

Yaroslav Boris Blume, UMEA-nın həqiqi üzvü, b.e.d. (Qida biotexnologiyası və Genomikası İnstitutu, Ukrayna; Genetika, Seleksiya)

Texniki köməkçilər | Technical assistants

Lətifə Sabir qızı Həsənova

Əminə Mərfət qızı Rəkidə

MÜNDƏRİCAT | CONTENT

BİOLOJİ EHTİYATLAR və SELEKSİYA | BIOLOGICAL RESOURCES and BREEDING

Nərgiz Siraclı, Zeynal Əkpərov, Sevinc Nuriyeva. YUMŞAQ BUĞDA(*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLƏRİNDƏ BİOMORFOLOJİ VƏ FİTOPATOLOJİ GÖSTƏRİCİLƏRİN QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ..... 6

Almas Əsədova. ƏKİN LƏRGƏSİ (*Lathyrus sativus* L.) GENOTİPLƏRİNDƏ MƏHSULDARLIĞIN STRUKTUR ELEMENTLƏRİ İLƏ ƏLAQƏSİ..... 14

Sabir Həsənov, Sevinc Məmmədova. ABŞERON ŞƏRAİTİNDƏ ŞİRİN BİBƏRİN (*Capsicum annuum* L.) MƏHSULDARLIĞININ VƏ KEYFİYYƏTİNİN YÜKSƏLDİLMƏSİ..... 25

Babək Şahmərəd Məğhanloo, Zeynal Akparov, Sabir Həsənov. EVALUATION OF EGGPLANT (*Solanum melongena* L.) VARIETIES AND VARIETY FORMS DISTRIBUTED IN AZERBAIJAN BASED ON PHENOTYPIC AND AGRONOMICALLY IMPORTANT TRAITS..... 34

Kharibul Azizkhanli. BIOECOLOGICAL CHARACTERISTICS AND EFFICIENT UTILIZATION OF WILD SPECIES OF THE SAINFOIN GENUS (*Onobrychis* Mill.)..... 41

Samirə Bağırova, Leyla Cavadova, Lalə Nəsirli, Cəmalə Ağayeva, Arzu Axundova, Lalə Cəlilova, Aynurə İbrahimova. ABŞERON ŞƏRAİTİNDƏ *RUSPOLIA SETICALYX* (C.B. Clarke) Milne-Redh.NÖVÜNÜN ONTOGENEZ XÜSUSİYYƏTLƏRİ VƏ ÇOXALDILMASI..... 50

Cəsərət Şabanov, Samir Mahmudov, Gülarə Seyidova, Yeganə Məmmədova, Musa Məmmədov, Ruhıyyə Qurbanova, Sevdə Sadıxova, Sahib Cəfərov. QLOBAL İQLİM DƏYİŞİKLİYİ ŞƏRAİTİNDƏ BAL ARILARININ MƏHSULDARLIQ VƏ KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİ..... 58

Saleh Məhərrəmov, Gülarə Seyidova, Arzu Mirzəyeva. İRİ BUYNUZLU HEYVANLARIN BƏZİ ANOMALİYALARI VƏ XƏSTƏLİKLƏRİNİN ETİOLOGİYASINDA SELEKSİON–GENETİK VƏ EKOLOJİ AMİLLƏRİN ROLU..... 68

İsmayıl Məcidli, Əminə Rəkidə. ÇƏYİRDƏKLİ MEYVƏ BİTKİLƏRİNİN FİTOPATOLOJİ TƏDQIQI..... 75

Nuri Humay. KARTOF (*Solanum tuberosum* L.) NÜMUNƏLƏRİNDƏ GÖBƏLƏK XƏSTƏLİKLƏRİNİN YERÜSTÜ QURU BİOKÜTLƏYƏ TƏSİRİNİN ÖYRƏNİLMƏSİ..... 82

Nardan Sadıqova. HƏŞƏRATLARIN BİTKİLƏRDƏ SƏBƏB OLDUĞU PATOLOGİYALAR..... 89

GENETİKA və GENOMİKA | GENETICS and GENOMICS

Aysel Əliyeva, Lalə Məmmədova, Fidan Yusifova, Əminə Abduləzimova, Azadə Şahmuradova, İlham Şahmuradov. EUKARIOTLARDA XİMER RNT VƏ ZÜLALLAR..... 97

Aytaj Nəbiyeva. RNA POLYMERASE II PROMOTER-PROXIMAL PAUSING: MOLECULAR MECHANISMS OF DSIF–NELF–MEDIATED CONTROL OF EARLY ELONGATION..... 105

Зумруд Сафарзаде. ПРИМЕНЕНИЕ NGS И MLPA ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ

ПАТОГЕННЫХ ВАРИАНТОВ BRCA1/2 У АЗЕРБАЙДЖАНСКИХ ПАЦИЕНТОК С
РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ..... 115

BİOKİMYA və FİZİOLOGİYA | BIOCHEMISTRY and PHYSIOLOGY

**Hamlet Sadıqov, Əkbər Kərimov, Sevil Sadıqova, Gülgəz Məmmədova, Günel
Tahirova. MÜXTƏLİF BƏRK BUĞDA NÜMUNƏLƏRİNİN DƏNLƏRİNDƏ
QLİADİNKODLAŞDIRAN LOKUSLARIN ALLELLƏRİNİN RASTGƏLMƏ
TEZLİYİNƏ GÖRƏ QİYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ..... 125**

**Hamlet Sadıqov, Gülgəz Məmmədova, Sevil Sadıqova. STUDY OF TECHNOLOGICAL
AND BIOCHEMICAL INDICATORS OF DURUM WHEAT (*T.durum* Desf.) SAMPLES
CULTIVATED IN ABSHERON CONDITIONS..... 138**

**Leyla Həsənova, Aysel Labazanova. DƏN ÖLÇÜSÜNƏ GÖRƏ QRUPLAŞDIRILMIŞ
BUĞDA GENOTİPLƏRİNDƏ KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİNİN ÖYRƏNİLMƏSİ.... 149**

DÜZƏLİŞLƏR | CORRECTIONS

I. **BİOLOJİ EHTİYATLAR və SELEKSİYA** | **BIOLOGICAL RESOURCES and BREEDING**

UOT:633.11:632.4

YUMŞAQ BUĞDA (*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLƏRİNDƏ BİOMORFOLOJİ VƏ FİTOPATOLOJİ GÖSTƏRİCİLƏRİN QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

NƏRGİZ SİRACLI *, ZEYNAL ƏKPƏROV, SEVİNC NURİYEVA

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr. 155
nargiz.siracli@gmail.com

Buğda (*Triticum aestivum* L.) dünyada qlobal ərzaq təhlükəsizliyinin təmin olunmasında ən mühüm bitkilərdən biridir, eləcə də stresslərə davamlı, yüksək və keyfiyyətli sortların yaradılması müasir seleksiya işlərinin əsas istiqamətlərindən biridir. Biotik stress amillərə, xüsusilə sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə davamlı formaların seçilməsi xüsusi əhəmiyyətə malikdir. Bu baxımdan genotiplərin biomorfoloji əlamətlərə görə qiymətləndirilməsi mühüm əhəmiyyət kəsb edir.

Tədqiqat işi yumşaq buğdanın (*Triticum aestivum* L.) 61 genotipinin biomorfoloji əlamətləri, sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə davamlılığın öyrənilməsidir. Tədqiqatlar zamanı bitkinin hündürlüyü, əsas sünbülün uzunluğu, əsas sünbüldə sünbülcüklərin sayı, həmçinin sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə yoluxması tarla şəraitində qiymətləndirilmişdir. Statistik təhlillər nəticəsində genotiplər arasında əlamətlər üzrə müəyyən variasiya müəyyən edilmişdir. Hər genotip üzrə 5 bitki üzərində ölçmələr aparılmış və orta göstəricilər hesablanmışdır. Aparılmış analizlər nəticəsində genotiplər arasında morfoloji əlamətlər və xəstəliklərə davamlılıq baxımından əhəmiyyətli fərqlər müəyyən edilmişdir. Statistik təhlillərlə yanaşı, əlamətlər arasında korrelyasiya əlaqələri də müəyyən olunmuşdur. Nəticələr bitkinin hündürlüyü ilə sünbül uzunluğu arasında zəif ($r=0.25$), bitkinin hündürlüyü ilə sünbülcük sayı arasında zəif mənfi (-0.33) əlaqənin mövcud olduğunu göstərmişdir. Sarı pas, unlu şəh ilə bitki hündürlüyü arasında isə zəif müsbət korrelyasiya ($r=0.32$; $r=0.29$) müəyyən edilmişdir. Tədqiqat zamanı əldə olunan göstəricilərin statistik etibarlılığı variasiya göstəriciləri və korrelyasiya əmsalları əsasında qiymətləndirilmişdir. Müəyyən edilmişdir ki, morfoloji əlamətləri ilə xəstəliklərə davamlılıq göstəriciləri arasında müəyyən qarşılıqlı əlaqə mövcuddur. Bu əlaqələrin müəyyən edilməsi seleksiya prosesində kompleks yanaşmanın tətbiqinə və perspektiv genotiplərin daha dəqiq seçilməsinə imkan yaradır. Tədqiqatın nəticələri gələcək seleksiya işlərinin optimallaşdırılması və adaptiv potensiala malik genotiplərin formalaşdırılması baxımından mühüm əhəmiyyət kəsb edir. Əldə olunmuş nəticələr seleksiya işlərində yüksək məhsuldar və xəstəliklərə davamlı genotiplərin seçilməsi üçün perspektivli ilkin materialların müəyyən edilməsinə imkan verir.

Açar sözlər: yumşaq buğda (*T.aestivum* L.), biomorfoloji analiz, sarı pas, unlu şəh, korrelyasiya analizi

GİRİŞ

Buğda (*Triticum aestivum* L.) dünyada və Azərbaycanda geniş becərilən mühüm ərzaq bitkisi olmaqla yanaşı əhalinin bir qrupu üçün əsas qida və zülalların, karbohidratların və digər həyati vacib elementlərin mühüm mənbəyi hesab olunur. Bu isə daim dəyişən pəhriz vərdişləri və əhalinin xeyli dərəcədə artımı ilə əlaqədar buğdaya davamlı tələbat olduğunu göstərir. Buna görə də ərzaq təhlükəsizliyini təmin etmək, eləcə də davamlı istehsal üsullarını stimullaşdırmaq üçün buğdanın kənd təsərrüfatına dair qida zəncirinin dərk edilməsi vacibdir. Bu baxımdan seleksiyaçıların başlıca məqsədi daha məhsuldar buğda sortlarını yaratmaqla məhsul istehsalına

öz töhfələrini verməkdir. (Dixon, 2009). Buğda bitkisi zülalları, vacib elementləri, lipidləri və vitaminləri özündə ehtiva edir. Onun abiotik və biotik stresslərə davamlı formaların, sortların yaradılması hesabına buğdanın məhsuldarlığını artırmaq olar. Genotip və ətraf mühitin qarşılıqlı təsiri buğdada məhsuldarlığın və keyfiyyətin yaxşılaşdırılmasında mühüm rol oynayır (Kumar, Sharma 2016). Buğda bitkisinin məhsuldarlığına təsir edən amillərdən biri də müxtəlif xəstəliklərdir. Hazırda buğda istehsalında məhsuldarlığın azalmasına səbəb olan əsas problemlərdən biri buğda əkinlərində geniş yayılmış xəstəliklərdən olan sarı pas və unlu şəh xəstəlikləridir. Müəyyən olunmuşdur ki, Unlu şəh (*Blumeria graminis f. sp.tritici*) xəstəliyi buğda istehsalında ciddi iqtisadi itki ilə nəticələnir (Alam, 2014). Bundan əlavə unlu şəh xəstəliyi buğda becərilən bir çox ölkələrdə il boyu özünü göstərir və məhsul itkisi müvafiq olaraq Rusiya, Brazilya və Çin kimi ölkələrdə 35%, 62% və 40%- qədərdir. Sarı pas xəstəliyi (*Puccinia striiformis f.sp.tritici*) isə buğda bitkisinin adətən 5-30% məhsul itkisinə səbəb olan əsas göbələk xəstəliyidir. Qeyd etmək olar ki, daha yüksək həssas sortlarda 40-50% yaxud daha çox məhsul itkisinə səbəb ola bilər. Ümumiyyətlə, xəstəliklərə davamlı və yüksək məhsuldar genotiplərin seçilməsi seleksiya prosesində mühüm əhəmiyyət kəsb edir. (Beznosko., 2023). Bu baxımdan genotiplərin biomorfoloji əlamətlər üzrə də qiymətləndirilməsi xüsusi aktualıq daşıyır. Beləliklə genotiplərin biomorfoloji göstəricilər üzrə qiymətləndirilməsi onların potensialının müəyyən edilməsində əsas meyarlardan biri kimi hesab edilir. Tədqiq edilən bu tədqiqat işində yumşaq buğda genotiplərinin biomorfoloji səciyyəsi və onların xəstəliyə davamlılıq göstəriciləri olmuşdur. Buğdanın biomorfoloji xüsusiyyətləri məhsuldarlığın artırılmasında eləcə də hər bir əlamətin əhəmiyyətinin qiymətləndirilməsində həlledici rol oynayır və sortların müəyyən edilməsi üçün əsasdır. Qeyd etmək olar ki, uzun və məhsuldar sünbül potensial olaraq buğdanın məhsuldarlığının yaxşılaşdırılmasına kömək edə bilər. Sünbülün uzunluğu sünbüclüklərin sayı və hər sünbüldə çiçəklərin sayı məhsuldarlığın yaxşılaşdırılması üçün böyük əhəmiyyət kəsb edir. Sünbüclüklərin sayının artması potensial olaraq dənələrin sayının artması ilə əlaqədardır. Bundan əlavə sünbülün uzunluğunun həm genotipik, həm də fenotipik səviyyədə sünbüclüklərin sayı ilə müsbət əlaqəsi var. Morfoloji əlamətlər, o cümlədən bitki hündürlüyü, sünbülün uzunluğu və sünbüclük sayı məhsuldarlığın formalaşmasında mühüm rol oynayır və seleksiya prosesində genotiplərin qiymətləndirilməsində geniş istifadə olunur. Aparılan bu tədqiqatın məqsədi yerli və introduksiya olunmuş yumşaq buğda genotiplərinin biomorfoloji göstəricilərini, sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə davamlılığını qiymətləndirməkdən ibarətdir.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işləri 2024-2025-ci illərdə Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Təcrübə Bazasında aparılmışdır. Tədqiqat materialı kimi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Milli Genbankında saxlanılan 9 yumşaq buğda növmüxtəlifliyi və Əkinçilik Elmi Tədqiqat İnstitutundan əldə edilmiş 52 yumşaq buğda genotipindən istifadə olunmuşdur. Təcrübə sahəsində səpin 2024-cü ilin noyabr ayının birinci ongünlüyündə aparılmış, kütləvi çıxış isə noyabr ayının ikinci ongünlüyündə müşahidə edilmişdir. Vegetasiya müddətində nümunələr boruyaçıxma, sünbülləmə, südyetmə və mumyeytəmə fazalarında müntəzəm olaraq damcı üsulu ilə suvarılma aparılmışdır. Bu üsulla suvarılma zamanı torpağın humus qatı qorunur, eləcə də həm suya həm də işçi qüvvəsinə qənaət olunur. Sahə şəraitində hər bir genotip üzrə 5 bitki seçilərək bitkinin hündürlüyü, əsas sünbülün uzunluğu, əsas sünbüldə sünbüclük sayı müəyyən edilmişdir. Bundan əlavə, genotiplərin sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə yoluxma səviyyəsi sahə şəraitində vizual üsulla (0-9 bal şkalası üzrə) qiymətləndirilmə aparılmışdır. Tədqiqat olunmuş göstəricilər əsasında orta qiymətlər, minimum və maksimum əldə edilən qiymətlər hesablanmışdır. Əlamətlər arasında qarşılıqlı əlaqələrin müəyyən edilməsi məqsədilə Pearson korrelyasiya əmsalı hesablanmışdır. Statistik təhlillər Microsoft Excel proqram təminatında aparılmışdır.

Alınmış göstəricilərin statistik işlənməsi Microsoft Excel 2010 proqramı vasitəsilə aparılmışdır.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Tədqiq olunan yumşaq buğda genotipləri biomorfoloji əlamətlər və xəstəliklərə davamlılıq baxımından bir-birindən əhəmiyyətli dərəcədə fərqlənmişdir. Bitkinin hündürlüyü, əsas sünbülün uzunluğu, əsas sünbüldə sünbülcük sayı, sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə yoluxma səviyyəsi genotiplər üzrə qeyd olunur. Əldə olunan nəticələr təsərrüfat əhəmiyyətli göstəricilər üzrə geniş variasiyanın mövcud olduğunu göstərmişdir.

Cədvəl 1.

Genotiplərin biomorfoloji və xəstəlik göstəricilərinin statistik parametrləri
(orta,minimum,maksimum və korrelyasiya)

Göstərici	Orta	Minimum	Maksimum	r (bitkinin boyu ilə)
Bitkinin hündürlüyü(sm)	98.27	84	113	-
Əsas sünbülün uzunluğu(sm)	10,91	7,2	49,5	0.25
Əsas sünbüldə sünbülcük sayı	18,61	14,6	23	0.33
Sarı pas(bal)	1,9	1	4	0.32
Unlu şəh(bal)	4,31	0	9	0.29

Cədvəl 1-də təqdim olunan nəticələrdən göründüyü kimi, tədqiq olunan genotiplər arasında bütün göstəricilər üzrə dəyişkənlik müşahidə olunmuşdur. Bu fərqlər onların genetik xüsusiyyətləri və becərilmə şəraitinə reaksiyası ilə izah oluna bilər.

Cədvəl 2.

Yumşaq buğda genotiplərinin biomorfoloji və xəstəlik göstəriciləri

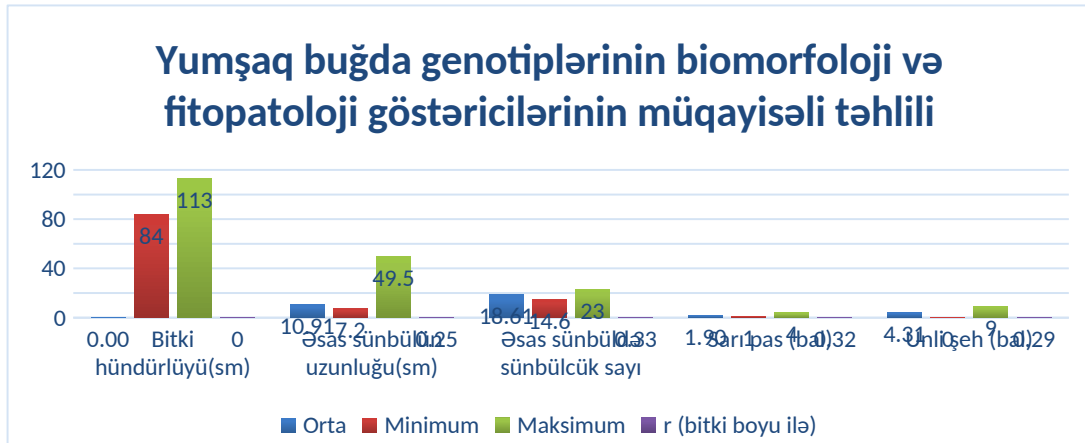
Genotipin adı	Bitkinin hündürlüyü	Əsas sünbülün uzunluğu	Unlu şəh	Sarı pas
Qobustan1	99	8,8	4	3
Qırmızı gül 1	94.2	10	4	3
Qızıl buğda	107.4	9,5	3	3
Nurlu-99	95.8	10,1	2	1
Mirbəşir-128	108.8	8	3	2
Əkinçi-84	113	9	3	2
Zirvə-85	103.2	9,2	4	1
Fatimə	119.6	8,4	4	3
Azəri	112	11,5	4	1
Murov-2	103.6	10,56	6	3
Tərəqqi	109.4	13,2	5	4
Uğur	118.8	9,4	4	4
Şəfəq-2	103.6	11,2	1	4
Günəşli	99.2	11	5	2
Fərəhim	108.6	11,8	6	2
Qualite	97.4	10,6	6	2
Əsgəran	93.6	13	6	2
ləyaqətli-80	117.4	9,2	7	1
Onur	86.6	10,3	7	1
Xəzri	92.2	9,44	6	1

Murov	93.4	11,1	4	3
Mətin	106.2	12,3	3	2
Yasavul	97	9,4	4	1
Xlebodarka	96	11,86	6	2
Batko	95.6	11,3	4	2
Yuka	98.8	12,7	3	1
Bayraqdar	100.8	11,56	7	3
Oyxan	106.4	11,76	6	3
Baqrət	95.2	11,76	5	2
Qaudio	92	11,8	0	1
Gallio	109.8	9,8	0	1
Balaton	90.6	10,6	0	1
Midas	105.6	11,84	0	1
Renan	124.2	11,66	6	3
Mirastar	115.8	8,6	0	1
Auradur	93.2	8,6	4	1
Farandole	85	8,8	3	1
Stan Krasnodar	97.2	8,4	4	1
Səba-2	113.6	7,2	2	2
Tunc	105.4	9,8	5	2
Qayıdış	99.6	49,5	7	1
Xəmsə	98	12,36	7	2
Atilla	113	10,04	7	2
Nogal	97	8,4	3	2
Diabar	93.8	9,78	5	2
Çempion	107.4	9,2	6	1
Vüsal	107	9,4	9	1
Maruzio	106.4	9,24	3	1
Olimp	99	9,3	7	1
Romanna	107.6	10,4	8	2
Şahbuğda	90.8	9,4	0	1
Lider	90	9,12	1	1
Graecum	107.8	10,8	6	3
Erythrospermum(germeryth x zərdəbi)	107.4	12,04	7	3
Aran	92	9	3	1
Milturum(bezostaya x obscurum)	114.4	10,9	6	4
Lutescens(lutescens x hostianum)	87.2	10	4	3
Murinum(lutescens x lybicum)	154.2	11,6	0	2
Barbarossa(lutescens x barbarossa)	88.6	9	8	1
Ferrugineum(lutescens x barbarossa)	84	7,84	7	1
Erythrospermum(hostianum x ferrugineum)	113.8	13,4	3	2

Cədvəl 2-də təqdim olunan məlumatlar əsasında müəyyən edilmişdir ki, genotiplər arasında biomorfoloji və fitopatoloji göstəricilər üzrə əhəmiyyətli fərqlər mövcuddur. Bitkinin

hündürlüyü üzrə ən yüksək göstərici Günəşli genotipi, ən aşağı isə Baqrat genotipində qeyd alınmışdır. Digər göstəricilər üzrə də oxşar əlamətlər müşahidə edilmişdir.

Tədqiq olunan yumşaq buğda genotiplərində biomorfoloji və fitopatoloji göstəricilər müqayisəli şəkildə qiymətləndirilmişdir (Şəkil 1). Əldə olunan nəticələr göstərmişdir ki, genotiplər arasında həm biomorfoloji əlamətlər, həm də xəstəliklərə yoluxma səviyyəsi üzrə müəyyən fərqlər mövcuddur. Əlamətlər arası korrelyasiya təhlili isə bəzi göstəricilər arasında zəif və orta səviyyəli əlaqələrin mövcud olduğunu göstərmişdir. Biomorfoloji əlamətlər üzrə müşahidə olunan dəyişkənlik genotiplərin genetik müxtəlifliyi ilə əlaqədardır və seleksiya üçün perspektiv materialların seçilməsində mühüm əhəmiyyət kəsb edir.



Şəkil 1: Yumşaq buğda genotiplərində biomorfoloji əlamətlərin orta, minimum və maksimum göstəriciləri və əlamətlərə arası korrelyasiya nəticələri

Tədqiq olunan 61 genotip üzrə bitkinin hündürlüyünün göstəricilərinin dəyişkənliyi genotiplər arasında əhəmiyyətli fərqlərin mövcud olduğunu göstərir. Bu fərqlər bitkilərin genetik xüsusiyyətləri və becərilmə şəraitinə uyğunlaşma qabiliyyəti ilə əlaqədardır. Genotiplər arasında bitkinin hündürlüyünün dəyişkən olması onların genetik xüsusiyyətləri və mühit amillərinə reaksiyası ilə əlaqədardır. Alınmış nəticələr genotiplər arasında morfoloji müxtəlifliyin mövcud olduğunu göstərir. Bundan başqa əsas sünbülün uzunluğu üzrə orta göstərici 10.91 sm olmuş, minimal və maksimal qiymətlər isə müvafiq olaraq 7,2 və 49,5 sm arasında dəyişmişdir. Sünbülün uzunluğu məhsuldarlığın formalaşmasında mühüm əlamət hesab olunur və genotiplərin seleksiya baxımından qiymətləndirilməsində əhəmiyyətlidir. Əsas sünbülün uzunluğu üzrə əldə olunan nəticələr göstərir ki, bu əlamət genotiplər arasında dəyişkən xarakter daşıyır və məhsuldarlığın formalaşmasında mühüm rol oynayır. Sünbülün uzunluğunun artması potensial məhsuldarlığa müsbət təsir edən əsas komponentlərdən biri hesab olunur. Əsas sünbüldə sünbülcük sayı üzrə maksimum və minimum göstərici 14,6-23 intervalında dəyişmiş, orta göstərici isə 18,61 olmuşdur. Bu göstərici məhsuldarlığın struktur elementlərindən biri olmaqla seleksiya baxımından mühüm əhəmiyyət kəsb edir. Qeyd etmək lazımdır ki, yumşaq buğdanın məhsuldarlığının yaxşılaşdırılmasında çoxsaylı genetik və ətraf mühit amillərinin təsiri altında formalaşan bir sünbüldəki sünbülcük sayı əlaməti əsas rol oynayır. Müəyyən olunmuşdur ki, buğdanın məhsuldarlığını təyin edən əsas komponentlər sırasına bir hektarda sünbül sayı, bir sünbüldə dən sayı və 1000 dənin kütləsi əsas əlamətlər kimi dəyərləndirilir (Ma J., 2019). Ümumiyyətlə bir sünbüldəki sünbülcük sayı və bir sünbüldəki dən sayı bu iki komponentdən hər hansı birinin artması yumşaq buğdanın məhsuldarlığını birbaşa yaxşılaşdırır bilər (Rasheed S, Venkatesh P., 2022). Sarı pas və unlu şəh xəstəliklərinə qarşı davamlılıq baxımından genotiplər arasında fərqlər müşahidə olunmuşdur. Bəzi genotiplər bu xəstəliklərə qarşı nisbətən davamlılıq göstərmiş, digərləri isə daha yüksək həssaslıq nümayiş etdirmişdir. Bu isə onların seleksiya işlərində istifadə perspektivlərini müəyyənləşdirir. Sarı pas üzrə orta yoluxma

səviyyəsi 1,90 bal olmuşdur. Bəzi genotiplərdə xəstəliyə yoluxma zəif səviyyədə müşahidə olunsa da, ayrı-ayrı genotiplər nisbətən həssaslıq göstərmişdir. Unlu şəh xəstəliyi üzrə isə 4,31 bal təşkil etmişdir ki, bu da bəzi genotiplərin xəstəliklərə nisbətən davamlı olduğunu göstərir. Ümumilikdə, bitkinin boyu və sünbül uzunluğuna malik genotiplər məhsuldarlıq baxımından perspektivli hesab olunur, eyni zamanda sarı pas və unlu şəhə qarşı dözümlülük daha çox dəyər kəsb edir. Bu nəticələr gösətirir ki, seleksiya materialları həm məhsuldarlıq, həm də xəstəliyə dözümlülüüyü baxımından seçilməlidir. Qeyd edə bilərik ki, tədqiq olunan bu göstəricilərin bir-birilə əlaqəsini qiymətləndirmək üçün korrelyasiya analizi də aparılmışdır. Aparılmış korrelyasiya analizi nəticəsində bitkinin hündürlüyü ilə sünbülün uzunluğu arasında zəif müsbət əlaqə ($r= 0,25$) müəyyən edilmişdir. Bundan başqa bitkinin hündürlüyü ilə sünbülcüklərin sayı arasında isə zəif mənfi korrelyasiya ($r= -0,33$) müəyyən olunmuşdur. Bu isə vegetativ inkişafın artması ilə generativ struktur elementləri arasında müəyyən balansın mövcudluğunu göstərə bilər. Sünbül uzunluğu ilə sünbülcük sayı arasında isə çox zəif və statistik baxımdan əhəmiyyətsiz müsbət əlaqə ($r= 0,04$) müəyyən edilmişdir. Nəticə etibarlı ilə göstəricilər arasında birbaşa xətti asılılığın olmadığı qənaətinə gəlmək olar. Xəstəliklərə gəldikdə isə sarı pasla bitkinin hündürlüyü arasında zəif müsbət korrelyasiya ($r= 0,32$) müəyyən olunmuşdur. Bu nəticə isə onu göstərir ki, hündür genotiplər müəyyən dərəcədə xəstəliyə daha həssas ola bilər. Bu da öz növbəsində iqlim şəraiti və eyni zamanda yarpaq səthinin xüsusiyyətləri ilə əlaqəli ola bilər. Unlu şəh xəstəliyi ilə bitkinin hündürlüyü arasında isə zəif müsbət korrelyasiya əlaqəsi yəni ($r= 0,29$) qeydə alınmışdır. Ümumilikdə yumşaq buğdanın tədqiq olunan genotiplərinin sünbülün uzunluğu, sünbülcüklərin sayı, xəstəlik göstəriciləri və bitkinin boyu ilə korrelyasiyası Cədvəl 1-də öz əksini tapmışdır.

Beləliklə tədqiqat nəticəsində öyrənilən yumşaq buğda genotipləri arasında biomorfoloji əlamətlər və sarı pas, unlu şəh xəstəliklərinə davamlılıq baxımından əhəmiyyətli fərqlər müəyyən edilmişdir. Müəyyən edilmiş variasiya və əlamətlərəarası korrelyasiya əlaqələri seleksiya prosesində kompleks qiymətləndirmənin vacibliyini göstərmişdir. Tədqiqat nəticəsində yüksək məhsuldarlıq potensialına və xəstəliklərə nisbi davamlılığa malik perspektiv genotiplər seçilmiş və gələcək seleksiya işlərində ilkin material kimi istifadə olunması məqsədəuyğun hesab edilmişdir.

ƏDƏBİYYAT

- Acevedo-Garcia J., Spencer D., Thieron H., Reinstadler A., Hammond-Kosack K., Phillips A.L. et al.** mlo - based powdery mildew resistance in hexaploidy bread wheat generated by a non-transgenic TILLING approach. *Plant Biotechnology Journal*, 2017;15:367-378.
- Alam M.A., Hongpo W., Hong Z., Ji W.Q.** Differential expression of resistance to powdery mildew at the early stage of development in wheat line N0308. *Genetics and Molecular Research*, 2014;13:4289-4301.
- Beznosko I., Demyanyuk O., Mostoviak I.** Phytopathogenic control of the causes of the main types of cereal grain culture diseases of fungal etiology. *Scientific Bulletin of the Uzhhorod Univeristy, Series Biology*, 2023;54:7-12
- Bliffeld M., Mundy J., Potrykus I., Futterer J.** Genetic engineering of wheat for increased resistance to powdery mildew disease. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999;98:1079-1086.
- Dixon J., Braun H.J., Kosina P., Crouch J.H. editors.** Wheat facts and futures 2009. Cimmyt;2009
- Kimber G., Sears E.R.** Evolution in the Genus Triticum and the Origin of Cultivated Wheat. In: Heyne, E.G. (ed). *Wheat and Wheat Improvement*. American Society of Agronomy, Madison, WI. 1987;31
- Knobloch I.W.** A Checklist of Crosses in The Graminae. Department of Botany and Plant Pathology, Michigan State University, East Lansing, Michigan, U.S.A. 1968;47-52
- Kumar S., Sharma A.** Agricultural Value Chains in India: Prospects and Challenges. Jaipur:

- CUTS International, Discussion Paper; 2016;119.
- Ma J., Ding P., Liu J., Li T., Zou Y., Habib A. Et al.** Identification and validation of a major and stably expressed QTL for spikelet number per spike in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019;132(11): 3155-3167.
- Mittal S.** Wheat and Barley Production Trends and Research Priorities: A Global Perspective. In: *New Horizons in Wheat and Barley Research*; 2022;3-18.
- Rasheed S., Venkatesh P.** Status of Wheat Variety Protection in India: Implications and Future Directions. In: *New Horizons in Wheat and Barley Research*; 2022;81-92
- Vitale J., Adam B., Vitale P.** Economics of wheat breeding strategies: focusing on Oklahoma hard red winter wheat. *Agronomy*. 2020;10:238.
- Zhai H., Feng Z., Du X., Song Y., Liu X., Qi Z. et al.** A novel allele of TaGW2-A1 is located in a finely mapped QTL that increases grain weight but decreases grain number in wheat (*Triticum aestivum L.*). *Theoretical and Applied Genetics*, 2018;131(3): 539-553.

ОЦЕНКА БИОМОРФОЛОГИЧЕСКИХ И ФИТОПАТОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ГЕНОТИПОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (*Triticum aestivum L.*)

Наргиз Сираджлы*, Зейнал Акперов, Севиндж Нуриева

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Пшеница (*Triticum aestivum L.*) является одной из основных продовольственных культур в мире, а повышение урожайности относится к приоритетным направлениям современных селекционных программ. Биотические стрессовые факторы, в частности жёлтая ржавчина и мучнистая роса, являются одними из основных причин снижения урожайности. В связи с этим оценка генотипов по биоморфологическим признакам приобретает особое значение.

Целью исследования являлось изучение биоморфологических признаков и устойчивости к жёлтой ржавчине и мучнистой росе у 61 генотипа мягкой пшеницы (*Triticum aestivum L.*). В ходе исследования в полевых условиях были оценены высота растений, длина главного колоса, количество колосков в главном колосе, а также степень поражения жёлтой ржавчиной и мучнистой росой.

Статистический анализ выявил вариабельность признаков между генотипами. Для каждого генотипа измерения проводились на пяти растениях с последующим расчётом средних значений. Наряду со статистической обработкой данных был проведён корреляционный анализ между признаками. Установлена слабая положительная корреляция между высотой растений и длиной колоса ($r = 0,25$), слабая отрицательная корреляция между высотой растений и количеством колосков ($r = -0,33$), а также слабая положительная связь между высотой растений и степенью поражения жёлтой ржавчиной ($r = 0,32$) и мучнистой росой ($r = 0,29$). В ходе исследования статистическая достоверность полученных показателей оценивалась на основе показателей вариации и коэффициентов корреляции. Установлено, что между морфологическими признаками и показателями устойчивости к болезням существует определённая взаимосвязь. Выявление данных взаимосвязей позволяет применять комплексный подход в селекционном процессе и более точно отбирать перспективные генотипы. Полученные результаты имеют важное значение для оптимизации будущих селекционных программ и формирования генотипов с высоким адаптивным потенциалом. Полученные результаты могут быть использованы в селекционной работе при отборе высокопродуктивных и устойчивых к болезням генотипов.

Ключевые слова: мягкая пшеница (*Triticum aestivum L.*), биоморфологический анализ, жёлтая ржавчина, мучнистая роса, корреляционный анализ.

EVALUATION OF BIOMORPHOLOGICAL AND PHYTOPATHOLOGICAL TRAITS IN BREAD WHEAT (*Triticum aestivum* L.) GENOTYPES

Nargiz Sirajli*, Zeynal Akparov, Sevinj Nuriyeva

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

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the main food crops worldwide, and increasing yield remains a key objective of modern breeding programs. Biotic stress factors, particularly yellow rust and powdery mildew, are among the major causes of yield reduction. Therefore, the evaluation of genotypes based on biomorphological traits is of considerable importance.

The present study aimed to investigate biomorphological traits and resistance to yellow rust and powdery mildew in 61 genotypes of soft wheat (*Triticum aestivum* L.). Under field conditions, plant height, main spike length, number of spikelets per main spike, and the level of infection by yellow rust and powdery mildew were assessed.

Statistical analysis revealed variability among genotypes for the studied traits. Measurements were carried out on five plants per genotype, and mean values were calculated. In addition, Pearson correlation analysis was performed to determine relationships among traits. A weak positive correlation was found between plant height and spike length ($r = 0.25$), while a weak negative correlation was observed between plant height and spikelet number ($r = -0.33$). A weak positive correlation was also identified between plant height and susceptibility to yellow rust ($r = 0.32$) and powdery mildew ($r = 0.29$). During the study, the statistical reliability of the obtained indicators was evaluated based on variation parameters and correlation coefficients. It was determined that certain relationships exist between morphological traits and disease resistance indicators. Identification of these relationships enables the application of an integrated approach in breeding programs and facilitates more accurate selection of promising genotypes. The obtained results are of significant importance for optimizing future breeding programs and developing genotypes with high adaptive potential.

The obtained results may be useful in breeding programs for the selection of high-yielding and disease-resistant genotypes.

Keywords: *soft wheat (*Triticum aestivum* L.), biomorphological analysis, yellow rust, powdery mildew, correlation analysis*

Çapa təqdim etmişdir: *Abidin Məhərrəmli oğlu Abdullayev, a.e.ü.f.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *27.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *10.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *10.04.2026*

UOT 663.638.14.03

ƏKİN LƏRGƏSİ (*Lathyrus sativus* L.) GENOTİPLƏRİNDƏ MƏHSULDARLIĞIN STRUKTUR ELEMENTLƏRİ İLƏ ƏLAQƏSİ

ALMAS ƏSƏDOVA

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr. 155
almas.i.asadova@gmail.com

Əhalinin zülalə olan ehtiyacının ödənilməsində dənli paxlalıların rolu əvəzsizdir. Zülal, əvəzolunmaz aminturşuları, vitaminlər və minerallarla zənginliyi paxlalıların keyfiyyətli ərzaq olmalarına təminat verir. Ölkəmizdə əhalinin dənli paxlalılara olan tələbatının yerli məhsullar hesabına ödənilməsi yeni davamlı, məhsuldar sortların yaradılmasını zəruri edir. Buna da hazırda məlum olan yerli və introduksiya olunmuş formaların elmi-nəzəri cəhətdən öyrənilməsi və onların potensial imkanlarının müəyyən edilməsilə nail olmaq olar. Bir sözlə insan orqanizminin gündəlik proteinə tələbatının ödənilməsində sağlam bir alternativ olan paxlalı bitkilərin toplanılması, öyrənilməsi, artırılması və yeni sortlarının yaradılması böyük əhəmiyyət kəsb edir. Azərbaycanda əkin lərgəsinin sahəsi məhsul istehsalına imkan vermir. Buna görə də hər bir region üçün perspektiv sortun alınmasında bitkinin genetik ehtiyatlarının morfoloji xüsusiyyətlərinin kompleks öyrənilməsi olduqca aktualdır. Məqalədə respublikanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış və introduksiya olunmuş əkin lərgəsinə (*Lathyrus sativus* L.) aid sortnünmələrin məhsuldarlıqda böyük əhəmiyyətə malik struktur elementlərinin qiymətləndirilməsi verilmişdir. Əkin lərgəsi nümunələrinin kompleks öyrənilməsi, onların seleksiyasında təsərrüfat-qiymətli əlamətlərə malik donor və genetik mənbə olaraq ilkin seleksiya materialının yaradılmasına imkan verir. Aparığımız tədqiqatda bitkilərin biometrik analizləri göstərdi ki, məhsuldarlığı əsasən əsas əlamətlərin dəyişkənliyi, genotipik müxtəliflik və becərilmə ilinin vəziyyəti müəyyən edir. Əlamətlərdən bitkidə dənin və paxlanın sayı və dənin kütləsinin variasiya əmsali orta əhəmiyyətli olmaqla dəyişkənliyin güclü göstəricisidir. Paxlada dənin sayı, 1000 dənin kütləsindəki dəyişkənlik orta səviyyədə olmaları ilə xarakterizə olunur. Paxlada dənin sayı ilə bitkidə dənin sayı arasında güclü müsbət korrelyasiyanın; 1000 dənin kütləsi və bitkidə dənin sayı; 1000 dənin kütləsi və paxlada dənin sayı, bitkidə paxlanın sayı; toxumun kütləsi və gövdənin uzunluğu arasında isə çox zəif əlaqənin olduğu da müəyyən edilmişdir.

Açar sözlər: məhsul, dənin sayı, 1000 dənin kütləsi, struktur elementləri, əkin lərgəsi, seleksiya.

GİRİŞ

Hazırkı dövrə qədər qeyri-ənənəvi bitkilərə aid edilərək əkin lərgəsi istər dünyada, istərsə də respublikamızda az becərilmiş, onun bioloji və məhsuldarlığının potensial imkanları qiymətləndirilməmişdir. Bu da bitkinin kifayət qədər bioloji xüsusiyyətinin və əkin texnologiyasının öyrənilməməsi ilə bağlıdır. Fikirimizcə əkin lərgəsinin aqrobioloji xüsusiyyətlərinin hər tərəfli tədqiq olunması, onun gələcəkdə geniş becərilməsinə imkan verəcəkdir.

Əkin lərgəsi (*Lathyrus sativus* L.) birillik dənli paxlalı bitkidir. Əsas bitkilərlə müqayisədə əkin lərgəsi mövcud şəraitin tələblərinə uyğun olaraq dayanıqlı kənd təsərrüfatı üçün model məhsul və münbit torpaqlarda əkin sistemlərinin şaxələndirilməsi üçün maraqlı alternativ hesab olunur. Bu bitki fərqli torpaq və iqlim şəraitinə yaxşı uyğunlaşması, aşağı temperaturalara, sel və quraqlığa dözümlülük göstərməsi, xəstəlik və zərərvericilərə qarşı davamlı olması, insan qidası və heyvan yemi üçün yüksək protein tərkibinə malik olması ilə xarakterizə olunur. Üstəlik digərləri ilə müqayisədə məhsuldarlıq, azot fiksasiyası və şoranlığa tolerantlıq baxımından da üstün paxlalı bitkidir.

Əkin lərgəsi (*Lathyrus sativus* L.) əhəmiyyətinə görə Kew's Millennium Seed Bank

tərəfindən tanındı və yeni iqlim şəraitinə uyğunlaşdırılması üçün istifadə ediləcək ən mühüm qida bitkilərinin istehsalında əsas prioritet bitkilərdən biri hesab edildi (Dempewolf et al., 2014).

MATERİAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işi Elm və Təhsil nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Təcrübə Təsərrüfat Bazasının sahəsində yerinə yetirilmişdir (2004-2016). Tədqiqat materialı olaraq respublikanın müxtəlif bölgələrindən toplanmış, həmçinin xarici ölkə genbanklarından alınmış sortnümünələr götürülmüşdür. Yığım sahədə bitkilər 90% yetişdikdən sonra əl ilə həyata keçirilmişdir.

Məhsulun struktur analizi yığımdan sonra lobya (*Phasiolus vulgaris* L.) cinsinin SEV-Beynəlxalq təsnifləməsi, həmçinin də Beynəlxalq Biomüxtəliflik İnstitutunda əkin lərgəsi üçün qəbul edilmiş metodikaya (2011) əsasən aparılmışdır (Буданова и др., 1985; Methodology, 2011).

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

İnstitutumuzda digər bitkilərlə yanaşı əkin lərgəsinin toplanılması və öyrənilməsi istiqamətində geniş tədqiqat işləri həyata keçirilir. Tədqiqat materialı olaraq əkin lərgəsi (*Lathyrus sativus* L.) növünə aid 75 nümunə götürülmüşdür. Bunlardan 25-i ölkə ərazisində yayılmış, 50-si isə ICARDA- dan introduksiya olunmuş müxtəlif mənşəli forma və sortnümünələrindən ibarətdir. Bu nümunələr çiçək və toxumuna görə müxtəlif növmüxtəlifliklərinə daxildir (Asadova, 2023).



Şəkil 1. Əkin lərgəsinin çiçəyin rənginə görə (çəhrayı, ağ, mavi) müxtəlifliyi



Şəkil 2. Əkin lərgəsinin toxum örtüyünün rənginə görə müxtəlifliyi

Əkin lərgəsi genotipləri mühüm təsərrüfat göstəricilərinə görə qiymətləndirilmiş və müqayisəli təhlil olunmuşdur (Asadova, 2023). Bu bitki genotipləri müxtəlif növmüxtəlifliklərindən (*subspec.europaeus* növaltının *v.coeruleus* *subv.minor* Zalk. və *subspec.asiaticus* növaltının *v.rubiginosus* *subv.minor* Zalk.) və ekoloji- coğrafi qruplardan təşkil olunduğu üçün onlarda bitkdə paxlanın və dəninin sayında, həmçinin də dəninin və 1000 dəninin kütləsində geniş diapozanda variyasiya müşahidə olunmuşdur (Asadova və b., 2020).

Əkin lərgəsinə aid bitkidə paxlanın sayı yerli formalarda orta hesabla 14-75 ədəd ($X_{orta}=37$ ədəd; $V\theta=15,60\%$), ICARDA-dan alınmış nümunələrdə isə 13-122 ədəd ($X_{orta}=58$ ədəd;

VƏ=19,25%) arasında olmuşdur. Bitkidə paxlanın sayı yerli nümunələrindən ən az LASA-9 (14 ədəd), LASA-44 (14 ədəd), ən çox LASA-2-76 (75 ədəd); ICARDA nümunələrindən isə ən az İFLA-2636 (13 ədəd), ən çox isə İFLA-134 (122 ədəd) nümunəsində olmuşdur. Bu göstərici st.LASA-23-də 21 ədəd və st.LASA-5-69-da isə 58 ədəd olmuşdur (cədvəl 1.).

Cədvəl 1.

Əkin lərgəsinin sortnümunələrinin bitkidə paxlanın sayına görə qiymətləndirilməsi

Nümunənin adı	Toplandığı yer	Bitkidə paxlanın sayı, ədəd	St.-a nisbətən % -lə	Nümunənin adı	Toplandığı yer	Bitkidə paxlanın sayı, ədəd	St.-a nisbətən % -lə
St.LASA-23	Masallı	21±3,71	100	LASA-92-01	Yardımlı	34±25,74	161,9
LASA-1-71	Lənkəran	61±26,73	290,4	LASA-18	Lerik	54±41,75	257,1
LASA-3-75	Cəlilabad	41±9,59	195,2	LASA-19	Lerik	35±8,14	166,6
LASA-4-74	Astara	49±30,58	233,3	LASA-20	Lerik	19±6,51	90,4
LASA-5-69	Lerik	48±10,31	228,5	LASA-21	Lerik	27±5,54	128,5
LASA-7-68	Cəlilabad	36±11,15	171,4	LASA-22	Lerik	24±6,50	114,2
LASA-8-73	Cəlilabad	41±33,68	195,2	LASA-24	Masallı	19±2,94	90,4
LASA-9-72	Masallı	39±21,68	185,7	LASA-25	Lerik	19±3,05	90,4
LASA-2-76	Cəlilabad	75±60,93	357,1	LASA-43	Lənkəran	21±2,94	100
LASA-74-01	Yardımlı	39±8,55	185,7	LASA-41	Cəlilabad	21±4,41	409,5
LASA-85-01	Yardımlı	50±41,10	238	LASA-42	Masallı	16±3,36	76,1
LASA-88-01	Yardımlı	54±40,22	257,1	LASA-9	Slovakiya	14±2,02	66,6
LASA-81-01	Yardımlı	45±34,76	214,2				
St.LASA-5-69	AZE	58±2,31	100,0	İFLA-1870	Banqladеш	39±2,31	67,2
GP51	ICARDA	51±0,58	87,9	İFLA-274	Kanada	45±3,06	77,5
GP52	ICARDA	52±4,16	89,6	İFLA-1720	Mərakeş	66±3,46	113,7
GP53	ICARDA	61±2,52	105,1	İFLA-479	Efiopiya	34±1,15	58,6
GP54	ICARDA	46±7,51	79,3	İFLA-2475	Banqladеш	31±4,62	58,6
GP55	ICARDA	34±2,00	58,6	İFLA-1795	Pakistan	35±1,15	60,3
GP56	ICARDA	23±1,73	39,6	İFLA-276	Macarıstan	19±3,21	32,7
GP57	ICARDA	56±2,89	96,5	İFLA-2026	Banqladеш	19±2,31	32,7
GP58	ICARDA	44±2,31	75,8	İFLA-2636	Banqladеш	13±2,31	22,4
GP59	ICARDA	48±3,06	82,7	İFLA-2282	Banqladеш	38±1,15	65,5
GP65	ICARDA	34±2,89	58,6	İFLA-143	Yunanıstan	25±1,00	43,1
GP71	ICARDA	31±1,15	53,4	İFLA-2973	Banqladеш	19±2,31	32,7
GP72	ICARDA	33±2,31	56,8	İFLA-242	Əfqanıstan	35±2,00	60,3
GP73	ICARDA	15±1,15	25,8	İFLA-160	Almaniya	53±1,73	91,3
GP74	ICARDA	41±1,15	70,6	İFLA-157	Yunanıstan	57±1,73	98,2
GP75	ICARDA	36±2,89	62	İFLA-148	Yunanıstan	47±1,53	81
GP76	ICARDA	28±3,46	48,2	İFLA-142	Yunanıstan	50±3,21	86,2
GP77	ICARDA	32±2,89	55,1	İFLA-169	Yunanıstan	67±2,89	115,5
GP78	ICARDA	36±1,73	62	İFLA-254	Kanada	67±1,15	115,5
GP87	ICARDA	41±2,89	70,6	İFLA-123	Yunanıstan	52±2,00	89,6
GP88	ICARDA	41±3,61	70,6	İFLA-151	Yunanıstan	43±2,00	74,1
GP89	ICARDA	24±2,31	41,3	İFLA-128	Yunanıstan	39±1,73	67,2
GP96	ICARDA	34±1,15	58,6	İFLA-176	Yunanıstan	27±1,15	46,5
GP99	ICARDA	44±2,31	75,8	İFLA-134	Yunanıstan	122±4,62	210,3
GP100	ICARDA	45±2,00	77,5	İFLA-240	Əfqanıstan	32±2,00	55,1

Bitkidə dənin sayı yerli formalarda 56-155 ədəd ($X_{orta}=136$ ədəd; $V\Theta=41,24\%$) arasında dəyişmişdir. Ən aşağı göstərici LASA-9 (56 ədəd); ən yüksək göstərici isə LASA-1-71 (155 ədəd) nümunəsində qeydə alınmışdır. ICARDA-dan alınmış nümunələrdə bu göstərici 68-402 ədəd ($X_{orta}=96,93$ ədəd; $V\Theta=41,24\%$) arasında dəyişmişdir. Ən aşağı göstərici İFLA-240 (68 ədəd); ən yüksək göstərici GP75 (402 ədəd) nümunəsində olmuşdur. Öyrənilən nümunələrdə bu göstəriciyə görə kifayət qədər fərqin olması tədqiqatda xırda və iri toxumlulardan istifadə edildiyi ilə də izah olunur. Belə ki, iri toxumlularda bitkidə dənin sayı 56-312 ədəd, xırda toxumlularda isə 82-402 ədəd arasında dəyişmişdir. İri toxumlulardan İFLA-160 (312 ədəd), xırda toxumlulardan isə GP-75 (402 ədəd) nümunələri bu göstəriciyə görə üstün olmuşdur (cədvəl 2.).

Cədvəl 2.

Əkin lərgəsinin sortnümunələrinin bitkidə dənin sayına görə qiymətləndirilməsi

Nümunənin Adı	Toplandığı Yer	Bitkidə dənin sayı, ədəd	St.-a nisbətən o/ r.	Nümunənin adı	Toplandığı yer	Bitkidə dənin sayı, ədəd	St.-a nisbətən o/ r.
St.LASA-23	Masallı	96±6,84	100	LASA-92-01	Yardımlı	108±7,29	112,5
LASA-1-71	Lənkəran	155±3,96	161,4	LASA-18	Lerik	126±7,89	131,2
LASA-3-75	Cəlilabad	128±5,72	133,3	LASA-19	Lerik	109±8,04	172,9
LASA-4-74	Astara	130±9,71	135,4	LASA-20	Lerik	106±8,99	110,4
LASA-5-69	Lerik	126±9,76	131,2	LASA-21	Lerik	92±7,00	95,8
LASA-7-68	Cəlilabad	94±4,248	97,9	LASA-22	Lerik	92±7,76	95,8
LASA-8-73	Cəlilabad	87±7,29	90,6	LASA-24	Masallı	86±10,01	89,5
LASA-9-72	Masallı	87±11,26	90,6	LASA-25	Lerik	97±6,57	101
LASA-2-76	Cəlilabad	136±6,66	141,6	LASA-43	Lənkəran	101±3,35	105,2
LASA-74-01	Yardımlı	121±7,98	126	LASA-41	Cəlilabad	94±9,53	97,9
LASA-85-01	Yardımlı	112±10,52	116,6	LASA-42	Masallı	95±9,12	98,9
LASA-88-01	Yardımlı	94±8,73	97,9	LASA-9	Slovakiya	56±7,77	58,3
LASA-81-01	Yardımlı	94±8,79	97,9				
St.LASA-5-69	AZE	125±9,76	100,0	İFLA-1870	Banqladеш	154±24,14	123,2
GP51	ICARDA	368±74,87	294,4	İFLA-274	Kanada	112±84,96	89,6
GP52	ICARDA	186±49,43	148,8	İFLA-1720	Mərakeş	98±24,24	78,4
GP53	ICARDA	284±9,02	227,2	İFLA-479	Efiopiya	112±0	89,6
GP54	ICARDA	302±9,16	241,6	İFLA-2475	Banqladеш	112±8,24	89,6
GP55	ICARDA	216±39,40	172,8	İFLA-1795	Pakistan	96±12,77	76,8
GP56	ICARDA	310±51,48	248	İFLA-276	Macarıstan	76±19,71	60,8
GP57	ICARDA	302±4,38	241,6	İFLA-2026	Banqladеш	112±7,42	89,6
GP58	ICARDA	345±23,55	276	İFLA-2636	Banqladеш	102±76,63	81,6
GP59	ICARDA	298±50,56	238,4	İFLA-2282	Banqladеш	265±90,46	212
GP65	ICARDA	186±81,55	148,8	İFLA-143	Yunanıstan	89±40,53	71,2
GP71	ICARDA	128±76,25	102,4	İFLA-2973	Banqladеш	182±54,21	145,6
GP72	ICARDA	126±76,51	100,8	İFLA-242	Əfqanıstan	112±92,55	89,6

GP73	ICARDA	302±76,34	241,6	İFLA-160	Almaniya	312±59,41	249,6
GP74	ICARDA	286±98,32	228,8	İFLA-157	Yunanıstan	322±101,83	257,6
GP75	ICARDA	402±96,56	321,6	İFLA-148	Yunanıstan	167±64,08	133,6
GP76	ICARDA	184±60,82	147,2	İFLA-142	Yunanıstan	232±78,54	185,6
GP77	ICARDA	116±133,50	92,8	İFLA-169	Yunanıstan	102±91,10	81,6
GP78	ICARDA	76±46,93	60,8	İFLA-254	Kanada	312±70,77	249,6
GP87	ICARDA	112±2,19	89,6	İFLA-123	Yunanıstan	154±33,34	123,4
GP88	ICARDA	116±38,94	98,2	İFLA-151	Yunanıstan	86±102,28	68,8
GP89	ICARDA	184±38,36	147,2	İFLA-128	Yunanıstan	76±33,89	60,8
GP96	ICARDA	116±3,57	98,2	İFLA-176	Yunanıstan	89±4,54	71,2
GP99	ICARDA	108±83,25	86,4	İFLA-134	Yunanıstan	98±14,51	78,4
GP100	ICARDA	298±90,28	238,4	İFLA-240	Əfqanıstan	68±9,98	54,4

Bitkidə dənin kütləsi (toxum məhsuldarlığı)-mürəkkəb əlamət olub bir çox komponentlərin birgə təsiri ilə müəyyən edilsə də əsasən bitkidə dənin və 1000 dənin kütləsindən asılı olur. Əksər müəlliflərin göstəricilərinə görə bitkinin məhsuldarlığı “cücərmə-çiçəkləmə” fazasında mövcud əlverişli amillərdən, sahənin qidalanmasından, 1000 dənin kütləsindən, paxlada dənin sayından, bitkinin hündürlüyündən asılıdır (Мирошникова, 2014). Tədqiqatda bitkidə dənin kütləsinin əkin lərgəsi nümunələrinin genetik xüsusiyyətindən və becərilmə ilindən asılı olaraq kifayət qədər dəyişkən olduğu müəyyən olunmuşdur. Nümunələrdə bu göstərici 5-51 q ($X_{orta}=18,56$ q; $V\Theta=76,11\%$) arasında dəyişmişdir. Əkin lərgəsində bir bitkidə dənin kütləsi yerli formalarda 14-32 q ($X_{orta}=21,95$ q; $V\Theta=5,29\%$) arasında; ICARDA-dan alınmış nümunələrdə isə 5-51 q ($X_{orta}=16,94$ q; $V\Theta=9,44\%$) arasında dəyişmişdir (cədvəl 3.).

Cədvəl 3.

Əkin lərgəsinin sortnümunələrinin bitkidə dənin kütləsinə görə qiymətləndirilməsi

Nümunənin Adı	Toplandığı yer	Bitkidə dənin kütləsi, q	St.-a nisbətən %-lə	Nümunənin adı	Toplandığı yer	Bitkidə dənin kütləsi, q	St.-a nisbətən %-lə
St.LASA-23	Masallı	15±2,72	100	LASA-92-01	Yardımlı	21±2,98	140
LASA-1-71	Lənkəran	28±2,49	200	LASA-18	Lerik	32±2,30	213,3
LASA-3-75	Cəlilabad	23±4,11	153,3	LASA-19	Lerik	26±4,72	173,3
LASA-4-74	Astara	29±4,34	193,3	LASA-20	Lerik	23±3,38	153,3
LASA-5-69	Lerik	24±2,79	160	LASA-21	Lerik	18±2,65	120
LASA-7-68	Cəlilabad	22±2,62	146,6	LASA-22	Lerik	14±2,97	93,3
LASA-8-73	Cəlilabad	16±1,61	106,6	LASA-24	Masallı	14±3,02	93,3
LASA-9-72	Masallı	20±3,37	133,3	LASA-25	Lerik	15±4,19	100
LASA-2-76	Cəlilabad	24±3,32	160	LASA-43	Lənkəran	16±4,52	106,6
LASA-74-01	Yardımlı	23±3,98	153,3	LASA-41	Cəlilabad	18±1,50	120
LASA-85-01	Yardımlı	23±3,26	153,3	LASA-42	Masallı	17±0,44	113,3
LASA-88-01	Yardımlı	26±4,12	173,3	LASA-9	Slovakiya	16±3,46	106,6
St.LASA-5-69	AZE	24±2,74	100	İFLA-1870	Banqladeş	17±1,67	70,8
GP51	ICARDA	11±1,23	45,8	İFLA-274	Kanada	12±1,12	50,0
GP52	ICARDA	29±3,12	120,8	İFLA-1720	Mərakeş	11±0,98	45,8

GP53	ICARDA	31±2,89	129,1	İFLA-479	Efiopiya	14±1,98	58,3
GP54	ICARDA	27±3,1	112,5	İFLA-2475	Banqladəş	8±0,87	33,3
GP55	ICARDA	23±1,23	95,8	İFLA-1795	Pakistan	7±0,86	29,1
GP56	ICARDA	14±1,09	58,3	İFLA-276	Macarıstan	6±0,56	25
GP57	ICARDA	16±1,23	66,6	İFLA-2026	Banqladəş	11±0,71	45,8
GP58	ICARDA	27±2,06	112,5	İFLA-2636	Banqladəş	11±0,56	45,8
GP59	ICARDA	21±2,11	87,5	İFLA-2282	Banqladəş	20±1,12	83,3
GP65	ICARDA	29±1,24	120,8	İFLA-143	Yunanıstan	11±0,98	45,8
GP71	ICARDA	11±0,98	45,8	İFLA-2973	Banqladəş	19±1,01	79,1
GP72	ICARDA	7±0,21	29,1	İFLA-242	Əfqanıstan	11±1,06	45,8
GP73	ICARDA	29±1,78	120,8	İFLA-160	Almaniya	32±2,03	133,3
GP74	ICARDA	24±1,87	100	İFLA-157	Yunanıstan	16±1,12	66,6
GP75	ICARDA	33±2,09	137,5	İFLA-148	Yunanıstan	27±2,43	112,5
GP76	ICARDA	9±0,32	37,5	İFLA-142	Yunanıstan	21±0,96	87,5
GP77	ICARDA	8±0,34	33,3	İFLA-169	Yunanıstan	13±0,31	54,1
GP78	ICARDA	5±0,21	20,8	İFLA-254	Kanada	24±1,34	100
GP87	ICARDA	5±0,21	20,8	İFLA-123	Yunanıstan	27±1,34	112,5
GP88	ICARDA	14±2,98	58,3	İFLA-151	Yunanıstan	11±1,11	45,8
GP89	ICARDA	19±1,21	79,1	İFLA-128	Yunanıstan	13±0,56	54,1
GP96	ICARDA	9±0,54	37,5	İFLA-176	Yunanıstan	7±0,23	29,1
GP99	ICARDA	8±0,43	33,3	İFLA-134	Yunanıstan	11±0,72	45,8
GP100	ICARDA	51±2,12	212,5	İFLA-240	Əfqanıstan	11±0,76	45,8

Min dənin kütləsi mühüm təsərrüfat göstəricisi olub sort xüsusiyyətini təyin etməklə, hava şəraitindən də asılı olaraq dəyişir. 1000 dənin kütləsi adətən dənin iri olması ilə xarakterizə olunur. A.İ.Nosavotskiyə görə suvarma dövründə yüksək temperatur 1000 dənin kütləsini azaldır. Həmçinin yağışlı və rütubətli havada da 1000 dənin kütləsi aşağı düşür (Носавотский, 1965). 1000 dənin kütləsi əkin lərgəsi nümunələrinin toxum məhsuldarlığında əsas göstəricilərdən olub nümunələrdə 35-201 q ($X_{orta}=120,36$ q; $V\Theta=45,79\%$) arasında dəyişmişdir. (cədvəl 4.).

Cədvəl 4.

Əkin lərgəsinin sortnümunələrinin 1000 dənin kütləsinə görə qiymətləndirilməsi

Nümunənin Adı	Toplandı Yeri	1000 dənin kütləsi, q	St.nisbətən-%-lə	Nümunənin adı	Toplandı yer	1000 dənin kütləsi, q	St.nisbətən-%-lə
St. LASA-23	Masallı	182±1,48	100	LASA-92-01	Yardımlı	159±4,61	87,3
LASA-1-71	Lənkəran	178±3,64	97,8	LASA-18	Lerik	162±4,15	89
LASA-3-75	Cəlilabad	201±0,83	110,4	LASA-19	Lerik	158±4,47	86,8
LASA-4-74	Astara	158±1,78	86,8	LASA-20	Lerik	131±2,681	71,4
LASA-5-69	Lerik	152±2,07	83,5	LASA-21	Lerik	175±1,87	96,1
LASA-7-68	Cəlilabad	175±2,38	96,1	LASA-22	Lerik	138±3,28	75,8
LASA-8-73	Cəlilabad	149±2,60	81,8	LASA-24	Masallı	140±2,96	76,9
LASA-9-72	Masallı	144±2,86	79,1	LASA-25	Lerik	162±4,14	89
LASA-2-76	Cəlilabad	186±3,19	102,1	LASA-43	Lənkəran	148±6,30	81,3
LASA-74-01	Yardımlı	169±3,34	92,8	LASA-41	Cəlilabad	145±7,66	79,6
LASA-85-01	Yardımlı	188±3,43	103,2	LASA-42	Masallı	186±6,01	102,1
LASA-88-01	Yardımlı	185±4,71	101,6	LASA-9	Slovakiya	154±4,23	84,6

LASA-81-01	Yardımlı	164±3,50	90,1				
St.LASA-5-69	AZE	208±2,07	100	İFLA-1870	Banqladəş	111±2,00	53,3
GP51	ICARDA	35±1,00	16,8	İFLA-274	Kanada	108±3,61	51,9
GP52	ICARDA	157±1,53	75,4	İFLA-1720	Mərakeş	100±2,00	48
GP53	ICARDA	108±1,00	51,9	İFLA-479	Həbəşistan	125±2,65	60,1
GP54	ICARDA	89±2,00	42,7	İFLA-2475	Banqladəş	71±2,52	34,1
GP55	ICARDA	107±1,53	51,4	İFLA-1795	Pakistan	69±2,08	33,1
GP56	ICARDA	44±1,53	21,1	İFLA-276	Macarıstan	76±1,53	36,5
GP57	ICARDA	52±2,52	25	İFLA-2026	Banqladəş	100±2,52	48
GP58	ICARDA	79±2,08	37,9	İFLA-2636	Banqladəş	97±3,06	46,6
GP59	ICARDA	72±4,16	34,6	İFLA-2282	Banqladəş	77±1,15	37
GP65	ICARDA	158±1,15	75,9	İFLA-143	Yunanıstan	119±1,53	57,2
GP71	ICARDA	78±4,00	37,5	İFLA-2973	Banqladəş	103±2,00	49,5
GP72	ICARDA	57±6,43	27,4	İFLA-242	Əfqanıstan	87±2,00	41,8
GP73	ICARDA	96±3,06	46,1	İFLA-160	Almaniya	79±1,73	37,9
GP74	ICARDA	85±2,08	40,8	İFLA-157	Yunanıstan	96±1,53	46,1
GP75	ICARDA	82±2,08	39,4	İFLA-148	Yunanıstan	83±1,73	39,9
GP76	ICARDA	52±2,65	25	İFLA-142	Yunanıstan	87±2,00	41,8
GP77	ICARDA	84±3,51	40,3	İFLA-169	Yunanıstan	73±1,15	35,1
GP78	ICARDA	73±1,73	35	İFLA-254	Kanada	78±1,73	37,5
GP87	ICARDA	45±2,08	21,6	İFLA-123	Yunanıstan	179±3,06	86
GP88	ICARDA	122±2,65	58,6	İFLA-151	Yunanıstan	131±3,51	62,9
GP89	ICARDA	102±3,00	49	İFLA-128	Yunanıstan	178±2,31	85,5
GP96	ICARDA	76±3,06	36,5	İFLA-176	Yunanıstan	83±2,52	39,9
GP99	ICARDA	77±5,51	37	İFLA-134	Yunanıstan	109±2,65	52,4
GP100	ICARDA	171±2,08	82,2	İFLA-240	Əfqanıstan	145±3,65	69,7

Yerli formalarda yetişdirilmə ilindən asılı olaraq bu göstərici 131-201 q ($X_{orta}=170,35$ q; $VC=16,81\%$), ICARDA nümunələrində isə 35,0- 179,0 q ($X_{orta}=96,38$ q; $V\Theta=34,38\%$) arasında olmuşdur. ICARDA-nın nümunələrində ən xırda toxumlu GP 51 (35,0 q), ən iri toxumlu isə İFLA-123 (179,0 q) nümunələri olmuşdur. st. LASA-23 (182,0 q) ilə müqayisədə yerli formalardan LASA-42 (186 q), LASA-2-76 (186,0 q), LASA-85-01 (188,0 q), LASA-3-75 (201,0 q) nümunələri bu əlamətə görə yüksək olmuşdur. Yerli formalardan ən aşağı göstəriciyə LASA-20 (131,0 q) nümunəsində rast gəlinmişdir

Cədvəl 4-dən də göründüyü kimi, yerli nümunələrin hamısı iritoxumlu olması ilə ICARDA-dan alınmış sortnümunələrdən fərqlənmişdir. ICARDA-dan alınmış nümunələrdə bu əlamətə görə st. LASA-5-69-dan yüksək göstəriciyə malik olan nümunə müşahidə olunmamışdır. Bunu da qeyd edək ki, ICARDA-nın nümunələrinin böyük əksəriyyəti (35 nümunə) xırdatoxumlu (35-97 q) olmuşdur ki, bu nümunələr xırdatoxumlu əlamət kolleksiyasına daxil edilmişdir (Asadova, 2023).

Toxum məhsulu. Tədqiqat ilində əkin lərgəsi nümunələrinin toxum məhsulu sortnümunələrinin xüsusiyyətindən və hava şəraitindən asılı olaraq yerli nümunələrdə 1 m^2 -də 154-209 q ($X_{orta}=104,0$ q; $V\Theta=48,19\%$), ICARDA nümunələrində isə 76-402 q arasında dəyişmişdir (cədvəl 5).

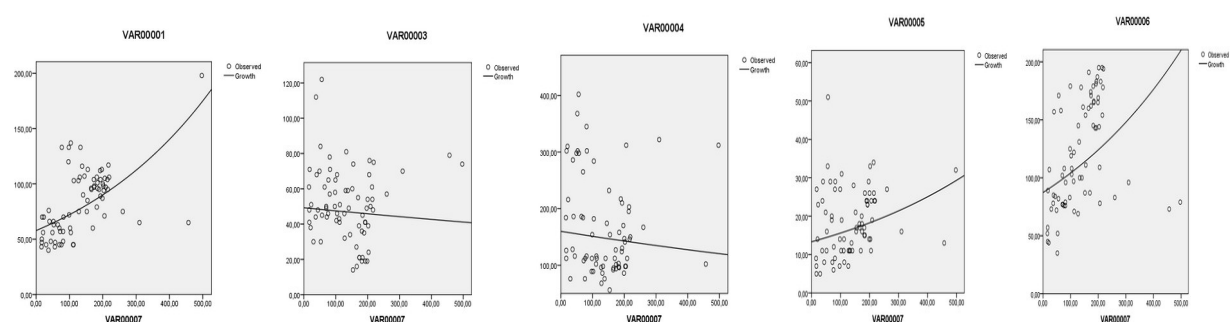
Cədvəl 5.

Əkin lərgəsinin sortnümunələrinin 1 m²-də dən məhsuldarlığına görə qiymətləndirilməsi

Nümunənin adı	Toplandığı Yer	1 m ² -də məhsuldarlıq, q	St.-a nisbətən %-lə	Nümunənin adı	Toplandığı yer	1 m ² -də məhsuldarlıq, q	St.-a nisbətən %-lə
St. LASA-23	Masallı	192±7,81	100	LASA-92-01.	Yardımlı	180±6,15	93,7
LASA-1-71	Lənkəran	209±5,59	108,8	LASA-18	Lerik	202±8,61	105,2
LASA-3-75	Cəlilabad	198±7,09	103,1	LASA-19	Lerik	197±9,60	102,6
LASA-4-74	Astara	197±9,29	102,6	LASA-20	Lerik	188±6,60	91,9
LASA-5-69	Lerik	198±7,22	103,1	LASA-21	Lerik	163±8,56	84,8
LASA-7-68	Cəlilabad	206±4,98	107,2	LASA-22	Lerik	194±11,80	101
LASA-8-73	Cəlilabad	189±5,40	98,4	LASA-24	Masallı	196±5,71	102
LASA-9-72	Masallı	173±3,96	90,1	LASA-25	Lerik	179±7,10	93,2
LASA-2-76	Cəlilabad	202±5,55	105,2	LASA-43	Lənkəran	184±14,31	95,8
LASA-74-01	Yardımlı	206±7,79	107,2	LASA-41	Cəlilabad	182±15,68	94,7
LASA-85-01	Yardımlı	208±6,83	108,3	LASA-42	Masallı	173±13,90	90,1
LASA-88-01	Yardımlı	186±5,83	96,8	LASA-9	Slovakiya	154±8,01	80,2
LASA-81-01	Yardımlı	184±9,07	95,8				
St.LASA-5-69	AZE	225±7,2	100,0	İFLA-1870	Banqladeş	154±4,1	68,4
GP51	ICARDA	302±7,8	134,2	İFLA-274	Kanada	112±4,9	49,7
GP52	ICARDA	235±4,9	104,4	İFLA-1720	Mərakeş	98±4,2	43,5
GP53	ICARDA	293±9,0	130,2	İFLA-479	Həbəşistan	112±1,2	49,7
GP54	ICARDA	255±3,9	113,3	İFLA-2475	Banqladeş	112±8,2	49,7
GP55	ICARDA	216±5,4	96,0	İFLA-1795	Pakistan	96±2,7	42,6
GP56	ICARDA	310±4,3	137,7	İFLA-276	Macarıstan	76±1,7	33,7
GP57	ICARDA	302±23,5	134,2	İFLA-2026	Banqladeş	112±7,4	49,7
GP58	ICARDA	345±25,7	153,3	İFLA-2636	Banqladeş	102±6,6	45,3
GP59	ICARDA	298±5,5	132,4	İFLA-2282	Banqladeş	265±9,4	117,7
GP65	ICARDA	186±8,5	82,6	İFLA-143	Yunanıstan	186±4,5	82,5
GP71	ICARDA	128±2,5	56,8	İFLA-2973	Banqladeş	182±5,2	80,8
GP72	ICARDA	126±5,4	56,0	İFLA-242	Əfqanıstan	112±2,5	49,7
GP73	ICARDA	302±16,3	134,2	İFLA-160	Almaniya	312±9,4	138,6
GP74	ICARDA	286±18,3	127,1	İFLA-157	Yunanıstan	322±10,8	143,1
GP75	ICARDA	402±26,5	178,6	İFLA-148	Yunanıstan	167±4,0	74,2
GP76	ICARDA	184±2,8	81,7	İFLA-142	Yunanıstan	232±7,5	103,1
GP77	ICARDA	116±3,5	51,5	İFLA-169	Yunanıstan	102±1,1	45,3

GP78	ICARDA	116±6,9	51,5	İFLA-254	Kanada	312±7,7	138,6
GP87	ICARDA	112±2,1	49,7	İFLA-123	Yunanıstan	154±3,3	68,4
GP88	ICARDA	116±3,9	51,5	İFLA-151	Yunanıstan	186±2,2	82,6
GP89	ICARDA	184±3,3	81,4	İFLA-128	Yunanıstan	186±3,8	82,6
GP96	ICARDA	116±3,5	51,5	İFLA-176	Yunanıstan	189±4,5	84,0
GP99	ICARDA	108±3,2	48,0	İFLA-134	Yunanıstan	198±4,5	88,0
GP100	ICARDA	298±9,2	132,5	İFLA-240	Əfqanıstan	168±9,9	74,6

Öyrənilən kəmiyyət elementləri arasında bioloji məhsuldarlığa daha çox təsir edən əlamətləri ayırd etmək məqsədilə reqresiya analizi aparılmışdır (Asadova, 2023). Reqresiya analizinin nəticələrinə əsaslanaraq, məhsuldarlıqla öyrənilən kəmiyyət elementləri arasındakı xətti əlaqə şəkil 3.-də vizual olaraq göstərilmişdir.



Şəkil 3. Məhsuldarlıqla (VAR00007) bitkinin hündürlüyü (VAR00001), 1 bitkidə paxlanın sayı (VAR00003), 1 bitkidə dənin sayı (VAR00004), 1 bitkidə dənin kütləsi (VAR00005) və 1000 dənin kütləsi (VAR00006) arasındakı əlaqə

NƏTİCƏ

Aparduğumuz tədqiqatda bitkilərin biometrik analizləri göstərdi ki, məhsuldarlığı əsasən əsas əlamətlərin dəyişkənliyi, genotipik müxtəliflik və becərilmə ilinin vəziyyəti müəyyən edir. Əlamətlərdən bitkidə dənin və paxlanın sayı, bitkidə dənin kütləsinin variasiya əmsalı orta əhəmiyyətli olmaqla dəyişkənliyin güclü göstəricisidir. Paxlada dənin sayı, 1000 dənin kütləsindəki dəyişkənlik orta səviyyədə olmaları ilə xarakterizə olunur. Paxlada dənin sayı ilə bitkidə dənin sayı arasında güclü müsbət korrelyasiyanın; 1000 dənin kütləsi və bitkidə dənin sayı; 1000 dənin kütləsi və paxlada dənin sayı, bitkidə paxlanın sayı; toxumun kütləsi və gövdənin uzunluğu arasında isə çox zəif əlaqənin olduğu müəyyən edilmişdir.

ƏDƏBİYYAT

Международный классификатор СЭВ культурных видов рода *Phaseolus* L. (сост. В.Буданова и др.) Л.: ВИР 1985;45. [International SEV classifier of cultivated species of the genus *Phaseolus* L. (compiled by V. Budanova and others) L.: VIR 1985;45. (in Russian)].

Носавотский А.И. Пшеница. Биология. 1965;586. [Nosavotsky A.I. Wheat. Biology. 1965;586. (in Russian)].

Asadova A., Babayeva S., İzzatullayeva V., Akbarova S. Molecular characterization of *L. sativus* L. collection based on ISSR markers. *Genetika*. 2020;52 (2):777-78

Asadova A. Sources of economically valuable features for selection of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in conditions of absheron peninsula. *Agricultural Reviews* 2023; 44 (3):397-404

Dempewolf H, Eastwood RJ, Guarino L, Khoury CK, Müller JV, Toll J. Adapting agriculture to climate change: a global initiative to collect, conserve, and use crop wild relatives. *Agroecol Sustain Food Syst*, 2014;38: 369–377.

Methodology for the definition of a key set of characterization and evaluation descriptors for crass pea (*Lathyrus sativus* L.) Key Characterization and Evaluation Descriptors:

Methodologies for the Assessment of 22 Crops. Bioversity International. Italy, 2011;42-71

СВЯЗЬ ПРОДУКТИВНОСТИ СО СТРУКТУРНЫМИ ЭЛЕМЕНТАМИ У ГЕНОТИПОВ ЧИНЫ ПОСЕВНОЙ (*Lathyrus sativus* L.)

Алмас Асадова

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Роль зернобобовых культур в обеспечении потребности населения в белке является незаменимой. Богатство белком, незаменимыми аминокислотами, витаминами и минералами обеспечивает их высокую пищевую ценность. Обеспечение потребностей населения страны в зернобобовых культурах за счёт отечественной продукции делает необходимым создание новых устойчивых и высокопродуктивных сортов. Этого можно достичь путём научно-теоретического изучения известных в настоящее время местных и интродуцированных форм и определения их потенциальных возможностей. Иными словами, сбор, изучение, размножение и создание новых сортов зернобобовых культур, являющихся здоровой альтернативой в удовлетворении суточной потребности организма человека в белке, имеют большое значение.

В Азербайджане площади посевов чины посевной ограничены и не позволяют обеспечить значительное производство продукции. Поэтому комплексное изучение морфобиологических особенностей генетических ресурсов растений для получения перспективных сортов для каждого региона является весьма актуальным. В статье представлена оценка структурных элементов урожайности, имеющих большое значение, у сортообразцов чины посевной (*Lathyrus sativus* L.), собранных в различных регионах республики и интродуцированных.

Комплексное изучение образцов чины посевной позволяет использовать их в селекции как доноры хозяйственно-ценных признаков и как генетические источники для создания исходного селекционного материала. Проведённый нами биометрический анализ растений показал, что урожайность в основном определяется изменчивостью основных признаков, генотипическим разнообразием и условиями года возделывания.

Из признаков наиболее вариабельными, со средним коэффициентом вариации, являются количество семян и бобов на растении и масса семян, что указывает на высокую степень изменчивости. Количество семян в бобе и вариабельность массы 1000 семян характеризуются средним уровнем изменчивости.

Установлено наличие сильной положительной корреляции между количеством семян в бобе и количеством семян на растении; между массой 1000 семян и количеством семян на растении; между массой 1000 семян и количеством семян в бобе, количеством бобов на растении; а также очень слабая связь между массой семян и длиной стебля.

Ключевые слова: урожайность, количество зерен, масса 1000 зерен, структурные элементы, чина, альтернативный источник пищи, селекция.

RELATIONSHIP BETWEEN PRODUCTIVITY AND STRUCTURAL ELEMENTS IN GRASS PEA (*Lathyrus sativus* L.) GENOTYPES

Almas Asadova

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

The role of grain legumes in meeting the population's protein requirements is indispensable. Their richness in protein, essential amino acids, vitamins, and minerals ensures their high nutritional value as food crops. Meeting the demand for grain legumes in the country through domestic production necessitates the development of new, stable, and high-yielding varieties. This can be achieved through scientific and theoretical study of currently known local and introduced forms and determination of their

potential capabilities. In other words, the collection, study, propagation, and development of new varieties of grain legumes, which represent a healthy alternative for satisfying the daily protein requirements of the human body, are of great importance.

In Azerbaijan, the cultivated area of grass pea is limited and does not allow for significant production. Therefore, the comprehensive study of the morphobiological characteristics of plant genetic resources for obtaining promising varieties for each region is highly relevant. The article presents an evaluation of yield-related structural elements of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) accession samples collected from different regions of the republic and introduced into cultivation.

Comprehensive study of grass pea samples enables their use in breeding as donors of economically valuable traits and as genetic sources for the development of initial breeding material. Our biometric analysis of the plants showed that yield is mainly determined by the variability of key traits, genotypic diversity, and growing conditions of the year.

Among the traits, the number of seeds and pods per plant and seed mass showed a medium coefficient of variation, indicating a high degree of variability. The number of seeds per pod and the variation in the weight of 1000 seeds are characterized by a moderate level of variability.

A strong positive correlation was found between the number of seeds per pod and the number of seeds per plant; between the weight of 1000 seeds and the number of seeds per plant; between the weight of 1000 seeds and the number of seeds per pod and the number of pods per plant; while a very weak relationship was observed between seed mass and stem length.

Keywords: *productivity, number of grains, weight of a thousand grains, structural elements, grass pea, alternative source of food, selection.*

Çapa təqdim etmişdir: *Abidin Məhərrəmli oğlu Abdullayev, a.e.ü.f.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *20.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *06.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *06.04.2026*

UOT 635.646

ABŞERON ŞƏRAİTİNDƏ ŞİRİN BİBƏRİN (*Capsicum annuum* L.) MƏHSULDARLIĞININ VƏ KEYFİYYƏTİNİN YÜKSƏLDİLMƏSİ

SABİR HƏSƏNOV*, SEVİNC MƏMMƏDOVA

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr., 155
sibir_hasanov@rambler.ru

Yer kürəsində əhalinin sürətli artımı qida maddələrinə olan tələbatın artmasına səbəb olur. Bu tələbatı ödəmək üçün kənd təsərrüfatında gübrələmə və pestisidlərdən istifadəyə çox geniş yer verilir. Kimyəvi maddələrdən istifadə torpağın quruluşuna, qələviliyinə (pH), münbitliyinə mənfi təsir göstərir. Bu da kənd təsərrüfatında kimyəvi maddələrdən istifadənin azaldılması və alternativ becərmə üsullarının işlənilib hazırlanması üzrə tədqiqatların artırılması işini aktuallaşdırır. Son illərdə kənd təsərrüfatında bitki və heyvan mənşəli üzvi tullantılardan əldə edilən maddələrin tətbiqləri daha geniş yayılmışdır. Tədqiqatçılar bunlarla yanaşı, bitki müqaviməti kimi mexanizmlərin aktivləşdirilməsi ilə də müəyyən naaliyyətlər əldə olunduğunu göstərmişlər. Bu tədqiqatın əsas məqsədi, Azərbaycanın Abşeron bölgəsində açıq sahədə, damcı üsulu ilə suvarma şəraitində pH 3-5, tərkibində (Humik+Fulik) Asit 42%, üzvü maddələr 45% olan EVROFİL- 42 bitkidən alınmış qatı humik turşusundan istifadə etməklə şirin bibər üçün zonal becərmə texnologiyasını təkmilləşdirmək və bu maddənin tətbiqinin optimal miqdarını müəyyənləşdirməkdir. Qeyd etmək lazımdır ki, nəzarət variantlarda bitki inkişafı fazalarının başlanğıcında heç bir əhəmiyyətli fərq müşahidə olunmamışdır. Bütün bitkilər fazalarına eyni vaxtda daxil olmuşdur. Üç illik nəticəyə əsasən, EVROFİL- 42 bitkidən alınmış qatı humik turşusunun 20 %-lik qatılıqdakı məhlulunun şirin bibərlərin meyvə məhsuldarlığına və meyvə toxumasına əhəmiyyətli dərəcədə müstət təsir göstərdiyi məlum olmuşdur. Bu qatılıqda ümumi meyvə məhsuldarlığı 25221,4 q, əmtəlik meyvə məhsuldarlığı 23882,4 q, yararsız meyvələrin sayı isə orta hesabla 6,25 ədəd olmuşdur. EVROFİL- 42 bitkidən alınmış qatı humik turşusunun 20 %-lik qatılıqdakı məhlulunun tətbiqindən alınan nəticələr, nəzarət, 10 və 30%-lik qatılıqdakı tətbiqlərdən alınan nəticələrdən yüksək olmuşdur. Şirin bibərin becərilməsi zamanı 20%-lik qatılıqdakı EVROFİL- 42 bitkidən alınmış qatı humik turşusu tətbiqinin optimal qatılıq olduğu müəyyənləşdirilmişdir.

Açar sözlər: şirin bibər, hibrid, EVROFIL- 42, kök vasitəsilə qidalandırma, məhsuldarlıq, yarpaqlar vasitəsilə qidalandırma.

GİRİŞ

Yer kürəsində əhalinin sürətli artımı qida maddələrinə olan tələbatın artmasına səbəb olur (Nauman et al. 2020). Bu tələbatı ödəmək üçün kənd təsərrüfatında gübrələmə və pestisidlərdən istifadəyə çox geniş yer verilir. Məlumdur ki, kimyəvi maddələrdən həddindən artıq istifadə torpağın quruluşuna, qələviliyinə (pH), münbitliyinə mənfi təsir göstərir (Gill, Garg, 2014; Bisen et al., 2015). Bütün bunlara baxmayaraq, bitkilərin inkişafının davamlılığını təmin etmək üçün belə maddələrin torpağa əlavə edilməsi zərurəti yaranır (Li, Marschner, 2019). Bu da kənd təsərrüfatında kimyəvi maddələrdən istifadənin azaldılması və alternativ üsulların işlənilib hazırlanması üzrə tədqiqatların artırılması işini aktuallaşdırır. Tədqiqatçılar bu məqsədlə təbii üzvü tullantılardan hazırlanmış qidalandırıcı maddələrindən istifadəyə geniş yer verirlər. Hazırda kompostların bitkilərin inkişafına, məhsuldarlığına, xəstəlik və zərərvericilərə qarşı mübarizədə istifadə olunma potensialına malik müxtəlif formaları vardır (Öztürkci, Akköprü, 2021). Vermikompostun bərk və maye formaları ilə bağlı bir çox araşdırmalar mövcuddur. Belə araşdırmalar bitki və heyvan tullantılarının bitkilər üçün faydalı formalara çevrilə bildiyini göstərir (Olle, 2019; Gül və b., 2021; Öztürkci və b., 2021; Ducasse et al., 2022). Tədqiqatçılar

göstərilər ki, müntəzəm olaraq torpağa üzvi gübrələrin verilməsi onun fiziki və kimyəvi xassələrini yaxşılaşdırır (Al-Amin et al., 2017). Son illərdə kənd təsərrüfatında bitki və heyvan mənşəli üzvi tullantılardan əldə edilən maddələrin tətbiqləri daha geniş yayılmışdır (Bisen et al., 2015; Hussain et al., 2017). Tədqiqatçılar bunlarla yanaşı, bitki müqaviməti kimi mexanizmlərin aktivləşdirilməsi ilə də müəyyən naaliyyətlər əldə olunduğunu göstərmişlər (Sarma et al., 2010; Şimşək-Ersahin, 2011).

Dünyanın bir çox ölkələrində açıq sahədə tərəvəz bitkilərinin becərilməsi kənd təsərrüfatının çox vacib bir hissəsidir (Калмыкова, 2020; Калмыкова и др., 2021; Bisen et al. 2015). Əhalinin əsas qida məhsullarına artan ehtiyaclarının ödənilməsi sahəsində şirin bibər çox əhəmiyyətli tərəvəz məhsuludur (Беляев и др., 2022; Рамазанов и др. 2020; Гурина и др. 2023) Şirin bibərin sabit məhsuldarlığını təmin etmək üçün təhlükəsiz becərmə üsulları, səmərəli suvarma sistemləri və yerli şəraitə davamlı yüksək məhsuldar sortlardan və hibridlərdən istifadə vacibdir (Каракаджиев и др., 2023; Кигашпаева и др., 2021; Кигашпаева, 2022). Uyğunlaşdırılmış sortların müəyyənləşdirilməsi, yeni hibridlərin yaradılması və istifadəsi şirin bibər məhsulu yetişdirilməsində böyük əhəmiyyət kəsb edir (Попова Д.А., 2022). Şirin bibər sortları və hibridləri dünyanın hər yerində, iqlim şəraitinin imkan verdiyi hər yerdə becərilir. Çoxsaylı tədqiqatlar göstərir ki, böyümə tənzimləyicilərinin istifadəsi şirin bibər məhsuldarlığını əhəmiyyətli dərəcədə artırır. Böyümə stimulyatorlarının istifadəsi bu məhsul yetişdirilərkən xüsusi əhəmiyyət kəsb edir (Холмуминов и др. 2021; Борисов и др. 2021; Мягкова, 2021; Осипова и др. 2021; Chilczuk et al. 2025).

Tədqiqatçılar göstərilər ki, böyümə stimulyatorlarının istifadəsi bitkilərin məhsuldarlığını, xəstəliklərə qarşı müqavimətini artırır, meyvələrinin keyfiyyətini yaxşılaşdırır və sudan istifadə səmərəliliyini yüksəldir. Avdeenko S.S. və b. 2017-2019-cu illərdə apardıqları tədqiqatların nəticələrini təqdim edərək böyümə stimulyatorlarının tətbiqinin Porteka və Flamingo şirin bibər hibridlərinin xəstəliklərə qarşı müqavimətinə, məhsuldarlığına və keyfiyyətinə müsbət təsir etdiyini göstərmişlər (Avdeenko və b., 2020)

Bu tədqiqatın məqsədi EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusunun sabit şirin bibər hibridinin məhsuldarlığına və keyfiyyətinə təsir edən optimal qatılığı müəyyən etmək olmuşdur.

Təcrübə sahəsinin əsas torpaq növü boz-qonur torpaqlarıdır.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqatda şirin bibərlərin sərbəst tozlanmadan alınmış sabit hibridindən və pH-ı 3-5, tərkibində (Humik+Fulik) Asit 42%, üzvü maddələr 45% olan EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusunun 10%, 20%, 30%-li məhlullarından istifadə olunmuşdur.

Tədqiqat işi 2023-2025-cü illərdə Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron Təcrübə sahəsində ümumi qəbul edilmiş metodlara uyğun olaraq aparılmışdır (Методика Государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур, 2015; Литвинов и др. 2011; Доспехов, 1985; Брежнев, 1977).

Təcrübə sahəsinin hazırlanması zamanı bölgə üçün mövcud olan təkliflər nəzərə alınmışdır. Payız fəslində ərazi təmizlənmiş, 22-24 sm dərinlikdə şümləmə aparılmış, şum altına üzvi gübrə (mal peyini) və mineral gübrələr verilmişdir. Yazda təkrar şümləmə aparılmışdır. Əkindən əvvəl torpaq isti marqanç ($Kmno_4$) məhlulu ilə işlənmişdir. Şirin bibər bitkilərinin vegetasiyası dövründə Aktara, VDG, Karate Zeon, MKS, Breakek, ME, Kurzat R kimi kimyəvi maddələrdən istehsalçı şirkətlərin təklifləri nəzərə alınmaqla istifadə edilmişdir. Sahəyə qulluq işləri əl vasitəsilə yerinə yetirilmişdir. Şirin bibər şitilləri qızdırılmayan istixanada becərilmiş 30-35 günlük şitillər torpağın temperaturu +10, +12°C-yə çatdıqda açıq əkin sahəsinə köçürülmüşdür. Əkin sahəsi hər biri 25 m² olmaqla (seçim 1, nəzarət (təmizləmə olmadan); seçim 2, 10 %-li; seçim 3, 20%-li; seçim 4, 30%-li EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusu məhlulları tətbiq edilməklə cərgə arası 1,4 metr olmaqla 4 təkrarda aparılmışdır. Kök vasitəsilə qidalandırma əkin və ilk suvarmadan 1 gün sonra 10 günlük fasilələrlə 3 dəfə, yarpaqlar

vasitəsilə qidalandırma 3-4 yarpaq mərhələsindən başlayaraq 8 günlük fasilələrlə 3 dəfə aparılmışdır. Cərgələrdə torpaq nəmliyi damcı suvarma üsulu ilə tənzimlənmişdir. Becərilmə və məhsul yığımı əl ilə həyata keçirilmişdir. Şirin bibər meyvələrinin bərkliyi *Fruit Yardness Tester* GY-09 cihazından istifadə edilərək müəyyən edilmişdir. Meyvələrin saxlanmaya davamlılığı GOST R 55885-2013 – təzə şirin bibərin texniki xüsusiyyətlərinin tələblərinə uyğun olaraq aparılmışdır.

Məhsulun keyfiyyəti vizual qiymətləndirmə (xarici görünüşünə görə), stimullaşdırıcı peraparatın müxtəlif qatılıqlarda tətbiqlə becərilmiş şirin bibər meyvələrinin qiymətləndirilməsi, balla ümumi sahədəki meyvələrin keyfiyyəti haqqındakı ümumi təsəvvürə görə aparılmışdır. Xarici görünüşə görə qiymətləndirmə 5 ballıq şkala üzrə aparılmışdır. 1.İstifadə üçün tam yararsız meyvələr. 2. Aşağı keyfiyyətli meyvələr. 3. Orta keyfiyyətli meyvələr. 4.Yaxşı keyfiyyətli meyvələr.

Dad keyfiyyəti bibər meyvələrinin bir dəfə dequstasiyası ilə meyvələrin kütləvi yetişməsi vaxtı aparılmışdır. Bunun üçün 5 ədəd tipik meyvə götürülmüşdür. Meyvələr saplağa bitişik hissədən uzununa sona qədər kəsilərək ikiyə bölünmüşdür. Dad keyfiyyəti də beş ballıq şkalaya görə qiymətləndirilmişdir. Çoxdadsızlar -1 balla; dadsızlar-2 balla; orta dərəcədə dadlılar -3 balla; dadlılar-4 balla; çox dadlılar -5 balla qiymətləndirilmişdir. Onu da qeyd etmək lazımdır ki, bibər meyvələri xoşagələn dadlı, qıcıqlandırmayan dadlı və kifayət qədər şirin və turşulu dadlı kimi xarakterizə olunur.

Şirin bibərdə mexaniki davamlılıq və meyvələrində quru maddə miqdarı kimi əlamətlər də qiymətləndirilmişdir. Bibər meyvələrinin mexaniki davamlılığı anoloji penetometrle müəyyənləşdirilmişdir.

Meyvələrin saxlanmaya davamlılığı yığılmış quru, həşəratlar tərəfindən zədələnməmiş təzə şirin meyvələr QOST P 55885-2013 tələblərinə cavab verən, digər iylərin olmadığı texniki şəraitədə saxlanılmaqla öyrənilmişdir.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Sabit hibrid xətt tezyetişəndir. Hibridin meyvələrinin yetişməsi cücərmədən 110-120 gün sonra başlayır. Bitkiləri orta böyümə tipinə malikdir, kolu sıxdır, bitkilərinin hündürlüyü 60-70 sm, eni 50-60 sm civarındadır.Yarpaqları orta ölçülü və tünd yaşıl rəngdədir, bitkilərin yarpaqlanması orta səviyyədədir. Meyvələri pramida formadadır, uzunluqları 9-12 sm, eni 5-6 sm-dir, meyvələrin çəkisi 170 -180 q -dır.Texniki yetişkənlik dövründə meyvələr tünd yaşıl, bioloji yetişkənlik dövründə isə tünd qırmızı rəngdə olur. Meyvə ləti çox suludur, zərifdir və şirindir. Meyvələrin üst hissəsi hamar və parlaq rəngdə olur, qalın divarlıdır (8-9 mm). Hibrid bitkilərin hətta aşağı temperaturda da meyvəbağlama qabiliyyəti yaxşıdır. Örtülü sahədə də becərilməsi təklif olunur. Kulunariyanın bütün tələblərinə cavab verir, salatda çiy halda, konservləşdirilmiş və dondurulmuş şəkildə istifadə üçün çox yararlıdır.

Qeyd etmək lazımdır ki, eksperimental variantlar arasında fazaların başlanğıcında heç bir əhəmiyyətli fərq müşahidə olunmamışdır. Bütün bitkilər fazalarına eyni vaxtda daxil olmuşdur. Üç illik nəticəyə əsasən, EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusunun 20 %-lik qatılıqdakı məhlulu şirin bibərlərin meyvə məhsuldarlığına və meyvə toxumasına əhəmiyyətli dərəcədə müstət təsir göstərdiyi məlum olmuşdur. Bu qatılıqda ümumi meyvə məhsuldarlığı 25221,4 q, əmtəlik meyvə məhsuldarlığı isə 23882,4 q olmuşdur. Yararsız meyvələrin sayı isə ortahesabla 6,25 ədəd olmuşdur. EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusunun 20 %-lik qatılıqdakı məhlulunun tətbiqindən alınan nəticələr, nəzarət, 10%-lik və 30%-lik qatılıqdakı tətbiqlərdən alınan nəticələrdən yüksək olmuşdur (cədvəl 1, 2). Bu da bizə şirin bibərin becərilməsi zamanı 30%-lik qatılıqdakı EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusu tətbiqinin optimal qatılıq olduğu nəticəsinə gəlməyə imkan verir (cədvəl 1).

Cədvəl 1.

2022-2024-cü illərdə şirin bibər hibridinin 10 bitkisində məhsuldarlıq elementləri göstəriciləri

Variantlar	Təkrarlar	Meyvələrin ümumi sayı	Meyvələrin ümumi kütləsi	Əmtəlik meyvələrin sayı	Əmtəlik meyvələrin kütləsi	Yararsız meyvələrin sayı
		ədədlə	q-la	ədədlə	q-la	ədədlə
0	I	156	13692,5	150	13090,7	7
	II	218	22614,0	214	22101,0	5
	III	170	17679,5	167	17269,4	4
	IV	230	22130,7	222	21273,2	9
10 %	I	187	21300,1	176	19916,9	12
	II	244	31682,6	240	31010,8	5
	III	196	25500,2	190	24986,2	4
	IV	261	31926,0	248	30227,6	14
20%	I	274	30194,2	273	29866,2	3
	II	257	33307,2	253	32535,8	6
	III	196	23403,4	191	22930,8	4
	IV	224	25221,4	214	23882,4	12
30 %	I	273	30191,5	271	29864,4	4
	II	256	33304,4	251	32533,9	7
	III	195	23400,6	190	22928,8	5
	IV	223	25218,7	212	23880,6	13

Qeyd etmək lazımdır ki, vizual qiymətləndirmə zamanı stimulyatorun qatılığında asılı olaraq meyvələrin rəngində heç bir dəyişiklik qeydə alınmamışdır. Meyvələrin qabığının rəngində, quruluşunda eynilik olmuş, ləkəsizlik və səpələnmiş çilsizlik müşahidə edilmişdir. Alınmış meyvələr xarici görünüşünə görə 4,7-4,8 balla qiymətləndirilmişdir.

Aparılmış təcrübələrlə müəyyənləşdirilmişdir ki, bütün təcrübə variantlarında orta hesabla qiymətləndirmə 4,7 bal olmuşdur. Meyvələr standart formada, üzərləri parlaq, zədəsiz botaniki təsvirlərinə uyğun olmuşdur (cədvəl 3).

Bibər sorunda istifadə olunmuş stimulyatorun təsirindən şitillərin yarpaqlarında neqativ rəng dəyişməsi, yarpaq soluxması, yarpaqların ölməsi və anormal inkişafı qeydə alınmamışdır.

Aparılmış tədqiqatın nəticələrinə əsasən demək olar ki, istifadə olunmuş qatılıq variantlarının orta qiymətinə görə 20%-li variantında meyvə bərkliyi digər yüksək qatılıqlı variantlarda olduğundan daha yüksək olmuşdur. Meyvələrdə quru maddənin miqdarı variantdan asılı olaraq 5,5-5,8 % arasında dəyişmişdir (cədvəl 4). Nəzarət variantında bu göstərici 3,8-4,2 % intervalında olmuşdur.

Saxlama kamerasına qoyulmuş meyvələrin 13,3-25,0%-i texniki yetişmə vəziyyətində 50,0- 86,7%-i bioloji yetişmə vəziyyətində olmuşdur. Üç həftə müddətində bütün variantlardan alınmış və saxlanma kamerasında saxlanılan meyvələrin hamısı bioloji yetişmə mərhələsinə keçmişdir.

NƏTİCƏLƏR

1.Üç illik təcrübələrlə müxtəlif qidalandırma sxemləri tətbiq edilməklə müqayisəli analizlər aparılmış, daha effektivli variant müəyyənləşdirilmişdir, suvarılan torpaqlarda şirin bibərin yüksək və keyfiyyətli məhsul istehsalını təmin edən becərilmə texnologiyasının elementləri işlənilib hazırlanmış və əsaslandırılmışdır

2. EVROFİL 42 bitki mənşəli qatı humik turşusu ilə qidalandırmada şirin bibər hibridində məhsuldarlıq əhəmiyyətli dərəcədə artırmışdır. 20%-li məhlulundan istifadə variantında

məhsuldarlıq nəzarət və 30%-lik tətbiq variantındakından daha yüksək olmuşdur.

ƏDƏBİYYAT

- Авдеенко С.С., Авдеенко А.П., Соловьёва А.М., Нестерова Е.М., Колосков М.А.** Изучение эффективности применения стимуляторов роста на посадках перца сладкого. *Вестник Омского ГАУ*. 2020;2(38):5-13. [Avdeenko S.S., Avdeenko A.P., Solovyova A.M., Nesterova E.M., Koloskov M.A. Study of the effectiveness of growth stimulants in sweet pepper plantings. *Vestnik Omskogo GAU = Bulletin of Omsk State Agrarian University*. 2020; 2 (38): 5–13. (in Russian)]
- Брежнев Д.Д.** Методические указания по изучению и поддержанию мировой коллекции овощных пасленовых культур (томаты, перец, баклажаны). Л., 1977. 24 с. [Brezhnev D.D. Guidelines for the Study and Maintenance of the World Collection of Solanaceous Vegetable Crops (Tomatoes, Peppers, Eggplants). Leningrad, 1977;24. (in Russian)]
- Беляев А.И., Петров Н.Ю., Пугачева А.М., Аксенов М.П.** Усовершенствование технологических приёмов выращивания перца сладкого на юге России. *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. 2022;6(98):63–67. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2022-98-6-63-67> [Belyaev A.I., Petrov N.Yu., Pugacheva A.M., Aksenov M.P. Improvement of technological methods for growing sweet pepper in the south of Russia. *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta = Bulletin of the Orenburg State Agrarian University*. 2022;6(98):63–67. (in Russian)]
- Борисов В.А., Меньших А.М., Соснов В.С.** Урожайность и качество перца сладкого при комплексном применении удобрений и орошения на обыкновенных черноземах. *Картофель и овощи*. 2021;(10):21-23. <https://doi.org/10.25630/PAV.2021.35.63.007> <https://elibrary.ru/xsdrte> [Borisov V.A., Menshikh A.M., Sosnov V.S. Yield and quality of sweet pepper with the integrated use of fertilizers and irrigation on ordinary chernozems. *Kartofel i ovoshchi = Potatoes and vegetables*. 2021; (10): 21-23. (in Russian)]
- Гурина И.В., Тищенко А.П.** Режимы орошения перца сладкого. *Мелиорация и гидротехника*. 2023;13(4):243–262. <https://doi.org/10.31774/2712-9357-2023-13-4-243-262>. [Gurina I.V., Tishchenko A.P. Irrigation regimes for sweet pepper. *Melioratsiya i gidrotekhnika. = Land Reclamation and Hydraulic Engineering*. 2023;13(4):243–262. (in Russian)]
- Доспехов В.А.** Методика полевого опыта. М.: Агропромиздат.1985. 315. [Dospikhov V.A. Methods of field experiment. Moscow: Agropromizdat. 1985. 315. (in Russian) <https://doi.org/10.31774/2712-9357-2023-13-4-243-262>.]
- Каракаджиев А.С., Кигашпаева О.П., Гулин А.В., Мачулкина В. А.** Изучение коллекционных образцов перца сладкого и отбор доноров хозяйственно ценных признаков. <https://doi.org/10.32786/2071-9485> *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование*. 2023;2(70):80-288. 2023-02-32<https://elibrary.ru/cimesb> [Karakadzhiev A.S., Kigashpaeva O.P., Gulina A.V., Machulkina V.A. Study of sweet pepper collection samples and selection of donors of economically valuable traits. *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye = News of the Nizhnevolzhsky Agrarian University Complex: Science and Higher Professional Education*. 2023;2(70):80-288. (in Russian) <https://doi.org/10.32786/2071-9485>]
- Калмыкова Е.В.** Комплексное обоснование приемов возделывания перца сладкого в условиях меняющегося климата Нижнего Поволжья. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование*. 2020;2(58):130-145. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2020-02-13> [Kalmykova, E.V. "A Comprehensive Substantiation of Sweet Pepper Cultivation Methods in the Changing Climate of the Lower Volga Region." *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye = News of the Nizhnevolzhsky Agrarian*

University Complex: Science and Higher Professional Education. 2020;2(58):130-145 (in Russian) <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2020-02-13>

Калмыкова Е.В., Калмыкова О.В. Воздействие агротехнических приемов возделывания на повышение продуктивности перца сладкого и на изменение качественных показателей плодов в процессе хранения. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование.* 2021;4(64):25-36. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2021-04-02> [Kalmykova E.V., Kalmykova O.V. The Impact of Agrotechnical Cultivation Practices on Increasing Sweet Pepper Productivity and Changing Fruit Quality Indicators During Storage. *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye = News of the Nizhnevolzhsky Agrarian University Complex: Science and Higher Professional Education.* 2021; 4(64):25-36. (in Russian)]

Кигашпаева О.П., Гулин А.В., Капанова Р.Х., Володина С.А. Результаты и перспективы Астраханской селекции овощных и бахчевых культур. *Овощи России.* 2021; (5):16-21. <https://doi.org/10.18619/2072-9146-2021-5-16-21> [Kigashpaeva O.P., Gulin A.V., Kapanova R.Kh., Volodina S.A. Results and prospects of Astrakhan breeding of vegetable and melon crops. *Ovoshchi Rossii = Vegetables of Russia.* 2021;(5):16-21. (in Russian) <https://doi.org/10.18619/2072-9146-2021-5-16-21>]

Кигашпаева О.П., Гулин А.В., Каракаджиев А.С., Джабраилова В.Ю., Лаврова Л.П. Хозяйственные качества и семенная продуктивность перца сладкого селекции Всероссийского научно-исследовательского института орошаемого овощеводства и бахчеводства. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование.* 2022;(67):161-170. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-03-19> [Kigashpaeva O.P., Gulin A.V., Karakadzhiev A.S., Dzhabrailova V.Yu., Lavrova L.P. Economic qualities and seed productivity of sweet pepper bred at the All-Russian Research Institute of Irrigated Vegetable and Melon Growing. *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye.=News of the Lower Volga Agrarian University Complex: Science and Higher Professional Education.* 2022;(67):161-170. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-03-19>]

Муканов М.В., Гулин А.В., Киселев А.И., Каракаджиев А.С. Перспективность возделывания перца сладкого безрассадным способом в дельте Волги. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование.* 2022;4(68):193-200. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-04-22> [Mukanov M.V., Gulin A.V., Kiselev A.I., Karakadzhiev A.S. Prospects of sweet pepper cultivation without seedlings in the Volga Delta. *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye.=News of the Lower Volga Agrarian University Complex: Science and Higher Professional Education.* 2022;4(68):193-200. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2022-04-22>]

Методика Государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур. Выпуск четвертый. Картофель, овощные и бахчевые культуры. М.: Министерство сельского хозяйства РФ. 2015;61. [Methodology of State Variety Testing of Agricultural Crops. Issue Four: Potatoes, Vegetables, and Melons. Moscow: Ministry of Agriculture of the Russian Federation. 2015;61.(in Russian)]

Мягкова Е.Г. Адаптивность сортов перца сладкого при возделывании в почвенноклиматических условиях Астраханской области. *Вестник российского университета дружбы народов.* 2021;1(16):30-41. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2021-16-1-30-41> [Myagkova E.G. Adaptability of sweet pepper varieties when grown in the soil and climatic conditions of the Astrakhan region. *Vestnik rossiyskogo universiteta druzhby narodov.=Bulletin of Peoples' Friendship University of Russia.* 2021; 1 (16): 30–41(in Russian) <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2021-16-1-30-41>]

- Литвинов С.С.** Методика полевого опыта в овощеводстве. М.: Россельхозакадемия, 2011;648.[Litvinov S.S. Methodology of field experiment in vegetable growing. Moscow: Russian Agricultural Academy, 2011;648.(in Russian)]
- Осипова Г.С., Попова Д.А.** Влияние года репродукции и условий формирования семян на рост, развитие и урожайность перца сладкого сорта Ласточка. Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета. 2021;4(65):45-52. <https://doi.org/10.24412/2078-1318-2021-4-45-52> [Osipova G.S., Popova D.A. Influence of the year of reproduction and seed formation conditions on the growth, development and yield of the Lastochka sweet pepper variety. Bulletin of the St. Petersburg State Agrarian University. 2021; 4 (65): 45-52.(in Russian) <https://doi.org/10.24412/2078-1318-2021-4-45-52>]
- Попова Д.А.** Адаптационные свойства сортов и гибридов перца сладкого в пленочных теплицах Северо-Запада РФ. Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета.2022;1(66):45-56. <https://doi.org/10.24412/2078-1318-2021-4-45-52> [Popova, D.A. Adaptation properties of sweet pepper varieties and hybrids in film greenhouses in Northwestern Russia. Bulletin of the St. Petersburg State Agrarian University. 2022; 1 (66): 45–56. (in Russian) <https://doi.org/10.24412/2078-1318-2022-1-45-56>]
- Рамазанов Д.М., Магомедова Д.С., Курбанов С.А.** Приемы основной обработки почвы и урожайность перца в равнинной зоне Дагестана. *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование.* 2020;2(58):185-195. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2020-02-19> [Ramazanov D.M., Magomedova D.S., Kurbanov S.A. Primary tillage techniques and pepper yield in the lowland zone of Dagestan. *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vyssheye professional'noye obrazovaniye.* = *News of the Lower Volga Agrarian University Complex: Science and Higher Professional Education.* 2020; 2(58):185-195.(in Russian) <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2020-02-19>]
- Холмунинов Т.К., Арамов М.Х.** Перспективные сорта и гибриды F1 перца сладкого для центральной зоны Узбекистана. *Овощи России.* 2021;(4):78-82. <https://doi.org/10.18619/2072-9146-2021-4-78-82> [Kholmuminov T.K., Aramov M.Kh. Promising varieties and F1 hybrids of sweet pepper for the central zone of Uzbekistan. *Ovoshchi Rossii.* = *Vegetables of Russia.* 2021; (4): 78-82. <https://doi.org/10.32786/2071-9485-2020-02-19>]
- AlAmin M.A., Hasan A.K., Ali M.H., Nessa S., Islam M.N.** Effect of mulching and organic manure on growth and yield performance of wheat. *Archives of Agriculture Environmental Science* 2017;2: 134–140
- Bisen K., Keswani C., Mishra S., Saxena A., Rakshit A., Singh H.B.** Unrealized potential of seed biopriming for versatile agriculture. In *nutrient use efficiency: from Basics to Advances* (ed. Rakshit HB, Singh A) Springer India, 2015; 193-206
- Chilczuk B., Staszowska-Karkut M, Materska M., Michałojć M.** Changes in content of vitamin C in refrigerated, frozen and lyophilized fruits of four varieties of pepper depending on storage period. *ŻYWNOŚĆ. Nauka. Technologia. Jakość,* 2019, 26, 1 (118), 56 – 66
- Ducasse V., Capowiez Y., Peigné J.** Vermicomposting of municipal solid waste as a possible lever for the development of sustainable agriculture. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 2022;42(5): 89 DOI: 10.15193/zntj/2019/118/273
- Gül V., Çoban F., Öztürk E .**Effect of liquid and solid vermicompost applications on growth and yield of sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Alinteri Journal Agriculture Science* 2021;36(1): 55-60
- Nauman A., Khan M.N., Ashraf M.S., Ijaz S., Saeed-ur-Rehman H., Abdullah M., Farooq M.** Influence of different organic manures and their combinations on productivity and quality of bread wheat. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition* 2020;20: 1949-1960
- Li J., Marschner P.** Phosphorus pools and plant uptake in manure amended soil. *J Soil Science*

Plant Nutrition 2019;19:175–186

Öztürkci Y., Akköprü A. Effects of solid and liquid vermicompost application on bean growth and common bacterial blight disease in different growth medium. *Uluslararası Tarım ve Yaban Hayatı Bilimleri Dergisi* 2021;7(1): 30-40

Sharma K., Garg V. Comparative analysis of vermicompost quality produced from rice straw and paper waste employing earthworm *Eisenia fetida* (Sav.). *Bioresource Technology* 2018;250:708–715

Simsek-Ersahin Y. The use of vermicompost products to control plant diseases and pests. In A. Karaca (Ed.) *Biology of Earthworms* 2011; 191-213. *Springer, Berlin, Heidelberg*

ПОВЫШЕНИЕ УРОЖАЙНОСТИ И КАЧЕСТВА ПЛОДОВ СЛАДКОГО ПЕРЦА (*Capsicum annuum* L.) В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА

Сабир Гасанов*, Севиндж Мамедова

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Быстрый рост населения Земли приводит к увеличению потребности в продуктах питания. Для удовлетворения этого спроса в сельском хозяйстве широко практикуется применение удобрений и пестицидов. Использование химических веществ оказывает негативное влияние на структуру почвы, её щелочной баланс (рН) и плодородие. Это обуславливает актуальность исследований, направленных на сокращение применения химических веществ в агрономии и разработку альтернативных методов возделывания. В последние годы в сельском хозяйстве все более широкое распространение получает применение веществ, полученных из органических отходов растительного и животного происхождения. Наряду с этим, исследователи показали, что определенные успехи достигаются также за счет активации таких механизмов, как устойчивость растений. Основная цель данного исследования — усовершенствование технологии возделывания сладкого перца в открытом грунте Апшеронского района Азербайджана в условиях капельного орошения путем применения концентрированной гуминовой кислоты растительного происхождения EVROFIL-42 (рН 3-5, содержание гуминовых и фульвокислот 42%, органических веществ 45%), а также определение оптимальной дозировки внесения данного препарата. Следует отметить, что на начальных этапах развития растений в контрольных вариантах не наблюдалось существенных различий. Все растения вступали в фазы развития одновременно. По результатам трехлетних исследований установлено, что применение 20%-го раствора концентрированной гуминовой кислоты растительного происхождения EVROFIL-42 оказало значительное положительное влияние на структуру тканей и продуктивность плодов сладкого перца. При данной концентрации общая урожайность плодов составила 25221,4 г, урожайность товарных плодов - 23882,4 г, а среднее количество нетоварных плодов составило 6,25 штук. Результаты, полученные при применении 20%-го раствора EVROFIL-42, превзошли показатели контрольного варианта, а также вариантов с применением 10 - и 30%-ных растворов. Установлено, что применение 20%-го раствора концентрированной гуминовой кислоты растительного происхождения EVROFIL-42 является оптимальным при возделывании сладкого перца.

Ключевые слова: сладкий перец, гибрид, EVROFIL- 42, корневая подкормка, урожайность, листовая подкормка.

IMPROVEMENT OF YIELD AND FRUIT QUALITY OF SWEET PEPPER

(*Capsicum annuum* L.) UNDER ABSHERON CONDITIONS

Sabir Hasanov*, Sevinj Mammadova

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

The rapid growth of the world's population leads to an increased demand for food. To meet this demand, the use of fertilizers and pesticides is widely practiced in agriculture. The application of chemical substances negatively affects soil structure, alkalinity (pH), and fertility. This makes it urgent to increase research aimed at reducing the use of chemicals in agriculture and developing alternative cultivation methods. In recent years, the application of substances derived from organic waste of plant and animal origin has become more widespread in agriculture. Alongside this, researchers have shown that certain achievements are also made by activating mechanisms such as plant resistance. The main objective of this research is to improve the zonal cultivation technology for sweet pepper in the open ground of the Absheron region of Azerbaijan under drip irrigation conditions by applying EVROFIL-42, a concentrated humic acid of plant origin (pH 3-5, Humic + Fulvic Acid content 42%, organic matter 45%), and to determine the optimal application rate of this substance. It should be noted that at the beginning of the plant development phases in the control variants, no significant differences were observed. All plants entered the developmental phases simultaneously. Based on the results of a three-year study, it was found that the application of a 20% solution of EVROFIL-42 concentrated plant-based humic acid had the most significant positive effect on the fruit yield and fruit tissue structure of sweet pepper. At this concentration, the total fruit yield was 25221.4 g, the marketable fruit yield was 23882.4 g, and the average number of unmarketable fruits was 6.25 pcs. The results obtained from the application of the 20% solution of EVROFIL-42 were higher than those from the control, the 10 and 30% solution treatments. It was determined that the application of a 20% solution of EVROFIL-42 concentrated plant-based humic acid is optimal for the cultivation of sweet pepper.

Keywords: *sweet pepper, hybrid, EVROFIL- 42, root feeding, yield, foliar feeding.*

Çapa təqdim etmişdir: *Aydın Musa oğlu Əsgərov, b.e.d., professor*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *05.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *04.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *07.04.2026*

UOT 635.646

EVALUATION OF EGGPLANT (*Solanum melongena* L.) VARIETIES AND VARIETY-FORMS DISTRIBUTED IN AZERBAIJAN BASED ON PHENOTYPIC AND AGRONOMICALLY IMPORTANT TRAITS

BABAK SHAHMORAD MOGHANLOO*, ZEYNAL AKPAROV, SABİR HASANOV

Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan, Baku, AZ
1106, Azadlig ave,155
babak.shahmorad@gmail.com

Eggplant (*Solanum melongena* L.) is a food crop widely cultivated in tropical and subtropical regions of the world and has high economic importance. Local germplasm samples include varieties and variety-forms distinguished by phenotypic diversity, and their use in breeding programs aimed at improving yield and fruit quality is of great importance. The main objective of the conducted research was to group local and introduced eggplant varieties and variety-forms cultivated in Azerbaijan according to their phenotypic traits and to evaluate them based on agronomic traits. The research was conducted in 2025 under Absheron conditions on 23 eggplant varieties and variety-forms. A randomized block design with three replications was used in field experiments. During the research, morphological traits of plants and yield-related traits were studied, including the number of days to 25–75% flowering, plant height, number of branches per plant, number of fruits, fruit length, diameter, weight, and yield per plant. Descriptive statistics, analysis of variance (ANOVA), correlation analysis, and hierarchical cluster analysis methods were used to determine the level of differences among the studied varieties and variety-forms (genotypes). It was determined that significant phenotypic diversity exists in the studied genotypes in accordance with consumer requirements. A high, significant positive correlation ($r = 0.861$, $p < 0.01$) was determined between yield per plant and the number of fruits per plant, which shows that this trait plays a main role in yield formation. Cluster analysis divided the genotypes into three main groups, which reflects the presence of significant genetic differences among the studied genotypes. The experiment shows that there are genotypes with high potential among those distributed in Azerbaijan and they can be used in carrying out work aimed at improving eggplant breeding.

Keywords: eggplant, *Solanum melongena*, phenotypic variability, landraces, yield traits, correlation analysis, cluster analysis

INTRODUCTION

Eggplant (*Solanum melongena* L.) is an important vegetable crop cultivated worldwide and belongs to the genus *Solanum* in the family Solanaceae. Currently, China is the largest producer of eggplant, with approximately 39.2 million tons produced from about 783,000 ha in 2019 (FAO., 2020). The ancestor of eggplant, *Solanum incanum* (eggplant bitter apple), is considered a pre-domesticated subtropical species native to West Asia and North Africa, and it has been widely used as a valuable source of drought resistance and phenolic variation in eggplant breeding programs (Knapp et al., 2013).

Eggplant is a common annual vegetable crop grown in tropical and subtropical regions of the world (Kaur et al., 2014). Brinjal shows considerable regional variation in fruit characteristics such as shape, size, color, and texture. As a result, numerous varieties and hybrids are cultivated in different countries. The popularity of hybrid cultivars among growers is mainly attributed to the large percentage of heterosis observed for yield (56.16%) and yield-related traits (40.56–57.64%) (Sharma et al., 2013).

In recent years, nutritional habits have changed considerably, and the consumption of fruits and vegetables has increased due to the abundance of health-promoting compounds they contain

(Yahia et al., 2018). Fruits and vegetables provide a wide range of essential nutrients, including minerals (Jiménez-Aguilar, Grusak, 2017), proteins (Raigón et al., 2008; Sedlar et al., 2021), dietary fiber (Ciudad-Mulero et al., 2019), and antioxidants (Gürbüz et al., 2018; Karasawa, Mohan, 2018; Sidhu, Zafar, 2018). In particular, the increased appreciation of fruits and vegetables has largely been attributed to the beneficial health effects associated with dietary antioxidants (Hussain et al., 2014).

In Azerbaijan, eggplant is also an important vegetable crop and is widely cultivated in various agricultural regions of the country. According to recent agricultural statistics, eggplant production in Azerbaijan reached approximately 91.7 thousand tons in 2022.

This study was conducted with the aim of investigating the phenotypic diversity of local and introduced eggplant varieties and variety-forms cultivated in Azerbaijan and evaluating their agronomically important traits. Despite the widespread consumption and economic importance of eggplant in the country, information on the phenotypic variability of germplasm materials and traits related to yield is limited. Determining the level of phenotypic variation among local and introduced forms is important for the efficient use of genetic resources in breeding programs. Therefore, the vegetation and yield indicators of eggplant genotypes cultivated in open field conditions under Absheron conditions were studied. The obtained results will assist in the identification of promising genotypes and will serve as a scientific basis with useful data for the development of future breeding strategies.

MATERIALS AND METHODS

The field experiment was conducted in 2025 under Absheron conditions. In the experiment, local and introduced varieties and variety-forms of eggplant (*Solanum melongena* L.) were used. In total, 23 eggplant varieties and variety-forms were used in the study. The phenotypic traits of the varieties and variety-forms were studied and grouping was carried out based on phenotypic traits.

The seeds were sown on March 5, 2025, the seedlings were pricked out, and after reaching the appropriate vegetative stage, they were transplanted to the open field on May 2, 2025. The experiment was conducted using a randomized complete block design (RCBD) with three replications. In the experimental field, a total of 18 plants per genotype were planted, with a row spacing of 100 cm and a plant spacing of 60 cm. During the vegetation period, standard agrotechnical practices were applied to ensure optimal growth and development of the plants. Irrigation of the plants was carried out using the drip irrigation method, and the water requirement of the plants (ETc) was met at approximately 100% level. Control of weeds, diseases, and pests, fertilization, and other agrotechnical practices were carried out in accordance with local agricultural recommendations.

Phenotypic observations were conducted during the vegetation period and at the time of harvest. Plant height, number of branches per plant, fruit dimensions (length and width), fruit weight, number of fruits per plant, marketable and total yield per plant were studied. Statistical analyses were performed to evaluate the differences among eggplant genotypes. Observations for traits were carried out on 5 randomly selected marked plants in each variant.

Statistical analysis: the results obtained for trait parameters were analyzed by one-way analysis of variance (ANOVA) using the Statgraphics Centurion XVII program (Statistical Graphics Corporation, 2014). During the analysis, local forms selected as factors were taken. The results were expressed as mean (\pm) standard deviation (SD). Differences between mean values were considered statistically significant at the $p \leq 0.05$ level.

RESULTS AND DISCUSSION

As a result of the evaluation of eggplant genotypes, significant phenotypic variability was determined for the studied traits. Descriptive statistics and analysis of variance (ANOVA) were applied to assess the level of variation and to determine the statistical significance of differences among genotypes.

Table 1.

Estimates of variability in eggplant landraces

Characters	Mean	Minimum	Maximum	Difference	SD	CV%
Bush height (cm)	66.07	53.00	86.00	33	8.47	12.8
Weight of single fruit	78.68	63.00	95.00	32	8.37	10.6
Number of fruits per plant	17.86	10.00	25.00	15	3.73	20.9
day to 50 percent flowering	66.51	52.00	78.00	26	6.02	9
N of branches per plant	6.57	4.00	9.00	5	1.63	24.8
Fruit Length (cm)	13.05	7.50	21.50	14	3.27	25
Fruit Diameter (mm)	6.73	4.00	12.00	8	1.44	21.5
Fruit yield (kg in plant)	1.40	0.75	2.09	1.34	0.31	21.9

The descriptive statistical indicators of the studied local eggplant varieties and variety-forms are presented in Table 1. Significant phenotypic variability was observed for the evaluated traits, which indicates the presence of a broad genetic base among the studied eggplant material. Particularly, high variation was recorded for fruit length, number of branches per plant, and yield indicators, which reflects significant phenotypic diversity among genotypes. Phenotypic diversity in eggplant has been widely reported, particularly in fruit-related traits such as fruit size and weight, which have been strongly influenced by domestication and breeding processes (Shahmorad Moghanloo and Hasanov, 2024).

Table2.

Analysis of variance for fruit yield in eggplant genotypes

Source	df	Sum of Squares	Mean Square	F value	P value
Genotype	22	6.20	0.28	29.59	<0.001
Error	46	0.44	0.01		
Total	68	6.64			

NS = not significant, * = significant at 5%, ** = significant at 1%

The results of the analysis of variance for fruit yield among eggplant genotypes are presented in Table 2. The results showed that the effect of the genotype factor on fruit yield is highly statistically significant ($P < 0.001$). This demonstrates the presence of significant genetic variability among the studied genotypes.

Table 3.

Pearson correlation coefficients between morphological traits and fruit yield in 23 eggplant (*Solanum melongena* L.) genotypes.

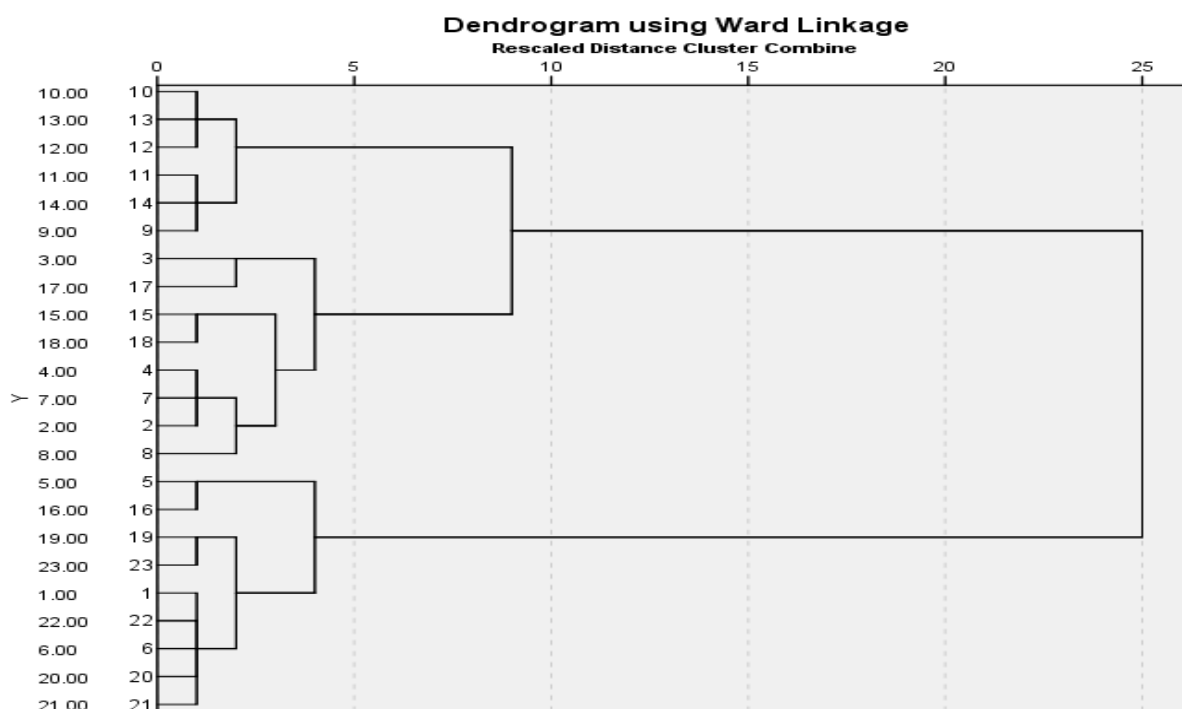
	Bush height (cm)	Weight of single fruit	Number of fruits per plant	day to 50 percent flowering	N of branches per plant	Fruit Length (cm)	Fruit Diameter (cm)	Fruit yield (kg in plant)
Bush height (cm)	1	0.17	-0.29*	0.19	0.03	0.05	0.15	-0.19
Weight of single fruit		1	-.17	0.20	0.02	-0.03	0.27*	0.35**
Number of fruits per plant			1	-0.02	-0.14	-0.32**	0.04	0.86**
day to 50 percent flowering				1	0.05	0.01	0.08	0.08
N of					1	-0.23	0.09	-0.11

branches per plant								
Fruit Length (cm)						1	-0.35**	-0.33**
Fruit Diameter (cm)							1	0.17
Fruit yield (kg in plant)								1

NS = not significant, * = significant at 5%, ** = significant at 1%

Correlation analysis showed a strong and positive relationship between yield per plant and number of fruits per plant ($r = 0.861$, $p < 0.01$), indicating that this trait plays a key role in yield formation. In addition, single fruit weight showed a positive relationship with yield and fruit diameter ($r = 0.349$, $p < 0.01$; $r = 0.266$, $p < 0.05$), confirming that fruit size and fruit number contribute to total yield. In contrast, fruit length showed a negative correlation with fruit number and yield, indicating a possible trade-off between fruit size and yield potential. A moderate but statistically significant negative relationship was observed between plant height and fruit number ($r = -0.291$, $p < 0.05$), which may reflect a greater allocation of assimilates to vegetative growth in taller genotypes. The number of branches showed no statistically significant relationship with yield, indicating a limited effect of canopy structure on yield under the studied environmental conditions.

The strong positive correlation observed between fruit number and fruit yield in the present study is consistent with previous reports in eggplant, where fruit number was identified as a major determinant of yield (Kaushik et al., 2018; Kumar et al., 2020).



Hierarchical cluster analysis using Ward’s linkage based on eight morphological and yield-related traits revealed substantial phenotypic diversity among the 26 eggplant genotypes. The dendrogram separated the genotypes into three major clusters at a rescaled distance of approximately 20, indicating clear genetic divergence among groups. Genotypes within the same cluster exhibited relatively similar phenotypic profiles, particularly for fruit-related traits such as

fruit length, fruit diameter, and fruit yield per plant. In contrast, clusters were clearly differentiated by variations in plant architecture and fruit characteristics, suggesting different yield formation strategies among genotypes. The observed clustering pattern highlights the presence of considerable variability within the studied germplasm and provides useful information for selecting genetically divergent parents in eggplant breeding programs aimed at improving yield and fruit quality.

CONCLUSION

The present study demonstrated the existence of significant phenotypic variability among local eggplant varieties and variety-forms cultivated in Azerbaijan. The number of fruits per plant and single fruit weight were identified as the main traits contributing most to yield. The significant genetic variability observed among genotypes provides promising opportunities for the selection of superior parents in eggplant breeding programs. In addition, cluster analysis revealed clear genetic differentiation among genotypes, which can be effectively utilized in the development of high-yielding and well-adapted eggplant varieties. The obtained results provide valuable scientific information for the selection and genetic improvement of eggplant, as well as for the conservation of local germplasm resources in Azerbaijan.

REFERENCES

- Ciudad-Mulero M., Fernández-Ruiz V., Matallana-González M. C., Morales P.** “Dietary fiber sources and human benefits: the case study of cereal and pseudocereals,” in *Advances in Food and Nutrition Research* (Madrid: Academic Press Inc.), 2019;83–134. doi: 10.1016/bs.afnr.2019.02.002
- Gürbüz N., Ului sik S., Frary A., Doganlar S.** Health benefits and bioactive compounds of eggplant. *Food Chem.* 2018;268:602–610. doi: 10.1016/j.foodchem.2018.06.093
- Hussain P.R., Omeera A., Suradkar P.P., Dar M.A.** Effect of combination treatment of gamma irradiation and ascorbic acid on physicochemical and microbial quality of minimally processed eggplant (*Solanum melongena* L.). *Radiat. Phys. Chem.* 2014;103:131–141. doi: 10.1016/j.radphyschem.2014.05.063
- Jiménez-Aguilar D.M., Grusak M.A.** Minerals, vitamin C, phenolics, flavonoids and antioxidant activity of *Amaranthus* leafy vegetables. *J. Food Compos. Anal.* 2017;58:33–39. doi: 10.1016/j.jfca.2017.01.005
- Karasawa M.M.G., Mohan C.** Fruits as prospective reserves of bioactive compounds: a review. *Nat. Products Bioprospect.* 2018;8:335–346. doi: 10.1007/s13659-018-0186-6
- Kaushik P., Kumar S., Kumar S.** Genetic variability and trait association studies in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Scientia Horticulturae*, 2018;228:179–186.
- Kaur C., Nagal S., Nishad J., Kumar R., Sarika** Evaluating eggplant (*Solanum melongena* L.) genotypes for bioactive properties: a chemometric approach. *Food Res. Int.* 2014;60:205–211. doi: 10.1016/j.foodres.2013.09.049
- Knapp S., Vorontsova M.S., Prohens J.** Wild relatives of the eggplant (*Solanum melongena* L.: Solanaceae): New understanding of species names in a complex group. *PLoS ONE* 2013, 8, e57039.
- Kumar R., Kumar S., Sharma, S.** Correlation and path coefficient analysis for yield components in brinjal. *Journal of Applied Horticulture*, 2020;22(2):117–121.
- Raigón M.D., Prohens J., Muñoz-Falcón J. E., Nuez F.** Comparison of eggplant landraces and commercial varieties for fruit content of phenolics, minerals, dry matter and protein. *J. Food Compos. Anal.* 2008;21:370–376. doi: 10.1016/j.jfca.2008.03.006
- Sedlar T., Cakarevic J., Tomić J., Popović L.** Vegetable by-products ´ as new sources of functional proteins. *Plant Foods Hum. Nutr.* 2021;76:31–36. doi: 10.1007/s11130-020-00870-8

- Shahmorad Moghanloo B., Hasanov S.** Some patterns of variability in fruits and seeds of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Proceedings of the Genetic Resources Institute of Azerbaijan*, 2024;13:14–16. <https://doi.org/10.61642/20242>
- Sharma A., Swain D.** 2018. Estimation of genetic variability in advance breeding lines derived from inter-varietal crosses in chilli. *Indian J. Hortic.* 2018;75: 440–45
- Sidhu J. S., Zafar T.A.** Bioactive compounds in banana fruits and their health benefits. *F. Q. S.* 2018;2:183–188. doi: 10.1093/fqsafe/fyy019
- Yahia E. M., García-Solís P., Maldonado Celis M. E.** “Contribution of fruits and vegetables to human nutrition and health,” in *Postharvest Physiology and Biochemistry of Fruits and Vegetables* (Sawston: Elsevier), 2018;19–45. doi: 10.1016/B978-0-12-813278-4.00002-6
<http://www.fao.org/faostat/en/#data>

AZƏRBAYCANDA YAYILMIŞ BADIMCAN (*Solanum melongena* L.) SORTLARININ VƏ SORT FORMALARININ FENOTİPİK VƏ AQRONOMİK ƏHƏMİYYƏTLİ ƏLAMƏTLƏRİNƏ QORƏ QIYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

Babək Şahmurad Muğanlu*, Zeynal Əkparov, Sabir Həsənov
Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

Badımcan (*Solanum melongena* L.) dünyanın tropik və subtropik bölgələrində geniş becərilən, qida bitkisidir və yüksək iqtisadi əhəmiyyətə malikdir. Yerli genofond nümunələri içərisində fenotipik müxtəlifliyi ilə fərqlənən sort və sort-formalardan məhsuldarlığın və meyvə keyfiyyətinin yaxşılaşdırılmasına yönəlmiş seleksiya proqramlarında istifadə mühüm əhəmiyyət daşıyır. Aparılmış tədqiqat işinin əsas məqsədi Azərbaycanda becərilən badımcanın yerli və introduksiya sort və sort-formalarını fenotipik əlamətlərinə görə qruplaşdırmaq və təsərrüfat əlamətlərinə görə qiymətləndirmək olmuşdur. Tədqiqat işi 2025-ci ildə Abşeron şəraitində 23 badımcan sort və sort-forması üzərində aparılmışdır. Sahə təcrübələrində üç təkrarlı təsadüfi bloklar üsulundan istifadə edilmişdir. Tədqiqat zamanı bitkilərin morfoloji əlamətləri, məhsuldarlıqla əlaqəli əlamətlər, o cümlədən 25-75% çiçəklənməyə qədər olan günlərin sayı, bitkilərin hündürlüyü, bir bitkidə olan budaq sayı, meyvə sayı, meyvələrin uzunluğu, diametri, kütləsi və bir bitkinin məhsuldarlıq göstəricisi əlamətləri öyrənilmişdir. Öyrənilmiş sort və sort-formalar (genotiplər) arasında fərqliliyin səviyyəsini müəyyən etmək üçün təsviri statistika, dispersiya analizi (ANOVA), korrelyasiya analizi və iyerarxik klaster analizi metodlarından istifadə olunmuşdur. Müəyyənləşdirilmişdir ki, öyrənilən genotiplərdə istehlakçıların tələblərinə uyğun əhəmiyyətli fenotipik müxtəliflik mövcuddur. Bir bitkinin məhsuldarlıq göstəricisi ilə bitkidə olan meyvə sayı arasında yüksək, etibarlı müsbət korrelyasiya ($r = 0.861$, $p < 0.01$) müəyyən edilmişdir ki, bu da həmin əlamətin məhsuldarlığın formalaşmasında əsas rol oynadığını göstərir. Klaster analizi nəticəsində genotiplər üç əsas qrupa ayrılmış və bu da tədqiq olunan genotiplər arasında əhəmiyyətli genetik fərqliliyin mövcudluğunu əks etdirmişdir. Təcrübə Azərbaycanda yayılmış genotiplərin içərisindən yüksək potensiala malik olan genotiplərin olduğunu göstərir və onlardan badımcanın seleksiyası işlərinin təkmilləşdirilməsi istiqamətində işlər aparılmasında istifadə oluna bilər.

Açar sözlər: badımcan, *Solanum melongena*, fenotipik dəyişkənlik, yerli formalar, məhsuldarlıq əlamətləri, korrelyasiya analizi, klaster analizi

**ОЦЕНКА СОРТОВ И СОРТ-ФОРМ БАКЛАЖАНА (*Solanum melongena* L.),
РАСПРОСТРАНЁННЫХ В АЗЕРБАЙДЖАНЕ, НА ОСНОВЕ ФЕНОТИПИЧЕСКИХ И
ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ.**

Бабек Шахмурад Муганлу*, Зейнал Акперов, Сабир Гасанов
*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Баклажан (*Solanum melongena* L.) является пищевой культурой, широко выращиваемой в тропических и субтропических регионах мира и обладающий высокой экономической значимостью. Среди образцов местного генофонда сорта и сорт-формы, отличающиеся фенотипическим разнообразием, играют важную роль в селекционных программах, направленных на повышение урожайности и качества плодов. Основной целью проведённого исследования было группирование местных и интродуцированных сортов и сорт-форм баклажана, выращиваемых в Азербайджане, по фенотипическим признакам и их оценка по хозяйственно-ценным характеристикам. Исследовательская работа была проведена в 2025 году в условиях Апшерона на 23 сортах и сорт-формах баклажана. В полевых опытах использовался метод случайных блоков с тремя повторностями. В ходе исследования изучались морфологические признаки растений и признаки, связанные с урожайностью, включая количество дней до 25–75% цветения, высоту растений, число ветвей на одно растение, число плодов, длину, диаметр и массу плодов, а также показатель урожайности одного растения. Для определения уровня различий между изученными сортами и сорт-формами (генотипами) использовались методы описательной статистики, дисперсионного анализа (ANOVA), корреляционного анализа и иерархического кластерного анализа. Установлено наличие значительного фенотипического разнообразия среди изученных генотипов, соответствующего требованиям потребителей. Выявлена высокая достоверная положительная корреляция ($r = 0.861$, $p < 0.01$) между урожайностью одного растения и числом плодов, что указывает на ключевую роль данного признака в формировании урожайности. В результате кластерного анализа генотипы были разделены на три основные группы, что отражает наличие значительной генетической дифференциации между изученными материалами. Полученные результаты показывают, что среди генотипов баклажана, распространённых в Азербайджане, имеются формы с высоким потенциалом, которые могут быть использованы для совершенствования селекционной работы по улучшению баклажана.

Ключевые слова: баклажан, *Solanum melongena*, фенотипическая изменчивость, местные формы, признаки урожайности, корреляционный анализ, кластерный анализ

Çapa təqdim etmişdir: *Sevinc Əmir qızı Məmmədova, b.ü.f.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 02.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 25.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 27.04.2026

UOT 578.08

BIOECOLOGICAL CHARACTERISTICS AND EFFICIENT UTILIZATION OF WILD SPECIES OF THE SAINFOIN GENUS (*Onobrychis* Mill.)

KHARIBUL AZIZKHANLI

Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan, Baku, AZ
1106, Azadlig ave,155
xaribul@gmail.com

The increasing risks to food security under climate change conditions make the study of forage crops and their wild relatives an actual scientific issue. In this context, the investigation of wild sainfoin (*Onobrychis* Mill.) species, distinguished by their adaptability to diverse ecological conditions, their role in improving soil fertility, and their efficient use in agriculture, is of particular importance. Azerbaijan is one of the primary centers of diversity of the genus *Onobrychis* and represents a key region for the study of its genetic resources. The main objective of this study is to comprehensively investigate the bioecological characteristics of wild species of the genus *Onobrychis* and to assess their potential for agricultural use. The study is based on 214 samples collected along 40 roads, covering various botanical-geographical regions of Azerbaijan. For each population, a wide range of ecogeographical parameters was recorded, including geographic coordinates, elevation above sea level, slope inclination, annual maximum and minimum temperatures, annual precipitation, relief characteristics, soil texture, humus and organic carbon content, nitrogen level, pH, phosphorus pentoxide (P₂O₅) and magnesium content, as well as habitat type, grazing intensity, and soil erosion degree. Statistical analyses of ecogeographical variables and principal component analysis (PCA) revealed that soil, climate, and relief factors significantly influence species distribution and adaptive traits. According to PCA results, the Component 1 is mainly associated with soil properties and climatic variables, whereas the Component 2 is related to relief and geomorphological factors. The results indicate that some species (*O. caput-galli*, *O. michauxii*, *O. buhseana*, *O. radiata*, *O. altissima*, *O. nemecii*, *O. inermis*, *O. iberica*, and *O. cyri*) exhibit high tolerance to stress conditions, suggesting their potential use as promising forage crops under climate variability.

Keywords: *Onobrychis*, PCA, Azerbaijan, ecogeographical data

INTRODUCTION

Onobrychis Mill. (sainfoin) is a genus belonging to the tribe *Hedysareae* of the family *Fabaceae*. The genus is represented by more than 150 species worldwide and is mainly distributed in temperate regions of the Northern Hemisphere (Lewis, 2005; Hadadi, 2023). The main centers of genetic diversity of the genus are considered to be the Eastern Mediterranean and Southwest Asia (Тамамшян, 1954; Гроссгейм, 1952). According to recent literature, 28 wild species of this genus have been recorded in Azerbaijan (Azizkhanli, 2023).

Species of the genus *Onobrychis* are annual or perennial herbaceous or semi-shrub plants. Their stems are erect or slightly spreading and branched. Flowers are mostly pink, purple, or light red and are arranged in racemes or panicle-like inflorescences. The fruits are one-seeded pods, often with spiny or tuberculate surfaces. Pollination is mainly entomophilous and occurs especially with the participation of bees (Noori et al., 2014). Morphological characteristics of pods and seeds such as size, shape, color, and the presence of dorsal and ventral grooves play an important role in seed dispersal and taxonomic differentiation (Kahraman et al., 2011).

Species of *Onobrychis* are distinguished by high productivity, nutritional value, and agroecological stability. They are widely known as pasture and hay forage crops as well as

valuable honey plants (Craine et al., 2023; Исаев, 2023). Being rich nectar sources, sainfoins play an important role in increasing honey production. Although some species are used in folk medicine against diarrhea, they are not among widely used medicinal plants (Kozuharova, 2019). The plants are rich in flavonoids, tannins, and other phenolic compounds, have low toxicity, and are of interest as sources of biologically active substances (Amirahmadi. et al., 2018).

Sainfoin is one of the most valuable forage plants used in feeding ruminant animals. Its high protein content, good palatability, and, most importantly, the absence of bloat formation in the rumen are among its main advantages (Biligetü et al., 2021). In addition, *Onobrychis* species have been shown to reduce the number of nematode parasites in the digestive system of animals (Hoste et al., 2015). Please correct throughout the text

Sainfoin has a strong and deep root system, allowing it to grow well even in arid and semi-arid areas where other forage plants develop poorly. Due to its large taproot, it is resistant to drought stress, increases soil organic matter reserves, and prevents erosion (Beyaz, 2019; Sakhraoui et al., 2024). *Onobrychis* species also grow easily on gravelly and calcareous soils and show high tolerance to soil salinity (Irani et al., 2015; Asma Sakhraoui et al., 2023). Owing to their ability to fix atmospheric nitrogen, they improve soil fertility and are considered ecologically valuable plants (Tı̇ṫei, 2021). Together with other grasses, they form productive phytocenoses and are successfully used in the greening of sloping areas (Shakirov et al., 2012; Gurbanov., 2024).

In Azerbaijan, *Onobrychis transcaucasica* Grossh., *O. arenaria* (Kit.) DC., and *O. viciifolia* Scop. are cultivated for agricultural purposes (Hajiyev, 1969). Species of this genus stand out for their adaptability to diverse ecological conditions, their role in improving soil fertility, and their potential use as promising forage crops under climate change conditions.

The aim of this study is to analyze the bioecological characteristics of *Onobrychis* species distributed in Azerbaijan and to assess their potential for efficient use.

MATERIALS AND METHODS

Between 2013 and 2019–2024, 214 samples belonging to 20 taxa were collected along 40 routes throughout Azerbaijan. Ecogeographical data of the collected species were recorded, and information on collection sites is presented in Table 1. Genbank accession number must be included if applicable. The specimens were prepared according to standard herbarium methods and deposited in the Herbarium of the Genetic Resources Institute of MSERA. Soil samples were collected from a depth of 0–20 cm and analyzed in the laboratory of the Institute of Soil Science and Agrochemistry of MSERA. Soil samples were collected from a depth of 0–20 cm and analyzed in the laboratory of the Institute of Soil Science and AgroChemistry of MSERA.

Ecogeographical data obtained from each population included grazing intensity, degree of soil erosion, geographic coordinates, altitude, slope inclination, annual minimum and maximum temperatures, annual precipitation, relief, soil texture, biotope, humus content, organic carbon (OC), total nitrogen (N%), pH, phosphorus pentoxide (P₂O₅), and magnesium. Climatic data for each collection site were obtained from the Hydrometeorological Forecasting Bureau of the National Hydrometeorology Department of the Ministry of Ecology and Natural Resources of Azerbaijan. Ecogeographical data were correlated using Python, and principal component analysis (PCA) was conducted using PAST 4.03 (Hammer, 2001).

Table 1.

List of sampled *Onobrychis* populations

Pop.№	District	Latitude	Longitude	Date	Voucher number
<i>O. caput-galli</i>					
P1	Agdash	40°43'38.2"	47°26'27.4"	2013	A1-2
P2	Ujar	40°29'41.8"	47°43'57.9"	2022	U1
P3	Goychay	40°39'22.2"	47°39'05.3"	2023	GM1
P4	Ismayilli	40°38'30.3"	47°51'46.2"	2013	A1-6
P5	Sheki	41°20'55.2"	47°06'01.2"	2013	A1-2
<i>O. cornuta</i>					
P6	Nakhchivan Kangarli	39°29'04.6"	45°14'13.6"	2021	NVKI-3
<i>O. michauxii</i>					
P7	Lerik	38°41'33.4"	48°23'55.8"	2019	ST1
P8	Lerik	38°41'33.4"	48°23'55.8"	2019	ST4
P9	Lerik	38°41'05.3"	48°23'00.1"	2018	Z6
<i>O. buhseana</i>					
P10	Lerik	38°39'17.7"	48°22'26.9"	2019	ST2
<i>O. vaginalis</i>					
P11	Absheron	40°21'07.8"	49°47'45.3"	2013	B1-3
P12	Ismayilli	40°46'17.4"	48°05'06.5"	2013	A1-8
P13	Shamakhi	40°40'19.8"	48°29'27.2"	2023	ShI-1
<i>O. radiata</i>					
P14	Shamkir	40°48'56.1"	45°57'39.4"	2013	Y1-3
P15	Shamkir	40°42'38.0"	45°55'02.2"	2013	Sh1-1
P16	Gadabay	40°41'05.6"	45°49'57.8"	2013	G1-2
P17	Goy-gol	40°38'03.0"	46°13'41.8"	2013	X1-2
P18	Fuzuli	39°36'30.1"	47°76'01.2"	2024	FSh
P19	Fuzuli	39°36'09.8"	47°11'43.7"	2024	FQ
P20	Fuzuli	39°35'47.3"	46°58'39.3"	2024	FCh
<i>O. altissima</i>					
P21	Goy-gol	40°28'20.3"	46°20'29.1"	2013	V1-1
P22	Goy-gol	40°27'18.2"	46°20'40.5"	2013	V1-2
P23	Gadabay	40°41'05.6"	45°49'57.8"	2013	G1-2
P24	Masalli	39°02'21.9"	48°47'30.9"	2017	MT3
P25	Lerik	38°40'12.6"	48°22'32.7"	2018	Z1
P26	Nakhchivan Shahbuz	39°32'06.9"	45°47'55.2"	2021	NVSh-4
P27	Gadabay	40°39'36.6"	45°47'55.9"	2022	GH-1
P28	Dashkasan	40°28'48.6"	46°03'20.2"	2013	D1-1
P29	Goy-gol	40°27'30.6"	46°20'49.0"	2022	GH-3
P30	Shamakhi	40°38'58.8"	48°34'06.8"	2023	ShM-23
<i>O. komaovii</i>					
P31	Nakhchivan Kangarli	39°29'04.6"	45°14'13.6"	2021	NVKI-3
<i>O. kachetica</i>					
P32	Gadabay	40°39'36.6"	45°47'55.9"	2022	GH-1
<i>O. nemecii</i>					
P33	Shamkir	40°48'56.1"	45°57'39.4"	2013	Y1-3

<i>O. inermis</i>					
P34	Goy-gol	40°27'18.2"	46°20'40.5"	2020	MG1-3
P35	Sheki	41°20'55.2"	47°06'01.2"	2013	A1-2
<i>O. iberica</i>					
P36	Gadabay	40°41'05.6"	45°49'57.8"	2013	G1-2
P37	Nakhchivan Shahbuz	39°32'14.1"	45°48'01.7"	2021	NVSh-7
P38	Nakhchivan Kangarli	39°30'04.1"	45°14'58.2"	2021	NVKI-4
P39	Fuzuli	39°36'30.1"	47°76'01.2"	2024	FSh
P40	Fuzuli	39°36'09.8"	47°11'43.7"	2024	FQ
<i>O. cyri</i>					
P41	Shamakhi	40°40'19.8"	48°29'27.2"	2023	ShI-1
P42	Sheki	41°15'15.4"	47°12'45.2"	2013	N1-1
P43	Gobustan	40°31'30.3"	48°48'13.2"	2019	Sh1
P44	Guba	41°24'14.9"	48°33'12.0"	2022	QV-1
P45	Shamakhi	40°38'04.0"	48°28'28.6"	2022	ShA-1
P46	Sheki	41°15'42.8"	47°12'45.2"	2013	K1-3
P47	Gadabay	40°37'37.4"	45°48'21.2"	2013	G1-1
P48	Ismayilli	40°46'17.4"	48°05'06.5"	2013	A1-8
P49	Goychay	40°39'22.2"	47°39'05.3"	2023	GM1
P50	Fuzuli	39°36'30.1"	47°76'01.2"	2024	FSh
P51	Shusha	39°45'08.5"	46°45'29.2"	2024	ShC
<i>O. hajastana</i>					
P52	Nakhchivan Kangarli	39°29'44.1"	45°14'16.9"	2021	NVKI-5
<i>O. transcaucasica</i>					
P53	Nakhchivan Shahbuz	39°32'06.9"	45°47'55.2"	2021	NVSh-4
P54	Shusha	39°45'08.5"	46°45'29.2"	2024	ShC
<i>O. cyri var. purpurea</i>					
P55	Agdash	40°38'04.5"	47°35'15.7"	2013	A1-5
<i>O. biebersteinii</i>					
P56	Dashkasan	40°28'48.6"	46°03'20.2"	2013	D1-1
P57	Goy-gol	40°27'18.2"	46°20'40.5"	2020	MG1-3
P58	Goy-gol	40°28'20.3"	46°20'29.1"	2020	MG1-2
<i>O. bobrovii</i>					
P59	Goy-gol	40°38'03.0"	46°13'41.8"	2013	X1-2
<i>O. bungei</i>					
P60	Sheki	41°15'42.8"	47°12'45.2"	2013	K1-3
<i>O. arenaria subsp. cana</i>					
P61	Goy-gol	40°28'20.3"	46°20'29.1"	2020	MG1-2

RESULTS AND DISCUSSION

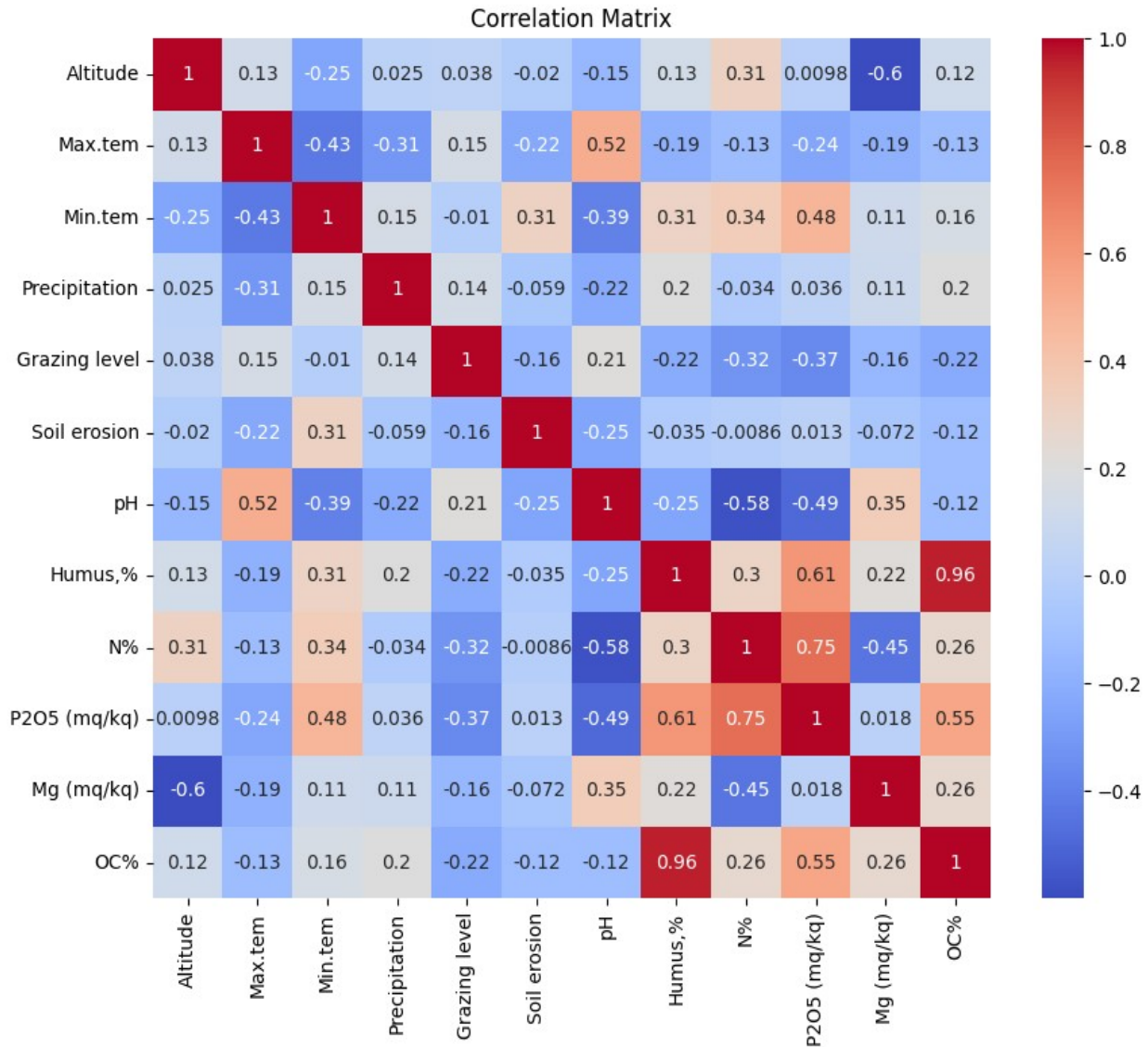


Figure. 1. Correlation of ecogeographical data

Based on correlation analysis, strong correlations were observed between the pairs Humus % – OC % and N % – P₂O₅ (Figure 1). To reduce the effect of high multicollinearity among variables and to more clearly identify major ecological–soil gradients, only one variable from each highly correlated group was selected, and thus the variables used in the PCA were optimized. This selection facilitated ecological interpretation of PCA results and revealed the core structure of soil–plant relationships. The selected variables represented key ecological components reflecting soil fertility, climatic influences, and anthropogenic management factors: altitude, annual maximum and minimum temperature, annual precipitation, pH, humus, N%, Mg, grazing level, biotope, slope aspect, soil erosion, relief, and soil texture.

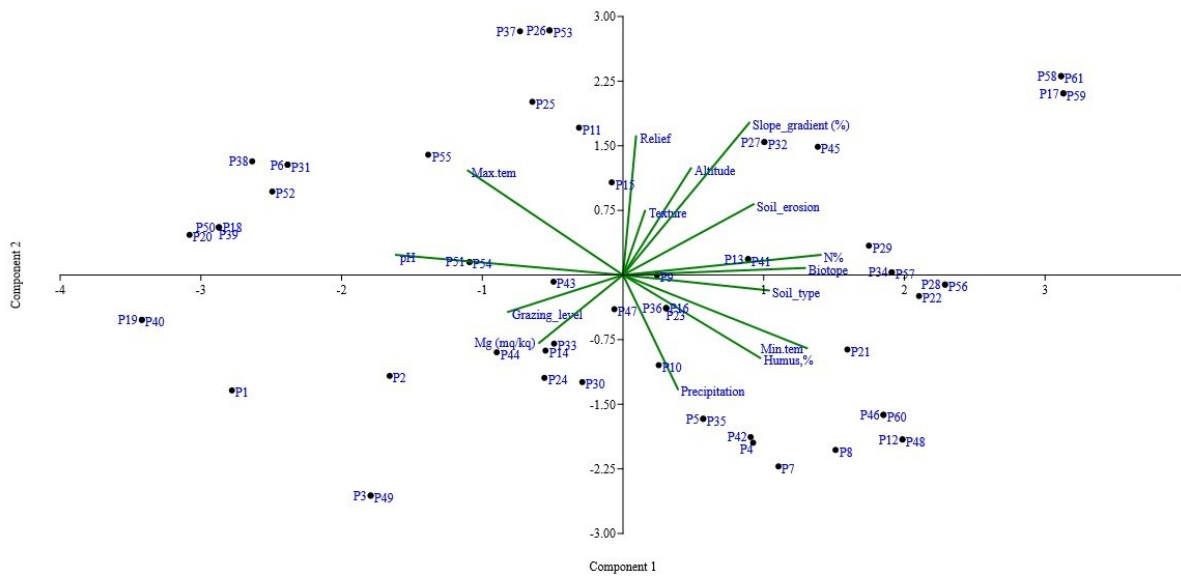


Figure. 2. PCA analysis of species

The first principal component (Component 1) was mainly associated with soil type, biotope, nitrogen content (N%), humus content, minimum temperature, and moisture factors, whereas the second component (Component 2) was related to relief, altitude, slope inclination, soil texture, and degree of soil erosion (Figure 2).

According to PCA distribution, species differed in their ecological requirements and adaptation strategies. *O. vaginalis*, *O. altissima*, *O. cyri*, *O. biebersteinii*, *O. bobrovii*, *O. bungei*, and *O. arenaria* subsp. *cana* were closely associated with soil fertility and moisture factors, while *O. vaginalis*, *O. radiata*, *O. altissima*, *O. komaovii*, *O. kachetica*, *O. iberica*, *O. cyri*, *O. transcaucasica*, and *O. cyri* var. *purpurea* were adapted to relief and altitude factors. *O. caput-galli*, *O. michauxii*, *O. buhseana*, *O. radiata*, *O. altissima*, *O. nemecii*, *O. inermis*, *O. iberica*, and *O. cyri* were distinguished by a wide ecological amplitude and high stress tolerance.

Interpretation of the PCA plot shows that the species occupy different ecological niches and possess high adaptive potential to both climatic and soil factors. Species with positive loadings on Component 1 are associated with soil fertility, moisture, and biotope factors, indicating their agrobiological potential, particularly as forage crops. These species may be considered important genetic resources for increasing productivity in agricultural systems.

Species dominant along Component 2 are distributed in mountainous and foothill regions and show adaptation to slope inclination and soil erosion-related factors. This highlights their potential use in soil conservation, biological erosion control measures, and ecosystem restoration.

Species located near the center of the PCA plot (e.g., *O. cyri*, *O. inermis*, *O. iberica*) exhibit broad ecological plasticity and the ability to adapt to diverse environmental conditions, increasing their strategic importance in introduction, breeding, and adaptive agriculture programs.

CONCLUSION

The results of the study indicate that species of the genus *Onobrychis* differ significantly in their bioecological characteristics, demonstrating a rich genetic potential that ensures adaptation to diverse environmental conditions. The varied responses of species to soil and climatic factors create wide opportunities for their effective use both in natural ecosystem conservation and in

agriculture. Thus, comprehensive ecological assessment of wild *Onobrychis* species is of great scientific and practical importance for biodiversity conservation, sustainable agricultural development, and rational use of natural resources.

REFERENCES

- Qurbanov E.M.** Azərbaycanın bitki örtüyü. Monoqrafiya. Bakı, 2024. [Gurbanov E.M. Vegetation of Azerbaijan. Monograph. Baku, 2024. (in Azerbaijani)]
- Hajiyev V.** Azərbaycanın biçənək və otlaqlarının yem bitkiləri. C.2, 1969. [Vahid Hajiyev. Forage plants of Azerbaijan's hayfields and pastures. V. 2, 1969. (in Azerbaijani)]
- Гроссгейм А.А.** Флора Кавказа, Том. 5. Баку-Ленинград: Академия наук СССР, 1952. [Grossheim A.A. Flora Kavkaza, Vol. 5. Baku–Leningrad: Academy of Sciences of the USSR, 1952. (in Russian)]
- Исаев Д.И., Джафарова Ш.Б., Мамедова Н.Г.** Запасы сырья видов рода *Onobrychis* (*Fabaceae*) в Азербайджанской Республике. Растительные ресурсы. 2023; 59(3):249-256. [Isaev, J.I., S.B. Jafarova & N.H. Mammadova. Raw material reserves of *Onobrychis* (*Fabaceae*) species in the Azerbaijan Republic. *Rastitel'nye resursy*, 2023; 59(3): 249–256. (in Russian)]
- Тамамшян С.Г.** Флора Азербайджана. Баку, т. 5. 1954. [Tamamshyan S.G. *Flora of Azerbaijan*. Baku, V. 5, 1954. (in Russian)]
- Amirahmadi A., Shojaee S., Hamzeloo-Moghadam M.** Phenolic compounds and antioxidant activity of *Onobrychis* species. *Industrial Crops and Products*. 2018; 112:101–108.
- Azizkhanli Kh.** Taxonomic composition of the genus *Onobrychis* Mill. distributed in Azerbaijan. Materials of the Republican Scientific Conference on the topic “Conservation and efficient use of genetic resources: achievements and prospects”. 2023; p.15-16.
- Beyaz R.** Biochemical responses of sainfoin shoot and root tissues to drought stress in in vitro culture. *Legume Research*. 2019; 42(2): 173-177.
- Biligitu B., Jefferson P. G., Lardner H. A., Acharya S. N.** Evaluation of sainfoin (*Onobrychis viciifolia*) for forage yield and persistence in sainfoin–alfalfa (*Medicago sativa*) mixtures and under different harvest frequencies. *Canadian Journal of Plant Science*. 2021; 101(4).
- Craine E.B. et al.** Nutritional quality of *Onobrychis viciifolia* (Scop.) seeds: A potentially novel perennial pulse crop for human use. *Legume Science*. 2023; 5:e189.
- Hadadi A., Kaveh A., Nafisi H., Kazempour-Osaloo S.** Molecular phylogeny of *Onobrychis* sect. *Onobrychis* (*Fabaceae-Hedysareae*) with insights into its taxonomy and character evolution. *Phytotaxa*. 2023. 592(3): 196–216.
- Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. Past:** Paleontological statistics software package for Education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001; 4(1), 1–9.
- Hoste H., Martinez-Ortiz-de-Montellano C., Manolaraki F. et al.** Direct and indirect effects of bioactive tannin-rich legumes against nematode infections. *Veterinary Parasitology*. 2015; 212:40–49.
- Irani S., Majidi M.M., Mirlohi A., Karami M., Zargar M.** Response to Drought Stress in Sainfoin: Within and Among Ecotype Variation. *Crop Breeding & Genetics*. 2015; Volume55:1868-1880, Issue 5
- Kahraman A., Celep F., Dogan M.** Fruit morphology and taxonomy of the genus *Onobrychis*. *Turkish Journal of Botany*. 2011; 35:403–422.
- Kozuharova E., Benbassat N.** The Sainfoins (*Onobrychis* Mill., *Fabaceae*) – Forage For Grazing Animals, Honey And Medicinal Plants. *EASJ Pharm & Pharmacol*. 2019; 1(2): 28-31.
- Lewis G., Schrire B., Mackinder B., Lock M.** Legumes of the World. Royal Botanic Gardens, Kew, 2005. 577 pp.
- Noori M., Dehshiri M.M., Sharifi M.** Numerical taxonomy of *Onobrychis* Miller (*Hedysareae*, *Fabaceae*) from Markazi Province, Iran using pod and seed morphological characters.

International Journal of Modern Botany. 2014; 4 (2): 40-47.

Sakhraoui A., Ltaei fH.B. et al. Potential use of wild *Onobrychis* species for climate change mitigation and adaptation. *Crop Science*. 2023; 63:3153–3174

Sakhraoui A., Ltaeif H.B., Sakhraoui A., Villalba J.J., Castillo J.M., Rouz S. Sainfoin (*Onobrychis viciifolia*) a legume with great ecological and agronomical potential under climate change. *The Journal of Agricultural Science*. 2024; 162, 307–331.

Shakirov Z.S., Khakimov S.A., Shomurodov Kh.F. Effect of salinity and drought on symbiotal and biochemical properties of *Onobrychis* and alfalfa. *Agricultural Sciences*. 2012; Vol.3, No.3, 444-454.

Țiței V. Some agrobiological peculiarities and potential uses of *Glycyrrhiza glabra* L. and *Onobrychis arenaria* (Kit.) DC. in the Republic of Moldova. *Scientific Papers Series Management, Economic Engineering in Agriculture and Rural Development*. 2021; Vol. 21, Issue 4.

YABANI XAŞA CİNSİ (*Onobrychis* Mill.) NÖVLƏRİNİN BIOEKOLOJİ XÜSUSİYYƏTLƏRİ VƏ SƏMƏRƏLİ İSTİFADƏSİ

Əzizxanlı Xarıbül

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

İqlim dəyişikliyi şəraitində qida təhlükəsizliyi risklərinin artması yem bitkilərinin və onların yabanı əcdadlarının öyrənilməsini aktual elmi məsələyə çevirir. Bu baxımdan, müxtəlif ekoloji şəraitə yüksək uyğunlaşma qabiliyyəti, torpaq münbitliyinin artırılmasındakı rolu və kənd təsərrüfatında səmərəli istifadəsi ilə seçilən yabanı xaşa (*Onobrychis* Mill.) növlərinin tədqiqi xüsusi əhəmiyyət kəsb edir. Azərbaycan *Onobrychis* cinsinin əsas müxtəliflik mərkəzlərindən biri olmaqla, bu cinsin genetik ehtiyatlarının öyrənilməsi üçün mühüm ərazidir. Bu tədqiqatın əsas məqsədi *Onobrychis* cinsinə aid yabanı növlərin bioekoloji xüsusiyyətlərini kompleks şəkildə araşdırmaq və onların kənd təsərrüfatında potensial istifadəsini qiymətləndirməkdir. Tədqiqat 40 marşrut üzrə toplanmış 214 nümunəyə əsaslanır və nümunələr Azərbaycanın müxtəlif botanika-coğrafi rayonlarını əhatə edir. Hər bir populyasiya üzrə geniş spektrli ekocoğrafi göstəricilər qeydə alınmışdır: coğrafi koordinatlar, dəniz səviyyəsindən hündürlük, yamacın meyilliliyi, illik maksimum və minimum temperatur, illik yağıntı miqdarı, relyef xüsusiyyətləri, torpağın mexaniki tərkibi, humus və üzvi karbon miqdarı, azot səviyyəsi, pH göstəricisi, fosfor pentaoksid (P_2O_5) və maqnezium miqdarı, həmçinin biotop tipi, otarılma intensivliyi və torpaq eroziyası dərəcəsi. Ekocoğrafi göstəricilər üzrə aparılan statistik analizlər və əsas komponentlər analizi (PCA) nəticələri torpaq, iqlim və relyef amillərinin növlərin yayılmasına və adaptasiya xüsusiyyətlərinə mühüm təsir göstərdiyini müəyyən etmişdir. PCA nəticələrinə görə, Component 1 əsasən torpaq xüsusiyyətləri və iqlim göstəriciləri ilə, Component 2 relyef və geomorfoloji amillərlə əlaqəli olmuşdur. Nəticələr göstərmişdir ki, bəzi növlər (*O. caput-galli*, *O. michauxii*, *O. buhseana*, *O. radiata*, *O. altissima*, *O. nemecii*, *O. inermis*, *O. iberica* və *O. cyri*) yüksək stress şəraitinə davamlılıq nümayiş etdirir və bu xüsusiyyətlər onların iqlim dəyişkənliyi fonunda perspektivli yem bitkiləri kimi istifadəsini mümkün edir.

Açar sözlər: *Onobrychis*, PCA, Azərbaycan, ekocoğrafi məlumatlar

БИОЭКОЛОГИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ И ЭФФЕКТИВНОЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДИКИХ ВИДОВ РОДА ЭСПАРЦЕТА (*Onobrychis* Mill.)

Азизханлы Харибюль

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Возрастающие риски для продовольственной безопасности в условиях изменения климата делают изучение кормовых культур и их диких сородичей актуальной научной задачей. В этом контексте особое значение приобретает исследование диких видов эспарцета (*Onobrychis* Mill.),

отличающихся высокой адаптивностью к различным экологическим условиям, важной ролью в повышении плодородия почв и эффективным использованием в сельском хозяйстве. Азербайджан является одним из основных центров разнообразия рода *Onobrychis*, что делает его важным регионом для изучения генетических ресурсов данного рода. Целью данного исследования является изучение биоэкологических характеристик диких видов рода *Onobrychis* и оценка их потенциала для использования в сельском хозяйстве. Исследование основано на 214 образцах, собранных по 40 маршрутам, охватывающим различные ботанико-географические районы Азербайджана. Для каждой популяции были зафиксированы многочисленные экогеографические показатели, включая географические координаты, высоту над уровнем моря, крутизну склонов, годовые максимальные и минимальные температуры, количество осадков, особенности рельефа, механический состав почвы, содержание гумуса и органического углерода, уровень азота, pH, содержание пятиоксида фосфора (P_2O_5) и магния, а также тип биотопа, интенсивность выпаса и степень эрозии почвы. Статистический анализ экогеографических показателей и анализ главных компонент (PCA) показали, что почвенные, климатические и рельефные факторы существенно влияют на распределение видов и их адаптационные особенности. Согласно результатам PCA, Component 1 в основном связан с почвенными и климатическими показателями, тогда как Component 2 отражает влияние рельефных и геоморфологических факторов. Полученные результаты свидетельствуют о том, что некоторые виды (*O. caput-galli*, *O. michauxii*, *O. buhseana*, *O. radiata*, *O. altissima*, *O. nemecii*, *O. inermis*, *O. iberica* и *O. cyri*) обладают высокой устойчивостью к стрессовым условиям, что позволяет рассматривать их как перспективные кормовые культуры в условиях климатической изменчивости.

Ключевые слова: *Onobrychis*, PCA, Азербайджан, экогеографические данные

Çapa təqdim etmişdir: Aydın Musa oğlu Əsgərov, b.e.d., professor

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 02.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 25.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 28.04.2026

UOT 631.525

ABŞERON ŞƏRAİTİNDƏ *RUSPOLIA SETICALYX* (C.B. CLARKE) MILNE-REDH. NÖVÜNÜN ONTOGENEZ XÜSUSİYYƏTLƏRİ VƏ ÇOXALDILMASI

SAMİRƏ BAĞIROVA*, LEYLA CAVADOVA, LALƏ NƏSİRLİ, CAMALƏ AĞAYEVA, ARZU AXUNDOVA, LALƏ CƏLİLOVA, AYNURƏ İBRAHİMOVA

“Dendrologiya Bağı” publik hüquqi şəxs, Azərbaycan, Bakı şəh AZ1044, Mərdəkan qəs., S.Yesenin küç. cavadovaleyla679@gmail.com

Məqalədə *ex situ* şəraitində *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. morfoloji və fizioloji xüsusiyyətləri kompleks araşdırılmış və növ Abşeron quraq iqlim şəraitində introduksiya edilmişdir. “Dendrologiya Bağı” publik hüquqi şəxs müxtəlif ölkələrin botanika bağları ilə toxum mübadiləsi həyata keçirilir. Sözügedən mübadilə proqramları yalnız yeni növlərin introduksiyasına deyil, həmçinin adaptasiya potensialının, morfoloji və fizioloji xüsusiyyətlərinin öyrənilməsinə imkan yaradır. Slovakiyanın Nəbatət bağı P.J. Safarik Universiteti ilə aparılan elmi mübadilələr nəticəsində əldə edilən, parlaq qırmızı və ya narıncı-qırmızı çiçəklərə malik *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. toxumları generativ çoxaldılmış, bitkinin bütün ontogenetik mərhələləri (*latent, pregenerativ, juvenil, virginil, generativ, subsenil* və *senil*) izlənilmiş, estetik göstəricilərinə görə tək və qrup əkinlərində istifadə potensialı tədqiq edilmişdir. Toxumların tədarük edildiyi Kosice şəhərinin iqlim göstəriciləri ilə Abşeron yarımadasının iqlim şəraitinin müqayisəli təhlili yerinə yetirilmişdir. İlk dəfə olaraq tərəfimizdən istixana şəraitində əkilən toxumlardan 17 % cücartı əldə edilmişdir. Mübadilə yolu ilə alınan toxumların keyfiyyət göstəricilərinin aşağı olması onların Abşeron iqliminə uyğunlaşmasını məhdudlaşdırmış və cücərmə faizinin aşağı olmasına səbəb olmuşdur. Bitkidən yerli şəraitdə əldə edilən toxumlarda isə adaptasiya qabiliyyəti və keyfiyyət göstəriciləri daha yüksək olmuşdur. Toxumla çoxaldılmış bitki ilə müqayisədə vegetativ çoxaldılmış fərdə daha sürətli inkişaf və generativ fazaya keçid müşahidə edilmişdir. Növün introduksiyası orta perspektivlidir, introdusent təbii botaniki-coğrafi bölgəsindən fərqli aqrotexniki qulluq tələb edir. Növ sürətli vegetativ inkişaf və yüksək adaptasiya qabiliyyəti ilə seçilir. Üç illik müşahidə dövrü ərzində çoxaldılmış fərddə hər hansı zərərverici ilə yoluxma halı qeydə alınmamış, həmçinin patogen mənşəli xəstəliklərə qarşı yüksək davamlılıq nümayiş etdirdiyi müəyyən edilmişdir. Su təminatının normadan artıq olduğu hallarda yarpaq ayasının uclarında və kənar sahələrində xloroz tipli rəng dəyişikliyi müşahidə olunmuşdur ki, bu da növün artıq rütubətə qarşı həssaslığını göstərir. Fosfor tərkibli gübrələrin tətbiqi çiçəklənməni stimullaşdırır, azotlu gübrələrin istifadəsi isə vegetativ kütlənin artımına səbəb olur. Növün dekorativ çiçəkləri yaz aylarında izlənilir.

Açar sözlər: *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh., Abşeron yarımadası, ontogenez, adaptasiya, bitki morfolojiyası

GİRİŞ

Müasir dövrdə biomüxtəlifliyin qorunması, nadir və nəslə kəsilmək təhlükəsi olan bitki növlərinin artırılması, habelə ekosistemlərin davamlı inkişafının təmin olunması bütün dünya ölkələrinin qarşısında duran ən mühüm ekoloji və strateji problemlərdən biridir. Yerli və beynəlxalq əməkdaşlıq çərçivəsində həyata keçirilən elmi tədqiqatlar, mübadilə proqramları və konservasiya tədbirləri xüsusi əhəmiyyət daşıyır. Azərbaycanda da biomüxtəlifliyin mühafizəsi və onun zənginləşdirilməsi dövlət siyasətinin prioritet istiqamətləri sırasında yer alır.

Tədqiqat işi ilk dəfə olaraq “Dendrologiya Bağı” publik hüquqi şəxsin “Ekologiya və İqlimləşdirmə” laboratoriyasının tədqiqat sahəsində 2024-2026-cı illərdə aparılmışdır. Vətəni Afrika olan *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. *Acanthaceae* Juss. fəsiləsinə məxsus hündürlüyü 0,5-1,2 m olan, silindrik dik gövdəli, həmişəyaşıl bitkidir (Opoke, 2018). *Ruspolia*

Lindau. cinsi italyan təbiətşünası Eugenio Ruspolinin (1866-1893) xatirəsinə adlandırılmışdır. Yaşıl yarpaqları bir qədər tüklü, yumurtavari-elliptik, şiş ucludur. Yarpağın uzunluğu 10-18 sm, eni 5-8 sm olub, damarlanması torvaridir. Ümumi çiçək oxunun uzunluğu 5-30 sm-dir. Ağ tüklü ox, aşağıdan yuxarıya ardıcıl olaraq açılan bir neçə hermafrodit çiçəkləri daşıyır. 2-3 sm uzunluğunda çəhrayı-qırmızı borulu çiçəklərin uzunluğu 0,8-1,5 sm, beş elliptik ləçəkdən ibarətdir. Meyvəsi dairəvi və yastı toxumları olan 3-3,5 sm uzunluğunda bir kapsuldur (Christian, 2025). Kapsullar kəskin uclu, zirvəyə yaxın hissədə zəif dalğalı kənarlı, ensiz avarvari və yastılaşmış quruluşa malikdir. Onlar uzununa yarılarlaq bir neçə disk formalı, tünd-qəhvəyi rəngli toxumların ətrafa yayılmasını təmin edir. Toxumlar meyvədaxili qarmaqvari strukturlara bərkidilmiş olur ki, bu da dispersiya (yayılma məsafəsi) prosesində onların bitkidən daha uzaq məsafələrə yayılmasına şərait yaradır. Toxumla və ya ana bitkinin bölünməsi yolu ilə çoxalır (Ağayeva, 2024).

Tofik Məmmədovun “Bitkilərin introduksiyası və iqlimləşdirilməsi” (Bakı, 2000) əsəri və World Meteorological Organisation ilə Slovak Hydrometeorological Institute (SHMÚ) tərəfindən təqdim olunan (1951- indiyədək olan ekstremal iqlim göstəriciləri) məlumatlara əsasən toxumların tədarük edildiyi Kosice şəhərinin iqlim göstəriciləri ilə Abşeron yarımadasının iqlim şəraitinin müqayisəli təhlili yerinə yetirilmişdir (Cədvəl 1.).

Cədvəl 1.

Abşeron yarımadası (Tofik Məmmədov «Bitkilərin introduksiyası və iqlimləşdirilməsi». Bakı, 2000.) və Kosice şəhərinin (World Meteorological Organisation; Slovak Hydrometeorological Institute (SHMÚ), (extremes, 1951-present) iqlim göstəriciləri

İqlim şəraiti		
İqlim parametrləri	Azərbaycan Abşeron yarımadası	Slovakiya Kosice ş.
İlin isti vaxtının orta temperaturu (°C)	20-27	15
İlin soyuq vaxtının orta temperaturu (°C)	13,5-13,7	5
İlin isti vaxtının maksimum temperaturu (°C)	40	25,5
İl ərzində qar örtüyü olan günlərin sayı (gün)	10 və daha az	99 (3,9 ay)
İllik günəşli vaxtın həcmi (saat)	2200-2445	4480
Küləyin orta illik sürəti (km/saat)	18	12,1
İllik yağıntı miqdarı (mm)	190-400	610-810
Orta illik rütubət (%)	78-92	62

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiq olunan növ və sortların toxumla çoxaldılmasının əlverişli səpin vaxtı, norma və dərinliyi, toxumların cücərmə faizinin öyrənilməsində M.K.Firsova metodikasına istinad edilmişdir. Cücərtilərinin morfoloji xüsusiyyətləri İ.T.Vasilçenko metodikasına əsasən təsvir edilməklə, bitki fərdlərində inkişaf mərhələləri xarakterizə olunmuşdur (Васильченко, 1979). Q.Kapperin “məhsuldarlığın təyin edilməsi şkalası”, kök sistemi quruluşu V.A.Kolesnikovun «köklərin tam çıxarılaraq yuyulması» metodikasına (Колесников, 1981), mövsümi inkişaf ritminin öyrənilməsi İ.N.Beydman üsuluna, fenoloji müşahidələr Q.N.Zaysev (Зайцев, 1981), cücərtilərin morfoloji xüsusiyyətləri İ.T.Vasilçenkonun, bitkilərin illik boy inkişafı (Bellon, 1991), V.V.Siminov, A.A.Molçanova metodikası ilə öyrənilmişdir (Молчанов, 1976). Tədqiqat işində bir çox yerli və xarici ədəbiyyatlara istinad edilmişdir. İllik böyümə dinamikasını təyin etmək üçün vegetasiyanın başlanğıcından sonuna qədər hər 10 gündən bir bitki üzərində ölçmələr aparılmışdır. Toxumların kütləsinin araşdırılması AND EK 610-i markalı elektron tərəzi vasitəsi ilə, toxumlar laboratoriya şəraitində Portable LCD Digital mikroskopu altında tədqiq edilmişdir.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Ruspolia seticalyx (C.B. Clarke) Milne-Redh. toxumları Xəzər rayonu “Dendrologiya Bağı” publik hüquqi şəxsin ərazisində introduksiya edilmişdir. Safarik Universitetinin Botanika bağından əldə olunmuş toxumlar laboratoriya şəraitində Portable LCD Digital mikroskopu altında tədqiq edilmiş, məlum olmuşdur ki, toxumların uzunluğu $9-10 \times 7-8$ mm, solğun sarı, bir səthi hamar, digər səthi nizamsız qırıqlıqdır. Bir ədəd toxumunun təqribi çəkisi 0,083 q-dır (Şəkil1)



Şəkil 1. Mübadilə yolu ilə əldə olunmuş toxumların əkilməsi

Toxumlar qapalı şəraitdə 5 may 2024-cü il tarixində (temperatur 18°C , nisbi rütubət 65 %) meşə torpağı və humus qarışığı əlavə edilmiş qablara əkilmişdir. Bitkinin ilkin cücərtiləri 12 may 2024-cü ildə əldə olunmuşdur. Növün ontogenezdə inkişafı dövrlər üzrə tədqiq edilmişdir (Bağirova, 2025):

Laten dövr (toxumların sakitlik dövrü)- 6 ədəd toxumun çəkisi 0,05 qram, 1 ədəd toxumun təqribi çəkisi isə 0,0083 qram olduğu təyin edilmişdir. Toxumların cücərməsi üçün optimal temperatur $18-22^{\circ}\text{C}$, nisbi rütubət 65 % -dir.

Pregenerativ dövr- Toxumların cücərməsi yerüstüdür. 5 may 2024-cü il tarixində əkini edilmiş *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh.-in ilkin cücərti bir həftə sonra qeydə alınmışdır (168 saat). Toxumların cücərmə faizi aşağıdır ($\approx 17\%$). Cücərti ləpə altlığı və ləpə yarpaqlarından ibarətdir. Ləpə yarpaqlarının ömrü 32-34 gündür. İlk həqiqi yarpaqlar toxum cücərdikdən 20-25 gün sonra əmələ gəlir. I cüt həqiqi yaşıl yarpaqları tüksüz, yumurtavari-elliptik, şiş uclu, qarşı-qarşıya düzülüşlü, parlaq, üst səthi hamar, 0,9-1,4 sm uzunluğunda, damarlanması torvaridir. Bu yaş mərhələsi 30 günə qədər davam edir.

Yuvenil yaş mərhələsi (y) - Ləpəyarpaqları solur. Tam formalaşmış yarpaqların ölçüsü $1,5 \pm 0,3$ sm uzunluqda, $0,5 \pm 0,03$ sm enindədir. Yuvenil vəziyyət 21-25 gün davam edir.

İmmatur yaş mərhələsi (m) - 2-3 cüt həqiqi yarpaqlar formalaşır və sonunda əsas zoğ boy atır. Bu mərhələ 24-26 gün davam edir. Bu dövrün sonunda cücərtilərin hündürlüyü 5-7 sm-ə çatır.

Virginil mərhələsi (v) - Əsas və yan budaqların fəal boy artması baş verir. Bu mərhələnin sonunda bitkilər 10-11 sm hündürlüyə, çətrinin diametri isə 8-10 sm-ə çatır.

Mütəmadi şəkildə aparılan biometrik ölçmələr nəticəsində müəyyən edilmişdir ki, növün yarpaq eninin orta göstəricisi 10 sm (təbii arealında 5-8 sm), yarpaq uzunluğu 14 sm (təbii arealında 10-18 sm), bitki boyu isə 0,4 m (təbii arealında 0,5-1,2 m) olmuşdur. 18 iyul 2024-cü il tarixində bitki fərdləri yeni dibçəklərə köçürülərək açıq sahədə yerləşdirilmiş və növ üzərində aparılan elmi tədqiqatlar davam etdirilmişdir (Cədvəl 2.).

Cədvəl 2.

Növün introduksiya və təbii areal ölçülərinin müqayisəli təhlili

Parametr	Ölçü vahidi	İntroduksiya (orta)	Təbii areal (min)	Təbii areal (max)	Areal aralığı (orta)	Aralığa düşür	Fərq
Yarpaq eni	sm	10	5	8	6.5	Xeyr	3.5
Yarpaq uzunluğu	sm	14	10	18	14.0	Bəli	0.0
Bitki boyu	m	0.4	0.5	1.2	0.85	Xeyr	-0.45

Generativ dövr (g) - Yan zoğların inkişafı zamanı çiçək qrupları formalaşır və inkişafı davam edir. Bitkinin orta hündürlüyü 20-22 sm, çətrinin diametri isə 10-13 sm-ə çatır. Ümumi çiçək oxunun uzunluğu 5-30 sm-dir. Ağ tüklü ox, aşağıdan yuxarıya ardıcıl olaraq açılan bir neçə hermafrodit çiçəkləri daşıyır. 2-3 sm uzunluğunda çəhrayı-qırmızı borulu çiçəklərin uzunluğu 0,8-1,5 sm, beş elliptik ləçəkdən ibarətdir. Meyvəsi dairəvi və yastı toxumları olan 3-3,5 sm uzunluğunda bir kapsuldur (Şəkil 2.).

Şəkil 2. *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh.-in morfoloji quruluşu

Subsenil və senil yaş dövrləri - Bu mərhələnin səciyyəvi cəhəti bitkinin üst hissəsindəki yarpaqlar tökülür, alt hissəsindəki yarpaqların saralması müşahidə edilir.

Ana bitkidən generativ dövrdə əldə edilmiş 11 ədəd toxum nümunəsi 2 aprel 2025-ci il tarixində öncəkin illərin praktika və metodologiyası nəzərə alınmaqla qapalı şəraitdə yenidən əkini edilmişdir. 2024-cü il ilə müqayisədə əkin vaxtının bir ay əvvəl həyata keçirilməsi səbəbindən temperatur şəraiti dəyişmiş və toxumların cücərməsi müddəti uzanmışdır. Həmçinin, 2025-ci ildə bitki vegetativ üsulla çoxaldılmış, gövdə kəsiyindən yeni bir fərd əldə edilmişdir (Şəkil 3.).



Şəkil 3. Növün 2025-ci ildə vegetativ və generativ çoxaldılması

12 avqust 2025-ci il tarixində bitki üzərində ölçmə işləri aparılmış və əldə olunmuş göstəricilər müqayisəli təhlil edilmişdir (Cədvəl 3.).

Cədvəl 3.

Ştil ilə toxum mənşəli cücərti nümunələrin morфометрик göstəricilərinin müqayisə cədvəli

Parametrlər (sm)	Vegetativ (ştil)	Generativ (toxum cücərtisi)	Fərq %-lə
Bitki boyu	5	6	+20,0
Yarpaq uzunluğu	4,0	4,5	+12,5
Yarpaq eni	3,0	2,0	-33,3

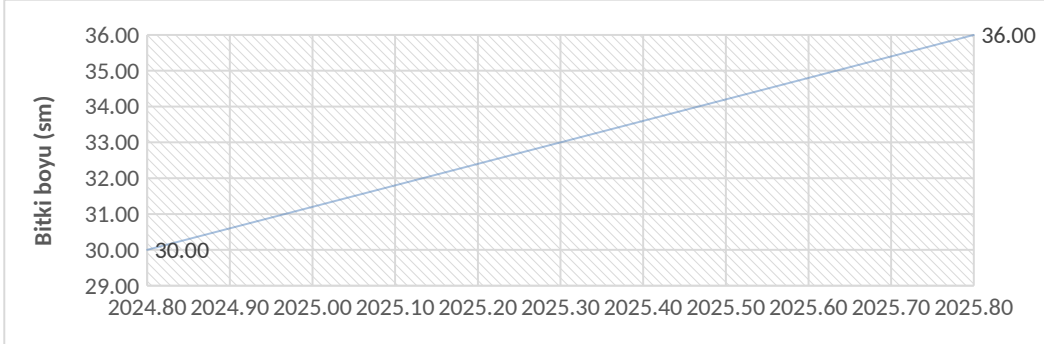
Morfometrik göstəricilər üzrə vegetativ (ştilər) və generativ (toxum mənşəli cücərtilər) nümunələr arasındakı fərqlər faizlə hesablanmışdır. Hesablamalar üçün standart müqayisəli dəyişmə düsturundan istifadə edilmişdir (1).

$$Fərq (\%) = \frac{Generativ\ göstərici - vegetativ\ göstərici}{vegetativ\ göstərici} \times 100 \quad (1).$$

Generativ yolla əldə edilmiş cücərtilər vegetativ ştilər ilə müqayisədə $\approx 20\%$ daha hündür və yarpaq uzunluğu $\approx 12,5\%$ daha böyükdür. Yarpaq eni generativ nümunədə $\approx 33,3\%$ daha

kiçik olduğundan yarpaqlar daha dar və uzunsov (nisbət 2,25) formaya malikdir. Bu nəticələr generativ çoxalmada erkən inkişaf mərhələsində hündürlüyün artması və yarpaq morfoloqiyasının incəlməsi ilə səciyyələnən fərqləri göstərir.

Əldə edilmiş yetkin fərd 4 may 2025-ci il tarixində açıq sahəyə köçürülmüşdür. Əkinin birinci ilində (2024) bitkinin maksimal boy inkişafı 28-30 sm olmuş, 2025-ci ildə isə açıq sahəyə köçürüldükdən sonra yan budaqların sayı artmış, çətirinin sahəsi genişlənmiş və bitkinin boyu 36 sm-ə qədər inkişaf etmişdir (Qrafik 1).



Qrafik 1. *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh.-in 2024 və 2025-ci illərdə inkişaf dinamikası

Vegetativ yolla çoxaldılmış nümunədə 5 oktyabr 2025-ci il tarixindən etibarən *generativ inkişaf mərhələsinə* (g) keçid qeydə alınmışdır. 13 noyabr tarixində aparılan fenoloji müşahidələr zamanı bitkidə artıq 4 ədəd formalaşmış toxum kapsulu müəyyən edilmişdir. Kapsulların ölçülərinin 0,5-3,0 sm arasında dəyişməsi onların fərqli inkişaf mərhələlərində olduğunu göstərmişdir. Vegetativ mənşəli bitkidə yarpaqların maksimal uzunluğu 13 sm, eni 7 sm olmuş, ümumi bitki hündürlüyü 37 sm-ə çatmışdır. Bundan əlavə, kök sistemində yeni pöhrələrin əmələ gəlməsi bitkinin yüksək vegetativ inkişaf qabiliyyətinə malik olduğunu göstərir. Bitki qapalı şəraitdə tam normal inkişafını davam etdirmişdir.

Generativ yolla çoxaldılmış nümunələrdə isə *generativ fazaya* (g) keçid oktyabr ayının son on günlüyündə baş vermişdir. Lakin 19 noyabr tarixində aparılmış müşahidələr zamanı bu qrup bitkilərdə toxum kapsullarının formalaşması hələlik qeydə alınmamışdır. Yarpaqların maksimal uzunluğu 7-10 sm, eni 6 sm təşkil etmiş, bitkilərin hündürlüyü isə 18-20 sm arasında dəyişmişdir. Hər iki çoxaltma metodundan əldə edilmiş bitkilərin qapalı şəraitdə saxlanılmasına baxmayaraq, vegetativ mənşəli nümunənin generativ strukturlarının daha tez inkişaf etməsi onun ilkin vegetativ üstünlüyü və daha güclü fizioloji vəziyyəti ilə izah oluna bilər (Şəkil 4).



Şəkil 4. Vegetativ çoxaltmada toxum kapsullarının əmələ gəlməsi.

Ruspolia seticalyx (C.B. Clarke) Milne-Redh. növünün ex-situ şəraitində aparılmış müşahidələr göstərir ki, bitki yüksək çiçəklənmə potensialına malikdir və çiçəklənmə intensivliyi in-situ mühitlə müqayisədə daha yüksəkdir. Su təminatının normadan artıq olduğu hallarda yarpaq ayasının uclarında və kənar sahələrində xloroz tipli rəng dəyişikliyi müşahidə olunmuşdur ki, bu da növün artıq rütubətə qarşı həssaslığını göstərir. İki illik müşahidə dövrü

ərzində bitkilərdə hər hansı zərərverici ilə yoluxma halı qeydə alınmamış, həmçinin patogen mənşəli xəstəliklərə qarşı yüksək davamlılıq nümayiş etdirdiyi müəyyən edilmişdir. Formalaşdırdığı sıx çiçək saplaqları və dekorativ xüsusiyyətləri nəzərə alınaraq qrup (kollektiv) əkini üçün əlverişli takson kimi tövsiyə olunur (Şəkil 5.)

Şəkil 5. Ex-situ şəraitində yetişdirilən *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. nümunəsində intensiv çiçəklənmə

NƏTİCƏLƏR

Abşeron yarımadasının iqlim şəraitində aparılan müşahidələr nəticəsində məlum olmuşdur ki, bitkinin inkişaf fazalarının - vegetativ və generativ mərhələlərinin tam şəkildə izlənilməsi mümkündür. Növ sürətli vegetativ inkişaf və yüksək adaptasiya qabiliyyəti ilə seçilir. Abşeron yarımadasının iqlim və torpaq şəraiti, növün təbii botaniki-coğrafi bölgələrindən fərqli olduğundan, introdusent bitkinin normal inkişafı üçün müəyyən aqrotexniki tədbirlərin tətbiqi zəruridir. Yetkin fərdlər quraqlıq və yüksək temperatur şəraitinə davamlıdır. Optimal inkişaf üçün humuslu, su keçiriciliyi yüksək torpaqlara üstünlük verir. Tam günəşli şəraitdə maksimal çiçəklənmə müşahidə olunur, kölgəli yerlərdə isə çiçəklənmə zəifləyir və zoğlar etiolasiya olunmuş (zəif inkişaf) formaya keçir. Fosfor tərkibli gübrələrin tətbiqi çiçəklənməni stimullaşdırır, azotlu gübrələrin istifadəsi isə vegetativ kütlənin artımına səbəb olur. İsti yay aylarında nəm saxlanılmalıdır. Çiçəklərin cari ilin zoğlarında əmələ gəlməsi səbəbindən bitkinin tez-tez budanması məsləhət görülmür. Toxumla və ya ana bitkinin bölünməsi yolu ilə çoxalır. Çilinglər asanlıqla kök salır və növbəti vegetasiya mövsümündə çiçəklənməyə başlayır. Beləliklə, *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. növünün Abşeron yarımadasında kultivasiyası həm dekorativ, həm də ekoloji cəhətdən orta perspektivli hesab olunur.

ƏDƏBİYYAT

- Ağayeva C.M., Əliyeva L.Z.** Abşeron yarımadasında davamlı yeni dekorativ növlərin iqlimləşdirilməsi. “Bioloji Müxtəlifliyin Mühafizəsi: Botanika, Ekologiya və Yaşıl Şəhərlər mövzusunda” Forum, 23-25 oktyabr 2024-cü il. Bakı 2024;47. [Ağayeva C.M., Aliyeva L.Z. Acclimatization of sustainable new decorative species on the Absheron peninsula. “Conservation of biological diversity: Botany, Ecology and Green cities” forum, october 23-25, 2024. Baku 2024;47. (in Azerbaijani)]
- Bağirova S., Cavadova L., Ağayeva C., Nəsirli L., Axundova A.** *Ruspolia Seticalyx* (C.B. Clarke) Miln. bitkisinin ontogenez xüsusiyyətləri və Abşeron şəraitində introduksiyası. *ATU Elmi xəbərlər jurnalı*, Gəncə 2025;3:26-32. [Bağirova S., Cavadova L., Ağayeva C., Nəsirli L., Akhundova A. Ontogenesis characteristics of the plant *Ruspolia Seticalyx* (C.B. Clarke) Miln. and its introduction in Absheron conditions. *ATU Elmi xəbərlər jurnalı* = *ATU scientific news journal* , Ganja 2025;3: 26-32. (in Azerbaijani)]
- Васильченко И.Т.** Определитель всходов сорных растений. Ленинград: Колос, 1979; 181-182. [Vasilchenko I.T. Determinant of sprouts of weed plants. Leningrad: Kolos, 1979; 181-182. (in Russian)]
- Зайцев Г.Н.** Логический анализ всхожести семян. Бюлл. ГБС АН СССР. Москва: Наука, 1981;122:74-80. [Zaitsev G.N. Logical analysis of sprouted seeds. Bull AN USSR Moscow: Nauka, 1981;122:74-80. (in Russian)]

- Колесников В.А.** Методы изучения корневой системы древесных растений. Лесная промыш., 1971;152. [Kolesnikov V.A. Methods of studying the root system of tree plants. Lesnaya protysh. 1971;152. (in Russian)]
- Молчанов А.А., Смирнов В.В.** Методика изучения прироста древесных растений. М.: Наука, 1967;95. [Molchanov A.A., Smirnov V.V. Methods of studying the growth of woody plants. M: Nauka, 1967;95. (in Russian)]
- Bellon C.** “Diagnosis and improvement method in range utilization systems” Act. 4ème Congr.int. terres parcours, Montpellier, 22-26 avq. 1991;3:200- 210.
- Christian B., Gerard V.** Overview of the plant genus: Insights into its chemical diversity and biological potential. Life, Life-Basel, 2025;15 (2):4-14.
- Опоке Р., Малинга Г., Рутаро К.** Seasonal pattern in population dynamics and host plant use of non-swarming *Ruspolia differens servile* (Orthoptera: Tettigoniidae) Journal of applied entomology, 2018;1-9.

ONTOGENESIS AND REPRODUCTION OF THE SPECIES *RUSPOLIA SETICALYX* (C.B. CLARKE) MILNE-REDH. IN ABSHERON CONDITIONS

Samira Bagirova *, Leyla Javadova, Lala Nasirli, Jamala Aghayeva, Arzu Akhundova, Lala Jalilova, Aynura Ibrahimova

“Dendrology Garden” Public Legal Entity

The article comprehensively investigates the morphological and physiological characteristics of *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh. under ex situ conditions and evaluates the introduction of the species into the arid climate of the Absheron Peninsula. The Public Legal Entity “Dendrological Garden” carries out seed exchange programs with botanical gardens in various countries. These exchange programs enable not only the introduction of new species, but also the study of their adaptive potential as well as their morphological and physiological traits. Seeds of *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh., characterized by bright red or orange-red flowers, were obtained through scientific exchange with the Botanical Garden of Pavol Jozef Šafárik University in Slovakia. The seeds were propagated generatively, and all ontogenetic stages of the plant (latent, pregenerative, juvenile, virginile, generative, subsenile, and senile) were monitored. In addition, the potential use of the species in single and group plantings was assessed based on its ornamental value. A comparative analysis of the climatic indicators of the city of Košice, where the seeds were obtained, and the climatic conditions of the Absheron Peninsula was carried out. For the first time, a germination rate of 17% was achieved from seeds sown under greenhouse conditions. Seeds obtained through exchange had lower quality indicators, which limited their adaptation to the Absheron climate and resulted in a low germination percentage. In contrast, seeds obtained from plants grown under local conditions showed higher adaptation capacity and better quality indicators. Compared to seed-propagated plants, vegetatively propagated individuals exhibited faster development and an earlier transition to the generative phase. The introduction of the species is considered moderately perspective and requires specific agrotechnical practices differing from those of its natural botanical and geographical range. The species is distinguished by rapid vegetative growth and high adaptability. During a three-year observation period, no cases of pest infestation were recorded in the cultivated individuals, and they demonstrated high resistance to diseases of pathogenic origin. In cases of excess irrigation, chlorosis-like discoloration was observed at the tips and margins of the leaf blades, indicating the species' sensitivity to excessive moisture. The application of phosphorus-containing fertilizers stimulates flowering, whereas nitrogen fertilizers promote an increase in vegetative biomass. The ornamental flowering of the species is observed during the summer months.

Keywords: *Ruspolia seticalyx* (C.B. Clarke) Milne-Redh., Absheron Peninsula, ontogenesis, adaptation, plant morphology

ОНТОГЕНЕЗ И РАЗМНОЖЕНИЕ ВИДА *RUSPOLIA SETICALYX* (С.В. CLARKE) MILNE-REDH. В УСЛОВИЯХ, ХАРАКТЕРНЫХ ДЛЯ АПШЕРОНА.

Самира Багирова*, Лейла Джавадова, Лала Насирли, Джамала Агаева, Арзу Ахундова, Лала Джалилова, Айнура Ибрагимова

«Дендрологический сад» публичное юридическое лицо

В статье всесторонне исследованы морфологические и физиологические особенности *Ruspolia seticalyx* (С.В. Clarke) Milne-Redh. в условиях *ex situ*, а также осуществлена интродукция вида в засушливые климатические условия Апшерона. Публичное юридическое лицо «Дендрологический сад» осуществляет обмен семенами с ботаническими садами различных стран. Указанные программы обмена позволяют не только внедрять новые виды, но и изучать их адаптационный потенциал, морфологические и физиологические характеристики. Семена *Ruspolia seticalyx* (С.В. Clarke) Milne-Redh., отличающиеся ярко-красными или оранжево-красными цветками, полученные в результате научного обмена с Ботаническим садом Университета им. П.Й. Шафарика (Словакия), были размножены генеративным способом. Прослежены все онтогенетические стадии развития растения (*латентная, прегенеративная, ювенильная, виргинильная, генеративная, субсенильная и сенильная*), а также изучен потенциал использования вида в одиночных и групповых посадках с учётом его декоративных качеств. Проведен сравнительный анализ климатических показателей города Кошице, откуда были получены семена, и климатических условий Апшеронского полуострова. Впервые в условиях теплицы удалось достичь всхожести 17 % посеянных семян. Низкие качественные показатели семян, полученных путем обмена, ограничили их адаптацию к климатическим условиям Апшерона и привели к низкому проценту всхожести. В то же время семена, полученные от растений, выращенных в местных условиях, показали более высокую адаптационную способность и лучшие качественные показатели. По сравнению с растениями, выращенными из семян, экземпляры, размноженные вегетативным способом, характеризовались более быстрым ростом и более ранним переходом в генеративную фазу. Интродукция данного вида оценивается как среднеперспективная и требует проведения агротехнических мероприятий, отличающихся от условий его естественного ботанико-географического ареала. Вид отличается интенсивным вегетативным развитием и высокой адаптационной способностью. В течение трёхлетнего периода наблюдений у интродуцированных экземпляров не зафиксировано поражений вредителями, а также установлена высокая устойчивость к заболеваниям патогенного происхождения. При избыточном поливе на кончиках и по краям листовых пластинок отмечаются хлорозоподобные изменения окраски, что свидетельствует о чувствительности вида к избытку влаги. Применение фосфорсодержащих удобрений способствует активному цветению, тогда как азотные удобрения стимулируют наращивание вегетативной массы. Декоративное цветение вида наблюдается в летние месяцы.

Ключевые слова: *Ruspolia seticalyx* (С.В. Clarke) Milne-Redh., полуостров Апшерон, онтогенез, адаптация, морфология растений.

Çара təqdim etmişdir: Aydın Musa oğlu Əsgərov, b.e.d., professor

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 17.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 13.03.2026

Çара qəbul edilmə tarixi: 13.04.2026

UOT 638.16

QLOBAL İQLİM DƏYİŞİKLİYİ ŞƏRAİTİNDƏ BAL ARILARININ MƏHSULDARLIQ VƏ KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİ

CƏSARƏT ŞABANOV ¹, SAMİR MAHMUDOV ^{1,2*}, GÜLARƏ SEYİDOVA ³, MUSA MƏMMƏDOV ², RUHİYYƏ QURBANOVA ², SEVDA SADIXOVA ², SAHİB CƏFƏROV ², RÜFƏT MEHDİYEV ², SƏMAYƏ VƏLİZADƏ ¹

¹Azərbaycan Texnologiya Universiteti, Gəncə ş., AZ2011, Şah İsmayıl Xətai prospekti 103

²Heyvandarlıq və Balıqçılıq Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Arıçılıq Təcrübə Stansiyası, Azərbaycan Respublikası, Göygöl rayonu, AZ2500, Firuzabad qəsəbəsi

³ Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr. 155

s.mahmudov@atu.edu.az

Qlobal iqlim dəyişikliyi arıçılığa ciddi mənfi təsir göstərərək nektar axınını azaldır, bitkilərin çiçəkləmə dövrünü pozur və arı ailələrinin zəifləməsinə səbəb olur. Artan temperaturlar arıların qidalanma balansını pozur, ana arıların dövlənmə qabiliyyətini aşağı salır və xəstəliklərə qarşı müqavimətini azaldır. Bu amillər bal məhsuldarlığının aşağı düşməsinə və arı ölümlərinin artmasına gətirib çıxarır. Bunlar həmçinin məhsulların keyfiyyətinə də etdiyi təsirlə xarakterizə olunmaqdadır.

İlk dəfə olaraq müxtəlif arı cins və hibridlərinin, xəttlərinin, populyasiyalarının təbii bal məhsuldarlığının və onun keyfiyyət parametrlərinin ayrı-ayrılıqda öyrənilməsi aparılmışdır.

Tədqiqat nəticələri təbii balın brendləşdirilməsi və müxtəlif arı cinsləri və onlara aid nəsillərin məhsuldarlığa aid keyfiyyət göstəricilərinin isbatı ilə elmi-praktik əhəmiyyət daşıyır.

Elmi-tədqiqat işinin aparılmasında məqsəd müxtəlif arı cins və hibridləri, populyasiya və xəttləri üzrə əldə olunan təbii balın tərkibinin yoxlanılmasıdır. Bunun üçün aşağıdakı vəzifələrin həyata keçirilməsi nəzərdə tutulur:

- nəzarət və təcrübə obyektlərinin yaradılması;
- təbii balın tədarükü;
- nümunələrin qablaşdırılması və analizlərin aparılması;
- nəticələrin təhlili.

Tədqiqat obyektini olaraq HBETİ-nin "Arıçılıq məhsullarının istehsalı və analizi" laboratoriyasının arıçılıq təsərrüfatında olan arı ailələrindən istifadə olunur.

Təbii bal analizi, məhsulun saxta, qatqılı və ya keyfiyyətsiz olub-olmadığını müəyyən edərək arı ailəsinin və eləcə də istehlakçı sağlamlığını qorumaq üçün kritik əhəmiyyət kəsb edir. Bu analizlər balın tərkibindəki fermentləri, şəkər nisbətini (qlükoza/fruktoza), nəm miqdarını və mənşəyini yoxlayaraq, həmçinin antibiotik və ya pestisid qalıqlarının olmadığını təsdiqləyir.

Saxtakarlığın qarşısının alınması: Balın şəkər siropu və ya digər maddələrlə qarışdırılıb-qarışdırılmadığını üzə çıxarır.

Keyfiyyət və Təhlükəsizlik: Balın nəm dərəcəsi və qatqısızlığı yoxlanılır.

Mənşənin müəyyən edilməsi: Polen analizi ilə balın hansı növ bitkidən və regiondan alındığı dəqiqləşdirilir.

Qida dəyərinin təsdiqi: Ferment tərkibi və diastaza ədədi kimi parametrlər balın müalicəvi xüsusiyyətlərini təsdiqləyir.

Qeyd olunanlar nəzərə alınaraq, bal arılarının arıçılıq məhsullarının analiz olunması aktual olmaqdadır.

Açar sözlər: qlobal iqlim dəyişikliyi, bal arısı, təbii bal, çiçək tozu, vərəmum, arıçılıq məhsulları.

GİRİŞ

Respublikamızda yerli arı genofondu hesab edilən Boz Dağ Qafqaz və Sarı Qafqaz arı cinslərinin müxtəlif populyasiyaları ilə yanaşı müxtəlif xarici cins arı cinsləri və hibridləri arıçılıq təsərrüfatlarında geniş yayılmışdır. Təbii balın tədarükündə son illər artım müşahidə edilməklə bərabər, müxtəlif cins arıların təbii ballarının keyfiyyət parametrlərinin də öyrənilməsi aktual məsələdir.

Respublikamızda arıçılığa göstərilən Dövlət dəstəyi, həyata keçirilən sosial proqramlar bu sahənin sürətlə inkişafına səbəb olmuşdur. Azərbaycan Respublikasının Dövlət Statistika Komitəsi tərəfindən təşkil olunmuş statistik müşahidənin nəticələrinə görə 2024-cü ildə 30601 təsərrüfatda mövcud olan 579,0 min arı ailəsindən 5166,3 ton bal, 132,1 ton mum, 8,5 ton vərəmum, 16,8 ton güləm və 239,3 kq arı südü əldə olunmuşdur. İstehsalçılar üzrə balın 1 kiloqramının orta satış qiyməti 28,6 manat, mumun - 16,5 manat, vərəmumun - 109,7 manat, güləmin - 140,9 manat, arı südünün 1 qramının orta satış qiyməti isə 7,0 manat olmuşdur.

2023-cü illə müqayisədə 2024-cü ildə arı ailələrinin sayı 3,1 faiz azalmış, bal istehsalı 13,5 faiz, güləm istehsalı 88,8 faiz artmış, mum istehsalı 23,5 faiz, vərəmum istehsalı 43,0 faiz, arı südü istehsalı 14,9 faiz, arıçılıqla məşğul olan təsərrüfatların hər birinə orta hesabla düşən arı ailələrinin sayı isə 2,4 faiz azalmışdır. Arı ailələrinin sayında və bəzi arıçılıq məhsullarının istehsalında azalma əsasən arı xəstəlikləri ilə əlaqədar olmuşdur (<https://azstand.gov.az/upload/files/Təbii%20bal.pdf>).

2025-ci ildə Azərbaycanda arıçılıq sektoru üzrə 29 456 təsərrüfatda mövcud olan 545,1 min arı ailəsindən 4757 ton bal və digər arıçılıq məhsulları əldə edilib. Dövlət Statistika Komitəsinin məlumatına görə, əvvəlki illə müqayisədə arı ailələrinin sayı 5,9 faiz, bal istehsalı 7,9 faiz, mum istehsalı 6,9 faiz azalıb. Vərəmum və güləm istehsalında da müəyyən geriləmə qeydə alınıb. Eyni zamanda arı südü istehsalında 6,2 faiz artım müşahidə edilib ki, bu da məhsul strukturunda müəyyən dəyişikliklərin formalaşdığını göstərir. İlkin müşahidələr onu göstərmişdir ki, geriləməyə səbəb qlobal iqlim dəyişikliyi, uzunmüddətli quraqlıq, arı ailələrinin arı xəstəlik və zərərvericilərinə qarşı müalicə-profilaktika tədbirlərinin aparılmaması, eyni zamanda herbisid və pestisidlərlə aparılan mübarizədə arıların qış ehtiyatı üçün toplanan balların tərkibindəki toksiki maddələr, gəzəngi ballar olmuşdur. Ona görə də təbii balın tərkibinin müəyyən olunması, yerli şəraitə uyğun arı ailələrinin məhsuldarlıq göstəricilərinin, onların keyfiyyət parametrlərinin təyin olunması aktualdır.

Bal arılarından müxtəlif arıçılıq məhsullarının istifadəsi, müxtəlif meyvə bağlarının tozlandırılması, həmçinin, müxtəlif alkoqollu və alkoqolsuz içkilərin hazırlanmasında həmin arıçılıq məhsullarından istifadə edilir (Исмаилов, Махмудов, Садыхова, 2025; Исмаилов, Махмудов, 2025; Исмаилов, Махмудов., Мамедов, 2025).

Tədqiqat işinin öyrənilmə səviyyəsi və müasir vəziyyəti. Bal ən vacib insan qidalarından biridir. Həm qida, həm də müalicəvi xüsusiyyətlərə malikdir. Balın tərkibindəki çoxlu sayda faydalı komponent terapevtik faydalar təmin edir. Bal B vitaminləri, C vitamini, purin və pirimidin əsasları ilə zəngindir. Dadı, rəngi, ətri və mənşəyi ilə fərqlənən çox sayda bal növü mövcuddur.

2022-ci ildə ABŞ-dan olan bioloqlar xüsusi olaraq yaradılmış mühitdə bal arılarını müşahidə edərək bir araşdırma aparıblar. Yetkin arılar qəsdən digər arılardan təcrid edildi. Əvvəlcə alimlər laboratoriya şəraitində şirinləşdirilmiş suyun arılara təsirini müəyyən etmək istədilər. Bəzi sulayıcılara şəkər siropu əlavə etdikdən sonra hər qrupdakı işçi arıların davranışındakı və ömründəki dəyişiklikləri izlədilər. Amerikalı bioloqların tapıntıları məyusedici oldu. Onlar arıların orta ömrünün 1970-ci illərdə aparılan oxşar tədqiqatların təxminən yarısı olduğunu aşkar etdilər. Ötən əsrin ikinci yarısında sınaq həşəratlarının orta ömrü 34,3 gün idisə, son onilliklərdə bu rəqəm iki dəfə azalaraq 17,7 günə düşüb.

ABŞ alimlərinin fikrincə, arıların ömrünün kəskin azalması bütün koloniyaya mənfəətli təsir göstərir. Belə şəraitdə populyasiyanın azalması 30-40 faiz sürətlənə bilər. Su bal arılarının

ömrünə təsir edən əsas amillərdən biridir. Məsələn, bioloqlar tərəfindən şanları daha çox suvarılan fərdlərin ömrü su ilə təmin olunmayan həmkarlarından daha uzun olub. Birinci nəzarət qrupunun orta ömrü 21 gündən, ikinci qrupun isə 15 gündən çox olub. Qlobal istiləşmənin daha da sürətlənməsi, quraqlıqların və digər təbii fəlakətlərin artması ilə birlikdə arıların ömrünü daha da azalda bilər. Bioloqlar bunun yetkin arıların məhsuldarlığının (nə qədər uzun yaşayırlarsa, bir o qədər çox yem tapa bilərlər) və arı koloniyalarının bal istehsalının azalmasına səbəb olacağına inanırlar.

Vebsiter Universitetinin tədqiqatçısı Nikol Miller-Stratmanın fikrincə, arıların həyatı üçün digər mənfi amil yetkin arıların ölçüsünün kəskin azalmasıdır. Son onilliklərdə qlobal istiləşmənin sürətlənməsi yalnız bəzi arıların təbii yaşayış yerlərinin itirilməsinə deyil, həm də bədən ölçülərinin əhəmiyyətli dərəcədə azalmasına səbəb olub. Buna səbəb həmçinin istifadə olunan şanların istismar müddətinin 2-3 ildən daha çox olmasıdır.

Dünya miqyasında müxtəlif arı mutasiyaları qeydə alınır. Məsələn, dağlarda 20.000-dən çox arının üzərində aparılan çoxillik tədqiqat zamanı amerikalı alimlər erkən istiləşmə və buzların vaxtından əvvəl əriməsi səbəbindən iri bal arılarının, o cümlədən arıların sayının əhəmiyyətli dərəcədə azaldığını, kiçik arıların sayının isə kəskin şəkildə artdığını aşkar ediblər. Bioloqlar bunu daha böyük arıların istiliyi yaxşı saxladığı üçün əhəmiyyətli dərəcədə yüksək orta temperaturalara daha az davamlı olmaları ilə izah edirlər. Onlar bunun arıların və arıların daha sərin bölgələrə köç etməsinə səbəb olacağına inanırlar.

Məqaləsində Miller-Stratmann xəbərdarlıq edir ki, qlobal iqlim dəyişikliyi getdikcə artan sayda arı və arı növünün yaşayış mühiti üçün sürətlə ciddi problemə çevrilir. ABŞ-ın cənub-qərbindəki quraq bölgələrdə aparılan bir araşdırmadan sonra bir qrup alim müşahidə olunan 243 yerli arı növünün 46 faizinin populyasiyasında kəskin azalma proqnozlaşdırıb. Bundan əlavə, qlobal istiləşmə gücləndikcə, tarixən ekstremal hava şəraitinə davamlı olan bir çox bal arısı növü yaxın gələcəkdə nəslə kəsilmək təhlükəsi ilə üzləşə bilər. Bioloqlar ən böyük risklərin hazırda Beynəlxalq Təbiəti Mühafizə Birliyinin (IUSN) təsnifat sistemində "ən az narahatlıq doğuran" kimi təsnif edilən 37 növün və artıq "ən həssas" kimi təsnif edilən daha doqquz növün üzləşəcəyini gözləyirlər.

Arı populyasiyaları ötən əsrin ikinci yarısında kəskin şəkildə azalmağa başladı. 1990-cı illərdə Şimali Amerika və Avropadakı arıçılar, xüsusən də qışda, koloniyaların geniş şəkildə depopulyasiyası ilə qarşılaşmağa başladılar. Bu tendensiya 2010-cu illərin sonlarında daha da sürətləndi. Qeyri-kommersiya Bee Informed Partnership təşkilatının məlumatına görə, ABŞ-da bal arılarının təxminən 40 faizi 2019-cu ildə, təxminən 45 faizi 2020-ci ildə yoxa çıxdı və 2021-ci ildə rekord 50 faiz qeydə alındı. Analitiklər 2022-ci ildə arı koloniyalarında ölüm nisbətinin təxminən 40 faizə çatması ilə bir qədər azalma qeydə aldılar, lakin 2023-cü ilə qədər bu rəqəm 48 faizə yüksəldi.

Dünya Arıları Xilas Et Fondunun (WSBF) analitikləri qlobal arıların sayının azalmasının əsas səbəblərindən birinin pestisidlərin və aqrokimyəvi maddələrin geniş istifadəsi ilə bağlı fikirdədirlər. Kontakt pestisidlər adətən bitkilərə püskürülür və tozlanma zamanı arılarınla təmasda olduqda onları öldürə bilər. Digər tərəfdən, sistemli pestisidlər əvvəlcə torpağa və ya toxumlara daxil olur və sonra bitki gövdələrinə, yarpaqlarına, nektarına və tozcuqlarına hopur və bu da bal arılarının sağlamlığı üçün ciddi risk yaradır.

Bundan əlavə, işçi arılar da herbisidlərdən (alaq otlarını idarə etmək üçün istifadə olunan kimyəvi maddələr) risk altındadırlar. Ən böyük təhlükə böyümə mövsümündə tətbiq olunan herbisidlərdən gəlir. Onlar arıların pətəyə gətirdiyi nektar və tozcuqları çirkləndirə bilərlər. Bu, bütün təsərrüfat üçün təhlükə yaradır.

Ona görə də torpaqların qiymətləndirilməsi vacib hesab edilir. Torpaq resurslarının həm mütləq və həm də nisbi ölçülərdə azalması XXI əsrin başlanğıcında artıq dönməz prosesə çevrilmişdir. Azərbaycanda da hava, su və torpaq resursları ilə bağlı ekoloji problemlər öz kəskinliyi ilə seçilirdi. 70-80-ci illərin iqtisadi yüksəlişi ölkə miqyasında bir sıra torpaq ekoloji

problemlərin ortaya çıxmasına səbəb oldu. Aran zonalarında torpaqların şorlaşması və şorakətləşməsi, dağlıq ərazilərdə eroziya prosesləri ölkədə ekoloji problemlər hüdudunu aşaraq sosial, iqtisadi və hüququ problemə çevrilməyə başladı. İnsanların kənd təsərrüfatı fəaliyyəti nəticəsində ortaya çıxmış ekoloji problemlərin həlli yollarının tapılması bir sıra kənd təsərrüfatı elmlərinin, o cümlədən aqroekologiya, torpaqşünaslıq və aqrokimyayın aparıcı elmi istiqamətləridir (Məmmədov, Məmmədova, Şabanov, 2009; Abbasova, 2019; Məmmədov, Məmmədova, Şabanov, 2017).

MATERIAL VƏ METODLAR

Balın tərkibi həqiqətən müxtəlifdir. Tədqiqat zamanı təbii balın analizi üzrə mövcud metodlara və əsasən “Herba Flora” MMC-nin və HBETİ-nun “Arıçılıq məhsullarının tədarükü və analizi” laboratoriyasında aparılan analizlər nəzərdə tutulmuşdur. Ümumilikdə isə balın analizi müvafiq Qaydalara əsaslanmışdır (T.C. Millî Eğitim Bakanlığı Laboratuvar Hizmetleri Bal Analizleri, 2012; Заикина, 2012.)

Balın tərkibində 300-dən çox kimyəvi birləşmə və mineral var. Bunlardan ən vacibləri 36-40% fruktoza, 32-35% qlükoza və 2-3% dir, tri və oliqosaxaridlərdən ibarət olan karbohidratlardır. Bu karbohidratlar, əsasən qlükoza və fruktoza, insan orqanizmi tərəfindən asanlıqla mənimsənilir və bu da onları dəyərli enerji mənbələrinə çevirir (100 q bal üçün 1289 kJ). Bundan əlavə, monosaxaridlər və onların törəmələri bioloji strukturların qurulmasında iştirak edir və plastik funksiyaları yerinə yetirir (Sultanov, Əsədov, 2016).

Bal 15-dən çox ferment ehtiva edir. Onlar insan orqanizmində baş verən hidrolitik, redoks və digər proseslər üçün katalizator rolunu oynayır. Bu fermentlər arasında toxuma tənəffüsündə mühüm rol oynayanlara peroksidaza, katalaza və o-difenol oksidaza daxildir. Ən vacibləri α və β -amilazalar və β -fruktofuranozidaza (invertaza) olan hidrolitik fermentlər mürəkkəb kimyəvi maddələri insan orqanizmi tərəfindən daha asan mənimsənilən daha sadə maddələrə parçalayan reaksiyaları katalizləşdirir. Qlükoza oksidaza fermenti atmosfer oksigeni ilə qlükozanın oksidləşməsini katalizləşdirir. Bu reaksiya qlükonolakton istehsal edir və insan orqanizmində həmişə mövcud olan hidrogen peroksidi buraxır.

Həm üzvi, həm də qeyri-üzvi müxtəlif turşular balın 0,43%-ni təşkil edir. Üzvi turşular, o cümlədən tartarik, qlütamin, oksalit, qarışqa, sirkə və digərləri üstünlük təşkil edir. Balda mövcud olan qeyri-üzvi turşulara xlorid və fosfor turşuları daxildir (Алексемицер и др.,1997.).

Balın tərkibində makro, mikro və ultra-mikroelementlər də daxil olmaqla 0,03-0,2% mineral var. Bunlara kalium, kobalt, nikel, gümüş, molibden, qurğuşun, titan və Mendeleyevin Dövri Kimyəvi Elementlər Cədvəlindən digər elementlər daxildir. Struktur komponentlər kimi kalsium, maqnezium və fosfor dəstəkləyici skelet toxumalarının qurulmasını dəstəkləyir. Maqnezium həmçinin xolesterolun xaric olmasını təşviq edir və vazodilatator təsir göstərir. Dəmir qanda hemoqlobinin və insan hüceyrələrində və toxumalarında maddələrin bioloji oksidləşməsində iştirak edən peroksidaza, katalaza və sitoxrom oksidaza kimi bir sıra fermentlərin tərkib hissəsidir. Mis tənəffüsü, böyümə və inkişaf, hemoglobin əmələ gəlməsi və leykositlərin faqositik aktivliyinin artması üçün vacibdir. Sink və manqan böyümə və inkişafa kömək edir və metabolik prosesləri tənzimləyir. Sink həmçinin insulinin təsirini uzatmaq və görmə itiliyini yaxşılaşdırmaq qabiliyyətinə malikdir. Kobalt sümük iliyi funksiyasını və hemoqlobin əmələ gəlməsini stimullaşdıran B12 vitamininin tərkib hissəsidir (Лебедев, 2003; Репникова и др.,1999; Русакова и др.,1999).

Balın konsistensiyası və rəngi dəyişə bilər, buna görə də bəzi istehsalçılar təbii olaraq mövcud olmayan digər maddələr əlavə edə bilərlər. Bunlara yetişməmiş bala çəkisini artırmaq üçün əlavə edilən təbaşir və nişasta, həmçinin balı kristallaşdırmaq və yetkinliyini artırmaq üçün istifadə edilən nişasta siropu və reduksiyaedici şəkərlər daxil ola bilər. Həmçinin balın keyfiyyətinin ən vacib göstəricilərindən biri olan su və diastaz fermentinin olub-olmadığını yoxlamaq məsləhətdir.

Balın saxtakarlığını müəyyən etmək üçün lazım olan bütün testləri apardıqdan sonra, kimyəvi analiz nəticələrinin aydın şəkildə təqdim olunmasına imkan verən nəticələrin xülasə cədvəli yaratmaq məqsəduyğundur. Standarta uyğun nəticələr "+" simvolu, standarta uyğun olmayanlar isə "-" simvolu ilə işarələnir.

Balda prolinin təyini olduqca vacib hesab edilir. Laboratoriyada balın analizləri zamanı bir çox vacib göstəricilərə diqqət yetirilir. Balın təbiiliyi, saxlanma və emal şəraiti, həmçinin arıçılıqda istifadə olunan pestisidlərin təsiri qiymətləndirilir.

İlk növbədə balda prolinin səviyyəsi yoxlanılır. Bu amin turşusunun səviyyəsi yüksək olan məhsul təbii və keyfiyyətli hesab edilir. Çünki prolin balın təbii olduğunu göstərən əsas göstəricilərdən biridir və məhsulun saflığını təsdiqləyir.

Balın həm təbii, həm də təzə olub-olmadığını müəyyənləşdirmək üçün məhsulun fermentativ aktivliyini ölçən diastaza ədədinin müayinəsi aparılır. Əgər diastaza ədədi aşağıdırsa və ya mövcud deyilsə, bu, balın qeyri-təbiiliyini və ya keyfiyyət göstəricilərinin normaya uyğun olmadığını göstərə bilər.

Balın saxlanma və emal şəraitini göstərən kimyəvi göstərici olan hidrosimetilfurfuralın (HMF) da müayinəsi həyata keçirilir. Bu göstəricinin yüksək olması məhsulun uzun müddət düzgün saxlanmadığını və ya təbii xüsusiyyətlərini itirdiyini göstərir.

Balın arıçılıqda istifadə edilən pestisid olan amitrazla bağlı müayinələri də aparılır. Amitraz düzgün və təlimata uyğun istifadə edildikdə, arı ailələrini qorumağa kömək göstərir. Lakin balda qalıq miqdarı qalarsa, bu, insan sağlamlığı üçün risk yarada bilər.

Ekoloji arıçılıq sistemində məhsulun keyfiyyəti yalnız tərkibcə deyil, həm də istehsalın prinsipləri baxımından qiymətləndirilir. Bu sistemdə arılar pestisid və herbisidlərdən uzaq təbii ərazilərdə saxlanılmalı, arı qutuları təbii materiallardan hazırlanmalı, antibiotiklərdən və kimyəvi dərmanlardan istifadə edilməməlidir. Balın tərkibində GMO, ağır metal və sintetik maddələrin aşkarlanması məhsulun ekoloji normalara uyğun olmadığını göstərir (Məmmədov Q.Ş. et.al,2010; Mahmudov S.H., Məmmədov M.Ş., Nəcəfov R.H., 2025).

Mütəxəssislər hesab edirlər ki, laboratoriyalarda müayinə olunmuş, müvafiq tələblərə cavab verən, keyfiyyətli və təhlükəsiz bal insan orqanizmi üçün çox faydalıdır.

Yetmiş bal 20% -dən az nəmlik və ən azı 180 mq prolin olan ballar hesab olunur. Prolinin kütlə payı (mg/kg), ən azı: cökə balında 300; lavanda balında - rozmarin, akasiya balında – 120; şabalıd balında isə 500 olmalıdır.

Təbii balda pestisid və herbisid qalıqlarının təyini, məhsulun keyfiyyət və təhlükəsizlik standartlarına cavab verməsini təmin edir. Bu proses, arıların bitkilərdən topladığı nektar və polen vasitəsilə bala keçən kimyəvi maddələrin (funqisid, insektisid, akarisid, herbisid) aşkarlanması üçün laboratoriya analizləri ilə aparılır.

Balda zərərli maddələrin analizi üçün ən çox istifadə olunan müasir metodlar bunlardır:

Qaz Xromatoqrafiyası - Kütlə Spektrometriyası (GC-MS/MS): Uçucu və yarı uçucu pestisidlərin təyini üçün yüksək həssaslıq təmin edir.

Maye Xromatoqrafiyası - Kütlə Spektrometriyası (LC-MS/MS): Uçucu olmayan, yüksək temperaturlara dözümsüz pestisid və herbisidlərin analizi üçün əsas metoddur.

Nümunənin Hazırlanması: Analizdən əvvəl bal nümunələri xüsusi həlledicilərlə işlənir və pestisidlər balın tərkibindən ayrılaraq (ekstraksiya) təmizlənir.

Bu analizlər, əsasən, ekoloji cəhətdən təmiz formulalara doğru inkişaf edən pestisid sənayesi çərçivəsində, istehlakçı sağlamlığını qorumaq məqsədilə, beynəlxalq standartlara (məsələn, MRL - Maksimum Qalıq Səviyyəsi) uyğun olaraq həyata keçirilir.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Bal az miqdarda vitaminlər ehtiva edir (100 q balda 0,04 mkq-2 mq), lakin onlar digər vacib maddələrlə birlikdə mövcuddur və bu da onların dəyərini əhəmiyyətli dərəcədə artırır. Askorbin turşusu (C vitamini) bir çox metabolik proseslərdə iştirak edir və prolinin hidrosilləşməsi üçün

vacibdir. Piroksin (B6 vitamini) hüceyrələrdə və toxumalarda amin turşularının və digər maddələrin metabolizmasını katalizləşdirən fermentlərin tərkib hissəsidir. Biotin (H vitamini) yağ turşularının və sterolların metabolizmasını stimullaşdırır və sinir sisteminin fəaliyyətini normallaşdırır. Niasin (PP vitamini, nikotinik turşusu) hüceyrələrdə qaz mübadiləsini təmin edən fermentlərin tərkib hissəsidir. Pantoten turşusu (B5 vitamini) asetilkolinin sintezində iştirak edən bir maddədir. Riboflavin (B12 vitamini) canlı orqanizmlərdə baş verən redoks reaksiyalarında elektron daşınmasını katalizləşdirən fermentlərin koenzimidir. Tiamin (B1 vitamini) vegetativ sinir sisteminin parasimpatik bölünməsi üçün vacibdir. Folasin (fol turşusu) qan əmələ gəlməsində və nuklein turşularının və xolinin sintezində iştirak edir, bədənin müxtəlif kimyəvi maddələrə qarşı müqavimətini artırır (Туников др., 2001; Чепурной, 1987).

Həmçinin qeyd etmək lazımdır ki, balın tərkibində qan damar divarlarının möhkəmliyini və elastikliyi artıran və C vitamininin aktivləşməsini təşviq edən bilən leykoantosiyanolər, antosiyanolər, katexinlər və flavonollar da daxil olmaqla bioloji cəhətdən aktiv fenolik birləşmələr var. Bal həmçinin insan orqanizminə fizioloji və terapevtik təsirlərin mürəkkəb mexanizminin tərkib hissələri olan fitohormonlar, steroidlər, fosfolipidlər, qlikozidlər, yağ turşuları, xolin və asetilkolin ehtiva edir.

Müxtəlif növ balların ətri öz növbəsində aldehidlər, ketonlar, spirtlər, üzvi turşular, efirlər, şəkərlər, amin turşuları və digərləri də daxil olmaqla 120-dən çox kimyəvi maddənin olması ilə əlaqələndirilir (Чудаков,1979; Шаповалов,2003).

Təbii balın analizi vasitəsilə istehlakçılar orqanizmə faydalı, antiseptik və qidalandırıcı təbii məhsul aldıqlarından əmin olurlar.

NƏTİCƏ

1. Aparılan analizlərin nəticələri göstərdi ki, bütün nümunələrin fiziki-kimyəvi göstəriciləri bal üçün müəyyən edilmiş normativ tələblərə tam uyğundur. Xüsusilə Bozdağ Qafqaz Fəxralı populyasiyasına aid bal nümunəsi ən yüksək Brix dəyərində (82.0%) və ən aşağı su miqdarına (18.0%) malik olmaqla, daha yüksək keyfiyyət göstəricilərinə sahibdir. Bu da həmin populyasiyanın daha konsentrat və az nəmli bal istehsal etdiyini göstərir.

Cədvəl 1.

Populyasiyalar üzrə balın tərkibinin fiziki-kimyəvi xüsusiyyətləri

Cinslər	N _p ²⁰	Brix%	Su%	pH	Temp.C°
F1	1.4930	80.2	19.8	5.26	27.2
F2	1.4921	81.0	19.0	5.37	27.4
F3	1.4930	81.2	18.8	5.47	28.0
F4	1.4925	81.5	18.5	5.52	28.2
Fəxralı populyasiyası	1.4910	82.0	18.0	5.50	28.4
Ümumi	1.4920	81.5	18.5	5.40	29.0

2. Orta göstəricilər əsasında ümumi nəticə kimi demək olar ki, nümunələrdəki pH səviyyəsi 5.26–5.52 arasında dəyişir, bu isə balın mikrobioloji baxımdan dayanıqlı olduğunu təsdiqləyir.

Temperatur isə nümunələr üzrə təxminən sabit qalmış və təhlil zamanı qeydə alınmışdır.

ƏDƏBİYYAT

Abbasova G.F. Torpaqların ekoloji qiymətləndirilməsinin elmi-nəzəri əsasları və mərhələləri. ADAU-nun Elmi əsərləri. 2019 [Abbasova G.F. Scientific-theoretical foundations and stages of ecological assessment of soils. Scientific works of ADAU. 2019 (in Azerbaijani)]

- Mahmudov S.H., Məmmədov M.Ş., Nəcəfov R.H.** Arıçılıq məhsullarının keyfiyyət göstəriciləri və ekoloji standartlar. 5-6 noyabr 2025. Zəfər gününə həsr olunmuş Elm və texnologiyaların müasir trendləri mövzusunda Respublika Elmi-Praktik Konfransının Materialları, 2025;2:251-253 [Mahmudov S.H., Mammadov M.Sh., Najafov R.H. Quality indicators and ecological standards of beekeeping products. November 5-6, 2025. Materials of the Republican Scientific-Practical Conference on Modern Trends in Science and Technologies dedicated to Victory Day, 2025;2:251-253 (in Azerbaijani)]
- Məmmədov Q.Ş., Xəlilov M.Y., Məmmədova S.Z.** Aqroekologiya. Ali məktəblər üçün dərslik. Bakı, “Elm” nəşriyyatı 2010;552. [Mammadov G.Sh., Khalilov M.Y., Mammadova S.Z. Agroecology. Textbook for higher schools. Baku, “Elm” publishing house 2010;552 (in Azerbaijani)]
- Məmmədov Q.Ş., Məmmədova S.Z., Şabanov C.Ə.** Torpağın eroziyası və mühafizəsi. Ali məktəblər üçün dərslik. Bakı-2009;340. [Mammadov G.Sh., Mammadova S.Z., Shabanov J.A. Soil erosion and protection. Textbook for higher education institutions. Baku-2009;340. (in Azerbaijani)]
- Məmmədov Q.Ş., Məmmədova S.Z., Şabanov C.Ə.** Torpaqların ekoloji monitorinqi. Ali məktəblər üçün dərslik. Bakı 2017;280. [Mammadov G.Sh., Mammadova S.Z., Shabanov J.A. Ecological monitoring of soils. Textbook for higher education institutions. Baku 2017;280 (in Azerbaijani)]
- Sultanov R., Əsədov E.** Azərbaycanın təbii balının keyfiyyət göstəriciləri və Dövlət standartları. Bakı 2016; 145. [R.Sultanov, E.Asadov. Quality indicators and state standards of natural honey of Azerbaijan. Baku 2016; 145.(in Azerbaijani)]
- Təbii balın standartları texniki göstəricilər.** [Standards and technical indicators of natural honey (in Azerbaijani)] <https://azstand.gov.az/upload/files/Təbii%20bal.pdf>
- Алексемицер М.Л., Бондарчук Л.И., Кубайчук В.П.** Продукты пчеловодства – биоиндикаторы Пчеловодство. 1997;3:6-7. [Aleksemicer, M.L., Bondarchuk L.I., Kubaychuk V.P. Beekeeping products – bioindicators. Beekeeping. 1997;3:6-7. (in Russian)]
- Заикина В.И.** Экспертиза меда и способы обнаружения его фальсификации: Учебное пособие /3-е изд., перераб. и доп. М.: Издательско-торговая корпорация «Дашков и К°», 2012. 168 с.
- Исмаилов М.Т., Махмудов С.Г.** Возможности использования меда как альтернативного источника сахара в производстве вина. Журнал Scientific Collection InterConf, 56:244. [Ismailov M.T., Makhmudov S.G. "Potential for using honey as an alternative sugar source in wine production." Scientific Collection InterConf, 56:244.(in Russian)]
- Исмаилов М.Т., Махмудов С.Г., Мамедов М.Ш.** Технологии использования натурального меда и других продуктов пчеловодства в виноделии. Международный научный журнал “Вестник Науки” 2025;4 (85)1:592 – 612 [Ismailov M.T., Makhmudov S.G., Mamedov M.Sh. Technologies for the use of natural honey and other bee products in winemaking. *Mezhdunarodnyy nauchnyy zhurnal “Vestnik Nauki” = International scientific journal “Bulletin of Science”* 2025;4 (85) 1: 592 – 612 (in Russian)]
- Исмаилов М.Т., Махмудов С.Г., Садыхова С.С.** Влияние процессов ферментации на биоактивный профиль и оздоровительные свойства перги, медовухи и медового уксуса. Вестник науки. Тольятти, 2025;4 (85)2:1175–1196. [Ismailov M.T., Makhmudov S.G., Sadykhova S.S. The influence of fermentation processes on the bioactive profile and health properties of bee bread, mead and honey vinegar. Science Bulletin. Tolyatti, 2025; 4 (85)2:1175–1196. (in Russian)]
- Лебедев В.И., Мурашова Е.А.** Экологическая чистота продуктов пчеловодства. Пчеловодство. 2003;4:42-44. [Lebedev, V.I. Murashova E.A. Ecological purity of beekeeping products. Beekeeping. 2003;4:42-44. (in Russian)]

- Репникова Л.В., Русакова Л.В., Кирьянов Ю.Н.** Качество восковой продукции и содержание в ней радиоактивных веществ. Сб. “Проблемы экологии и развития пчеловодства в России”. Мат. науч.-практ. конф. 25-27 августа 1999 . Рыбное: НИИП, 1999;25-26. [Repnikova, L.V., Rusakova L.V., Kiryanov. Yu.N. Quality of wax products and the content of radioactive substances in them. Collection “Problems of ecology and development of beekeeping in Russia”. Proc. scientific-practical. conf. August 25-27, 1999. Rybnoye: NIIP, 1999;25-26.(in Russian)]
- Русакова Т.М., Мартынова В.М.** Влияние окружающей среды на качество продуктов пчеловодства. Сб. “Проблемы экологии и развития пчеловодства в России”. Мат. науч.-практ. конф. 25-27 августа 1999 г. Рыбное: НИИП, 1999;23-25. [Rusakova T.M. Martynova V.M..Influence of the environment on the quality of beekeeping products. Collection “Problems of ecology and development of beekeeping in Russia”. Proc. scientific-practical. conf. August 25-27, 1999. Rybnoye: NIIP, 1999; 23-25. (in Russian)]
- Туников Г.М., Лебедев В.И., Кривцов Н.И., Кирьянов Ю.Н.** Технология производства и переработки продукции пчеловодства. М.: Колос, 2001;175. [G. M. Tunikov, Lebedev V.I., Krivtsov N.I., Kiryanov Yu.N. Technology of production and processing of beekeeping products. Moscow: Kolos, 2001;175 (in Russian)]
- Чепурной И.П.** Заготовки и переработка меда. М.: Агропромиздат, 1987; 80. [Chepurnoy, I.P. Honey procurement and processing. Moscow: Agropromizdat, 1987; 80. (in Russian)]
- Чудаков В.Г.** Технология продуктов пчеловодства. М.: Колос, 1979;160. [Chudakov, V.G. Technology of beekeeping products. Moscow: Kolos, 1979;160.(in Russian)]
- Шаповалов Г.А.** Научно обоснованные технологии промышленной переработки продуктов пчеловодства. Коломна, 2003;160. [Shapovalov, G.A. Scientifically based technologies for industrial processing of beekeeping products. Kolomna, 2003;160 (in Russian)]
- T.C. Millî Eğitim Bakanlığı Laboratuvar Hizmetleri Bal Analizleri–2 524LT0029 Ankara, 2012** https://megep.meb.gov.tr/mte_program_modul/moduller_pdf/Bal%20Analizleri-2.pdf

ПОКАЗАТЕЛИ ПРОДУКТИВНОСТИ И КАЧЕСТВА МЕДОНОСНЫХ ПЧЕЛ В УСЛОВИЯХ ГЛОБАЛЬНОГО ИЗМЕНЕНИЯ КЛИМАТА

Джасарат Шабанов ¹, Самир Махмудов ^{1,2*}, Гюлара Сеидова ³, Муса Мамедов ², РухийяГ урбанова ², Севда Садыхова ², Сахиб Джафаров ², Руфат Мехдиев ², Семае Велизаде

¹ Азербайджанский технологический университет

² Опытная станция пчеловодства Научно-исследовательского института животноводства и рыбоводства

³ Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования Азербайджанской Республики

Глобальное изменение климата оказывает серьёзное негативное воздействие на пчеловодство, снижая нектароносность растений, нарушая сроки и продолжительность цветения и приводя к ослаблению пчелиных семей. Повышение температур нарушает баланс питания пчёл, снижает фертильность маток и уменьшает их устойчивость к заболеваниям. Данные факторы обуславливают снижение медовой продуктивности и рост смертности пчелиных семей. Кроме того, они оказывают влияние и на качественные характеристики продукции.

Впервые осуществлено отдельное изучение природной медовой продуктивности различных пород, гибридов, линий и популяций пчёл, а также параметров качества получаемого ими мёда.

Результаты исследования имеют научно-практическую значимость для брендинга натурального мёда и обоснования продуктивных и качественных характеристик различных пород пчёл и их линий.

Цель научно-исследовательской работы заключается в изучении состава натурального мёда, полученного от различных пород и гибридов пчёл, а также их популяций и линий. Для достижения поставленной цели предусмотрено выполнение следующих задач:

- создание контрольных и опытных объектов;
- заготовка натурального мёда;
- отбор, упаковка образцов и проведение лабораторных анализов;
- анализ и интерпретация полученных результатов.

В качестве объекта исследования используются пчелиные семьи пчеловодческого хозяйства лаборатории «Производство и анализ продуктов пчеловодства» ВБЭТИ, занимающегося пчеловодством.

Анализ натурального мёда имеет критически важное значение для выявления фальсифицированной, разбавленной или некачественной продукции, а также для защиты здоровья пчелиных семей и потребителей. Такие исследования позволяют определить ферментный состав мёда, соотношение сахаров (глюкоза/фруктоза), содержание влаги и происхождение, а также подтвердить отсутствие остатков антибиотиков и пестицидов.

Выявление фальсификации: позволяет установить факт добавления сахарных сиропов или иных примесей в мёд.

Качество и безопасность: осуществляется контроль влажности и отсутствия посторонних добавок.

Определение происхождения: посредством палинологического анализа устанавливается ботаническое и географическое происхождение мёда.

Подтверждение пищевой ценности: такие параметры, как ферментный состав и диастазное число, подтверждают лечебные свойства мёда.

С учётом вышеизложенного анализ продукции пчеловодства остаётся актуальным направлением научных исследований.

Ключевые слова: глобальное изменение климата, медоносная пчела, натуральный мед, пыльца, прополис, продукты пчеловодства.

STUDY OF HONEYBEES PRODUCTIVITY INDICATORS AND ANALYSIS OF QUALITY PARAMETERS IN THE CONDITIONS OF GLOBAL CLIMATE CHANGE

Jasarət Shabanov¹, Samir Mahmudov^{12*}, Gulara Seyidova³, Musa Mammadov², Ruhyya Gurbanova², Sevda Sadykhova², Sahib Jafarov², Rufat Mehdiyev², Samaya Valizade¹

¹ Azerbaijan Technological University

² Beekeeping Experimental Station, Scientific Research Institute of Animal Husbandry and Fisheries

³ Institute of Genetic Resources, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

Global climate change has a serious negative impact on beekeeping, reducing nectar flow, disrupting the flowering period of plants and weakening bee colonies. Rising temperatures disrupt the nutritional balance of bees, reduce the productivity (fertilization ability) of queens and reduce resistance to diseases. These factors lead to a decrease in honey yield and an increase in bee mortality. They are also characterized by their impact on the quality of products.

For the first time, a separate study of the natural honey yield and its quality parameters of various bee breeds and hybrids, lines, and populations was conducted.

The research results are of scientific and practical importance in terms of branding natural honey and proving the quality indicators of productivity of various bee breeds and their offspring.

The aim of this scientific research is to check the composition of natural honey obtained from various bee breeds and hybrids, populations and lines. In order to achieve this aim, the following tasks are set out:

- creation of control and experimental facilities;
- procurement of natural honey;
- packaging of samples and conducting analyses;

- analysis of results.

The bee colonies in the beekeeping farm of the “Production and Analysis of Beekeeping Products” laboratory of the HBETI used as the object of research.

Natural honey analysis is critical to protecting consumer health by determining whether the product is counterfeit, with additives or of poor quality. These analyzes can be performed by checking the enzymes in honey, the sugar ratio (glucose/fructose), the amount of moisture and its origin, as well as confirms the absence of antibiotic or pesticide residues.

Fraud prevention: honey mixed with sugar syrup or other ingredients it turns out that it is not mixed.

Quality and safety: the degree of moisture and admixture of honey are checked.

Determination of origin: from which flower and region honey was obtained by pollen analysis it is being specified.

Confirmation of nutritional value: parameters such as enzyme content and diastase number confirms its properties.

Taking into account the above, the analysis of beekeeping products of honey bees is relevant.

Keywords: *global climate change, honey bee, natural honey, pollen, propolis, beekeeping products.*

Çapa təqdim etmişdir: *redaktor Saleh Heydər oğlu Məhərrəmov, AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d., professor*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *12.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *16.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *16.04.2026*

UOT 636.034:619:616-092

İRİ BUYNUZLU HEYVANLARIN BƏZİ ANOMALİYALARI VƏ XƏSTƏLİKLƏRİNİN ETİOLOGİYASINDA SELEKSİYON –GENETİK VƏ EKOLOJİ AMİLLƏRİN ROLU

SALEH MƏHƏRRƏMOV*, GÜLARƏ SEYİDOVA, ARZU MİRZƏYEVA

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr., 155
salehmaharramov@mail.ru

Seleksiyon-genetik və ətraf mühit amilləri iri buynuzlu qara mallarda ayrı-ayrı xəstəliklərin, anadangəlmə anomaliyaların baş vermə və yayılmasında, həyat qabiliyyətinin pozulmasında böyük rol oynayır.

Tədqiqatlar göstərir ki, müəyyən əlamətlərə (məsələn, yüksək məhsuldarlığa) yönəlmiş seleksiya və ekoloji amillər iri buynuzlu heyvanların anomaliya və xəstəliklərinin etiologiyasında bir birləri ilə sıx əlaqədardır. Aparılan seleksiya işləri gizli genetik qüsurları gücləndirə bilər, ekoloji amillər isə (qidalanma, stress, saxlanma şəraiti) triqqeralara səbəb olur.

Heyvanların yetişdirildiyi ərazilərdə mühitin radionuklidlərlə çirklənməsi leykozun yayılmasının, buzovlarda qalxanabənzər vəzi xəstəliyinin yaranma səbəblərindən biridir. A və D qrup vitaminlərin dozasının həddən artıq çox olması teratogen fəallıq göstərir ki, bu zaman buzovlarda kütləvi şəkildə qüsurlar yaranır - “yarıq damaq”, çırtıdan boyluluq, hidrosefaliya.

Anadangəlmə anomaliyaların fenotipik təzahürü patologiyalara səbəb olan mutant genlərin sayından asılıdır. Belə genlərin təsir həddi onların sayı, yaxud kumulyativ səmərə gücü ilə uyğun gəlir. Anomaliyaların təzahür etməsinə cavabdeh olan genlərin kumulyativ təsir gücü ətraf mühit şəraitindən də asılıdır.

Yüksək radiasiya şəraitində iri buynuzlu qara malların leykoz, mastit və tuberkulyozla xəstələnmə halları yüksəlir. Radionukleidlərlə çirklənmiş ərazilərdə buzovlarda leykoz, qalxanabənzər vəzi xəstəliyi geniş yayılır. Xroniki şüalanma şəraitində olan heyvan genomunda xromosomlarda radiasiyanın təsiri üçün spesifik olan aberrasiyalar müəyyən edilib.

Aparılan araşdırmalardan belə nəticəyə gəlirik ki, heyvanlarda anomaliya və xəstəliklərin etiologiyası genetik meyillik (cins xüsusiyyəti, yaxın qohumluq inkişafı) və ekoloji amillərin (yemlənmə, saxlanma, iqlim şəraiti) mürəkkəb qarşılıqlı təsiri ilə təmin edilir ki, nəticədə irsi xəstəliklər yaranır. Məhsuldarlığa görə aparılan intensiv seleksiya stresslərə həssaslığı artırır, rezistentliyi aşağı salır, buna görə də sürünün sağlamlığını idarə etmək üçün ekoloji genetikanın nəzərə alınması tələb olunur.

Açar sözlər: seleksiyon-genetik amillər, ətraf mühit amilləri, heyvanlarda anomaliyalar, genetik xəstəliklər

Müəyyən əlamətlərə (məsələn, yüksək məhsuldarlığa) yönəlmiş seleksiya və ekoloji amillər iri buynuzlu heyvanlarda anomaliyaların və xəstəliklərin etiologiyasında bir birləri ilə sıx əlaqədardır. Aparılan seleksiya işləri gizli genetik qüsurları gücləndirə bilər, ekoloji amillər isə (qidalanma, stress, saxlanma şəraiti) triqqeralara xidmət edər. Heyvanlarda anomaliyaların, qüsurların və xəstəliklərin şərti genetik problemləri müasir şəraitdə böyük əhəmiyyət kəsb edir. Müasir heyvandarlığa keyfiyyətcə yeni yanaşma mövcud olanların köklü rekonstruksiyası və məhsuldarlıq cəhətdən yüksək genetik potensiala malik, sənaye texnologiyasına yararlı, xəstəliklərə dözümlü yeni heyvan cinslərinin yaradılmasından ibarətdir. Süni mayalandırmanın geniş tətbiqi, heyvanların geniş miqyaslı seleksiyası və biotexnologiya qısa müddətə regionlarda sürünün cins tərkibini dəyişməyə, yüksək keyfiyyətli törədicilərdən əsas məhsuldarlıq əlamətlərinin irsi möhkəmləndirməsi üçün intensiv istifadə etməyə imkan verir. Azərbaycanda

Simmental (ətlik-südlük, südlük-ətlik), Holşteyn-Friz (südlük), Aberdin-Angus, Şves, Şarole, Belçika-Mavi cinslərinin toxumları ilə süni mayalandırma aparır və yerli şəraitə uyğunlaşan məhsuldar mələzlə alırlar.

Anomaliyalar balalıq daxilində embriona, yaxud dölə müəyyən zərərli xarici mühit amillərinin təsirindən yarana bilər və bunlar teratogen amillər adlanırlar. Teratogenlər eyni zamanda mutagen də ola bilər. Əgər zərərli amil cinsi hüceyrənin genetik aparatına təsir edərsə o irsi mutasiya yaradır. Təsir yetkin somatik hüceyrələrə olduqda somatik mutasiyalar yaranır, bəzən isə təsir yetişməyən embrional hüceyrələrə olur. Anomaliyaların səbəbini müəyyən etmək üçün teratogen amillərin təsirinin olub-olmamasını, irsiyyətin təsirini və genealogiya analizi əsasında anomaliyanın irsiyyət tipini müəyyən etmək lazımdır. Bununla əlaqədar törədiciləri həyat qabiliyyəti əlamətlərinə, törədici xüsusiyyətlərinə görə daha tam şəkildə qiymətləndirmək zərurəti meydana çıxır: xəstəliklərə dözümlülük, patologiyaların hüceyrələrin irsi quruluşunda gedən dəyişikliklərlə – gen və xromosom mutasiyası nəticəsində yaranması. Uzun müddətli təkamül və yetişdirmə proseslərində heyvan populyasiyalarında zərərli mutasiyalar toplanır. Çoxalmada mutasiya daşıyan ayrı-ayrı törədiciləri istifadə etdikdə bu yükün böyüklüyü süni seçmə təsirindən dəyişir.

Anomaliyalara ilk növbədə genetik amillər, ikincisi, genetik amillərlə müəyyən ətraf mühit amillərinin birləşməsi, üçüncüsü, isə əsasən ətraf mühit amilləri səbəb ola bilər. Buna müvafiq olaraq anomaliyalar bölünür: genetik, irsi-ekoloji və ekzogen (fenokopiya). Genetik anomaliyalar dedikdə gen və xromosom mutasiyası nəticəsində heyvan orqanizmində baş verən morfofunksional patoloji dəyişikliklər başa düşülür. Gen mutasiyası ontogenezin müxtəlif mərhələlərində orqan və toxumaların morfogenezi poza bilər. Hüceyrələrdə xromosom sayının, yaxud quruluşunun dəyişilməsi adətən embrion inkişafının dayanmasına, yaxud ağır qüsurlu inkişafı olan balaların doğulmasına və heyvanlarda törədici funksiyasının pozulmasına gətirib çıxarır. Etiologiyada əsas rol letal və subletal genlərə məxsusdur. İnsanlarda mutant genlərin letal, yaxud subletal təsiri ilə əlaqədar iki mindən artıq anadangəlmə anomaliyalar müəyyən edilib. Belə əlamətlər heyvanlarda da aşkar edilib.

Heteroziqotların hər nəsində irsiyyətin autosom-dominant tipində anomaliyaların təzahürü xarakterikdir. Mutasiya letal olduqda heyvanlar nəsilvermə qabiliyyətini saxlamırlar. Autosom-dominant letal amillər qrupuna iri buynuzlu qara malda burun deşiklərinin iki tərəfli bitməsi, donuzlarda hemolitik sarılıq və yarıq damaq, ördəklərdə beyin yırtığı, qoyunlarda anadangəlmə hiposefaliya, toyuqlarda anadangəlmə qıcolmalar aiddir.

Heyvanlarda müxtəlif formalı patologiyalar, eyni zamanda məhsuldarlığın və rezistentliyin zəifləməsi ətraf mühitin ekstremal amillərinin təsirindən yarana bilər. Ekoloji gərginlik, regionlarda baş verən müxtəlif qəzalar, məsələn Çernobil AES-də olan və b. qəzalar heyvanların maddələr mübadiləsinə, immun sistemə və hüceyrələrin genetik strukturuna mənfi təsir göstərir.

Heyvan cinslərinin yetişdirilməsində adaptiv seleksiyanın yeni yanaşmalarına əsaslanan ekoloji-genetik monitorinqin, onun prinsip və metodlarının işlənməsində ciddi problemlər yaranır. Heyvandarlığın ekoloji-genetik problemlərinin qarşısında aşağıdakı məsələlərin həlli dayanır:

1. Genişmiqyaslı seleksiya zamanı ekoloji-genetik monitorinqin həyata keçirilməsi.
2. Heyvan xəstəliklərinin epizootologiyasında və onların müalicəsində ekoloji-genetik amillərin öyrənilməsi.
3. Genetik xəstəliklərə meyilli heyvanların seleksiyadan xaric edilməsi.

İri buynuzlu heyvanların bəzi xəstəliklərinin baş verməsi və yayılmasında, anadan gəlmə anomaliya və onların yaşamaq qabiliyyətinin pozulmasında seleksion-genetik və ekoloji amillərin təsiri və rolunun müəyyən edilməsinə aid bir çox tədqiqatlar aparılıb. Müəyyən edilib ki, heyvanların yetişdirildiyi ərazilərdə mühitin radionuklidlərlə çirklənməsi leykozun yayılmasının, buzovlarda qalxanabənzər vəzi xəstəliyinin yaranma səbəblərindən biridir. Tədqiqatlarda A və D

qrup vitaminlərin dozasının həddən artıq çox olmasının teratogen fəallığı sübut edilib ki, bu zaman buzovlarda kütləvi şəkildə qüsurlar yaranır - “yarıq damaq”, cırtdan boyluluq, hidrocefaliya.

Yalnız xromosomlarda lokalizasiya edən genlərlə determinasiya edən əlamətlər atadan oğula, yaxud anadan qıza irsi olaraq keçir. Buna cinsiyyəti müəyyən edən HY genləri misal ola bilər. Bəzi balıqların üzgəclərindəki ləkələr yalnız erkək fərdlərdə olur, atadan erkək fərdlərə ötürülür. Deməli, bu determinant əlamət Y-xromosomda lokalizasiya edir. İnsanlarda qulaqların tüklü olması yalnız kişilərdə olur və atadan oğula verilir.

X xromosomla əlaqədar irsiyyətdə genlər dominant və ressesiv ola bilərlər. İrsiyyət X-xromosomlarla tam bağlı dominant genlərdə olduqda əlamətlər bütün nəsilə bürüzə verir, autosom-dominant irsiyyətdən fərqli olaraq bu hallarda atanın dominant əlaməti yalnız qız fərdlərlə ötürülür, ananın dominant əlaməti isə bu və ya başqası ilə bərabər səviyyədə olur.

Müəyyən kateqoriyalarla nisbətə anadangəlmə anomaliyaların bürüzə verilmə dərəcəsi endogen və ekzogen amillərdən asılıdır. Bu əlamətlərin fenotipik təzahürü anomaliyalara səbəb olan mutant genlərin sayından asılıdır. Belə genlərin təsir həddi onların sayı, yaxud kumulyativ səməmə gücü ilə uyğun gəlir. Əgər bu genlərin gücü, yaxud təsiri norma həddini aşarsa anomaliyalar təzahür edər. Bu göstəricilər hədd normasından aşağıdırsa heyvanlarda qüsurlar və patologiyalar bürüzə vermir, normal qalırlar. Anomaliyaların təzahür etməsinə cavabdeh olan genlərin kumulyativ təsir gücü ətraf mühit şəraitindən asılıdır. Ətraf mühit şəraiti pis tərəfə dəyişildikdə genlərin zərərli səməməsi təzahür edir, optimal şərait əlamətlərin ortaya çıxma həddində olduqda anomaliyalar yüksəlir. Bunlara heyvanların infeksiya və invaziyalara qarşı rezistentliyini misal göstərə bilərik. Bu cəhətdən iki tip heyvanlar ayırılmalıdır: rezistentli, buna görə sağ qalıb yaşayanlar, həssas heyvanlar, bu səbəbdən ölənlər. Radiasiyanın səviyyəsinin yüksəldiyi şəraitdə Qara-ağ və İsveçrə cins inəklərdə leykoz, mastit, tuberkulyozla xəstələnmə tez-tez qeydə alınır ki, bu da heyvanların ətraf mühitin əlverişsiz amillərinə qarşı durmağın irsi qabiliyyətini göstərir.

Heyvanlarda ətraf mühit amillərindən yaranan qüsurları fenokopiya adlandırırlar. Qüsurlar, yaxud anomaliyaların fenotipik qrupu irsi dəyişilən mutasiya verir. Landauera hipotezinə əsasən fenokopiya genetik və ətraf mühit amillərinin birlikdə təsirindən baş verir. O, fenokopiyanın səbəbini ressesiv mutasiyaların heteroziqot daşıyıcılarının teratogen maddələrə daha güclü həssaslığı, həmçinin modifikator genlərin və ətraf mühit amillərinin birləşmə təsiri ilə izah edir. Eyni zamanda heteroziqot fərdlərdə olmayan ikinci mutant allellər müəyyən ətraf mühit amilləri ilə kompensasiya edilə bilər. Bu homoziqotluğa xas olan fenotiplə nəticələnir. Məsələn, quşçuluqda yumurtaların inkubasiya prosedurlarına əməl edilmədikdə cücələrdə irsi əlamətlərə bənzər qüsurlar müşahidə edilir.

Damazlıq və sənaye təsərrüfatlarında törədici buğalarda letal və yarım letal genlərin daşınmasını yoxlamağa təklif olunan prinsiplər, onların törədici həyat qabiliyyətlərini və ekoloji-genetik monitorinq prinsiplərini qiymətləndirərək bütövlükdə əsas təsərrüfat xeyirli əlamətlərlə seleksiyanın bütövlükdə səmərəliliyini yüksəltmək olur.

Xroniki şüalanma şəraitində olan heyvanların da genomunda (1 yuori/ km^2) xromosom aberrasiyasına radiasiya təsiri üçün xüsusiyyətlər müəyyən edilib. Xromosom aberrasiyası (yenidənqurma) – xromosomların quruluş və say dəyişikliyi olub, radiasiyanın, kimyəvi maddələrin, yaxud virusların təsirindən DNT-nin qırılması, onların düzgün birləşməsi ilə yaranır. Bu pozğunluqlar irsi patologiyalara, dölsüzlüyə və boğazığın pozulmasına (bala salmaya) səbəb ola bilər. Floks və Arkan buğalarından alınan Ayrşir cins buzovlarda “yarıq damaq”, cırtdanboyluluq kimi qüsurlar müvafiq olaraq 20% və 11% təzahür edir.



Şəkil 1. Damağın tam bitişməməsi

Bu anomaliyaların etiologiyasının analizi nəticəsində teratogen amillərin təsiri A və D qrup vitaminlərin dozasının artması ilə əlaqədar izah edilir. Pijon və Ranta cinslərinin buğalarından alınan buzovların alt çənələrinin qısa, anusun kəsikli olması genetik amillərlə izah edilir. Eyni ətraf mühit şəraitində 36 törədiciyin döllərinin postnatal itkisinin tezliyini müəyyən etmək üçün aparılan analizlər yaxın cins mələzlərdə ölüm faizinin daha yüksək olduğunu göstərir, bu da immunodefisitlə əlaqədar izah edilir. Son zaman aparılan təcrübələrdə sübut olunub ki, Holşteyn cinslərinin törədiciləri immunodefisit mutasiyaların daşıyıcılarıdır.

Qara-ala cinslərində irsi qüsurlardan biri də göbək yırtığı olub yeni doğulmuşların 2,7%-ni təşkil edir. Yeni doğulanlarda ölüm faizinin yüksək olması hesabına Holşteyn cinsinin buğalarını (mutasiya daşıyıcısı kimi) törədicilik və damazlıq məqsədilə istifadədən məhrum etmək məqsəduyğun hesab edilir (süd məhsuldarlığı nəzərə alınmır).

Aparılan tədqiqatların nəticələrinə əsaslanaraq belə qənaətə gəlirik ki, buğalar nəsilvermə məhsuldarlığına, döllərin yaşamaq qabiliyyətinə, gizli genetik qüsurları daşmasına görə kompleks qiymətləndirilməlidir.

Heyvanlarda genetik qüsurların güclənməsi, dar (spesifik) əlamətlərə yönəlmiş seleksiya, ressesiv genlər üçün anomaliyaların inkişafına cavabdeh olan homoziqotluğun artmasına səbəb ola bilər (məsələn, anadangəlmə ürək qüsurları, çırtanboyluluq). Seleksiya və süni mayalandırma nəticəsində alınan yüksək məhsuldar cinslər ketoza, mədə yerdəyişməsinə (sıxılması), süd qızdırmasına (hipokalsemiya) meyilli olurlar.

Seleksiya və süni seçmədə heyvanların düzgün yemləndirilməməsi də alınan balalarda qüsurlar və xəstəliklərin yaranmasına stimül edir. Balanslaşdırılmamış rasyon, mikroelementlər çatışmamazlığı (xüsusən də hipomaqnezimiya), asan həzm olunan karbohidratların artıqlığı (asidoz, ketoz) anomaliyaların baş verməsində əsas amillərdən hesab edilir. Ekoloji amillərdən iqlim, heyvanların saxlanma şəraiti, xüsusilə də stress, soyuqlama, həddindən artıq sıxılma mastitə səbəb olur, immunodefisitlər yaradır. Biotik amillər hesab edilən infeksiyalar, parazitlər, hansı ki, zəifləmiş və genetik meyilli heyvanlara daha çox təsir edir, onlarda anomaliyalara səbəb olur. İnsanların fəaliyyəti nəticəsində yemlərin çirklənməsi, heyvanların daşınmasından, nəqliyyatdan olan stresslər də anomaliyaların yaranmasında rol oynayır. Beləliklə, seleksiya nəticəsində yeni cins və mələzlər alınır, ekoloji amillər isə iri buynuzlu heyvanlarda anomaliyaların təzahürünü və xəstəliklərin baş verməsini “işə salır”. Bunları heyvanların yetişdirilməsində nəzərə almaq lazımdır.

Yuxarıda göstərilən amilləri ayrılıqda təsir obyektini kimi də qəbul etmək düzgün deyil, çünki onlar kompleks şəkildə təsir edir və biri digərinin təsirini gücləndirir, anomaliyaların yaranmasında birgə iştirak edirlər. Heyvanlarda olan genetik meyillik (seleksia), düzgün

olmayan yemlənmə (ekologiya) ketoz, yaxud asidoz əmələ gətirir. İri buynuzlu qara malda genetik zəiflik və stressli saxlanma şəraiti (ekologiya) immunitetin zəifləməsinə səbəb olur, heyvanlar mastitlə xəstələnirlər.

İri buynuzlu qara malda bir çox xəstəliklərin, anadangəlmə anomaliyaların baş verməsində və yayılmasında, yaşamaq qabiliyyətinin pozulmasında seleksion-genetik və ekoloji amillərin rolunu müəyyən etməklə əlaqədar əsaslı müayinələr aparılmışdır. Heyvanların genetikasında XI faktor çatışmamazlığı, porfiriya, parakeratoz, qanqliozidoz, sindaktiliya, ətraf əzələlərin atrofiyası, ətrafların amputasiyası – akroteriaz, dodaqların medial genişlənməsi, baş beyin sulu şişi – hidrosefaliya, epiteli qüsurları, cinslə əlaqəli yun örtüyü, buynuz qişanın bulanıqlığı, cirtdanboyluluq – axondroplaziya, hərəkət koordinasiyasının pozulması – ataksiya, boğazlığın çox çəkməsi, göbək qriyası, spastik parez. Qara ala cinslərdə genetik anomaliyaların spektri, Ayrşir cins qara mallarda genetik anomaliyaların spektri, radiasiyanın hüceyrənin irsi quruluşuna təsiri kimi tədqiqatlar da bu sahədə aparılan təcrübələrdəndir.

İri buynuzlu qara malda leykozun etiologiyası və yayılmasını araşdırmaq istiqamətində genetik səviyyədə aparılan müayinələr xəstəliyin insan üçün bir başa təhlükəli hesab edilmədiyi müəyyən edilib, belə ki, yoluxma halları təsdiq olunmayıb və virus insan orqanizminə adaptasiya olmur. Əsas təhlükə konsorogen maddələrin və toksinlərin olduğu xəstə heyvanların süd və ət məhsullarının istifadə edilməsidir. Bu məhsullar xammal formasında istifadə edildikdə 70% hallarda insanlarda onkoloji proseslər törənir.

Holşteyn cins qara mallarda genetik anomaliyaların spektri intensiv seleksiya ilə təmin edilir və bura letal, arzu edilməyən resessiv mutasiyalar daxildir. Embrional ölümü, həmçinin leykositlərin adgeziya çatışmamazlığı kimi inkişafda olan qüsurları, holşteyn homoziqotluq sindromu və uridinmonofosfatsintaza çatışmamazlığı kimi əsas anomaliyaları yaradan fertil haplotiplərdir (HH1-HH6).

Son dövrlərdə Rusiyada nadir bir proekt reallaşdırılır - genetik modifikasiya olmuş inəklər yaratmaq üzərində işləyirlər hansı ki, həmin metodlardan insanlarda gen terapiyası üçün istifadə edirlər. Tədqiqatlar nəticəsində alınacaq inəklərin buynuzu olmayacaq, leykoza qarşı anadangəlmə immunitetləri olacaq, ən əsası da odur ki, süd məhsullarına allergiyası olan insanlar da onların südünü içə biləcəklər.

Amerikalı alimlər heyvanın genomunu insan genomuna mümkün qədər yaxınlaşdırmaq məqsədilə heyvan genomunun modifikasiyası istiqamətində görünməmiş nəticələr əldə ediblər ki, bu da gələcəkdə transplantasiya üçün orqan çatışmazlığının aradan qaldırılmasına kömək edə bilər.

Aparılan araşdırmalardan belə nəticəyə gəlirik ki, heyvanlarda anomaliya və xəstəliklərin etiologiyası genetik meyillik (cins xüsusiyyəti, yaxın qohumluq inkişafı) və ekoloji amillərin (yemlənmə, saxlanma, iqlim şəraiti) mürəkkəb qarşılıqlı təsiri ilə təmin edilir ki, nəticədə irsi xəstəliklər yaranır. Məhsuldarlığa görə aparılan intensiv seleksiya stresslərə həssaslığı artırır, rezistentliyi aşağı salır, buna görə də sürünün sağlamlığını idarə etmək üçün ekoloji genetikanın nəzərə alınması tələb olunur.

ƏDƏBİYYAT

- Кочнев Н.Н.** Устойчивость крупного рогатого скота Западной Сибири к наследственно-средовым болезням. 2004;336 <https://www.dissercat.com> [Kochnev N.N. Resistance of cattle in Western Siberia to hereditary-environmental diseases 2004;336(in Russian)]
- Крюков В.И.** Экологическая генетика животных - перспективное направление исследований в Орловском государственном аграрном университете. Вестник Орелгау.2006;1-6. КиберЛенинка <https://cyberleninka.ru> > ek [Kryukov V.I. Ecological genetics of animals - a promising area of research at the Oryol State Agrarian University. Vestnik Orelgau=Orelgau Bulletin. 2006; 1-6. (in Russian)]

Курская Ю.А. Генетика Животных. Смоленская государственная сельскохозяйственная академия <https://sgsha.ru> > sgsha > biblioteka [Kurskaya Yu.A. Animal Genetics. Smolensk State Agricultural Academy (in Russian)]

Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных. Санкт-Петербургский Государственный Университет Ветеринарной Медицины. Аграрная наука. 2022;46-48 <https://spbguvm.ru> > uploads > 2024/06 > 4.2.5-...[Animal breeding, selection, genetics, and biotechnology. St. Petersburg State University of Veterinary Medicine. Agrarian Science. 2022; 46–48.]

Фогель С.Л. Селекционно-генетические и экологические факторы в этиологии некоторых аномалий и болезней крупного рогатого скота. Earthpapers.2000;20 <https://earthpapers.net> > sele. [Vogel S.L. Selection-genetic and environmental factors in the etiology of some anomalies and diseases of cattle. Earthpapers. 2000;20 (in Russian)]

Чернобай Е.Н., Антоненко Т.И., Агаркова Н.А. Селекционно-генетические методы создания новых пород и линий сельскохозяйственных животных. 1996;10 ФГБОУ ВО Ставропольский государственный аграрный университет. <https://old.stgau.ru> > files > element > historyget [Chernobay E.N., Antonenko T.I., Agarkova N.A. Selection and genetic methods for creating new breeds and lines of farm animals. 1996;10 FSBEI HE Stavropol State Agrarian University.(in Russian)]

СЕЛЕКЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ ФАКТОРЫ В ЭТИОЛОГИИ НЕКОТОРЫХ АНОМАЛИЙ И БОЛЕЗНЕЙ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

Салех Магеррамов*, Гюлара Сеидова, Арзу Мирзаева

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Селекционно-генетические и экологические факторы играют важную роль в возникновении и распространении некоторых заболеваний, врожденных аномалий и нарушений жизнеспособности у крупнорогатого скота.

Исследования показывают, что селекционные факторы направленные на определенные признаки (например, высокую продуктивность), и экологические условия тесно взаимосвязаны в этиологии аномалий и заболеваний крупнорогатых животных. Проведенная селекционная работа может усиливать латентные генетические дефекты, в то время как экологические условия (питание, стресс, условия содержания) являются триггерными факторами.

Загрязнение окружающей среды радионуклидами в районах разведения животных рассматривается как фактор риска распространения лейкемии и заболеваний щитовидной железы у телят.

Избыточные дозы витаминов А и D проявляют тератогенную активность, что в данном случае приводит к массивным дефектам у телят - расщелина нёба, карликовость, гидроцефалия.

Фенотипическое проявление врожденных аномалий зависит от количества мутантных генов, вызывающих патологии. Порог проявления признаков таких генов соответствует их количеству, или кумулятивному эффекту. Кумулятивный эффект генов, ответственных за проявление аномалий, также зависит от условий окружающей среды.

В условиях высокой радиации увеличивается заболеваемость лейкемией, маститом и туберкулезом у крупного скота. В районах, загрязненных радионуклидами, у телят широко распространены лейкемия и заболевания щитовидной железы. В геноме животных, подвергшихся хроническому облучению, выявлены aberrации, специфичные для воздействия радиации на хромосомы.

На основании проведенных исследований можно сделать вывод, что этиология аномалий и заболеваний у животных обусловлена сложным взаимодействием генетической предрасположенности (селекция, инбридинг) и факторов окружающей среды (кормление, содержание, климатические условия), что повышает риск развития наследственно обусловленных заболеваний. Интенсивный отбор по продуктивности повышает восприимчивость к стрессу и

снижает устойчивость, поэтому для управления здоровьем стада необходимо учитывать генетические и средовые факторы.

Ключевые слова: *Ключевые слова: селекционно-генетические факторы, факторы окружающей среды, аномалии у животных, генетические заболевания*

SELECTION, GENETIC, AND ENVIRONMENTAL FACTORS IN THE ETIOLOGY OF CERTAIN CATTLE ANOMALIES AND DISEASES

Saleh Maharramov*, Gulara Seyidova, Arzu Mirzayeva

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

Selection, genetic, and environmental factors play a significant role in the emergence and spread of certain diseases, congenital anomalies, and viability disorders in cattle.

Research shows that selection factors targeting specific traits (e.g., high productivity) and environmental conditions are closely interrelated in the etiology of cattle anomalies and diseases. Selection can exacerbate latent genetic defects, while environmental factors (nutrition, stress, and housing conditions) may act as triggers.

Environmental contamination with radionuclides in cattle-breeding areas is considered a risk factor for the spread of leukemia and thyroid disease in calves. Excessive doses of vitamins A and D exhibit teratogenic activity, which can lead to severe defects in calves, including cleft palate, dwarfism, and hydrocephalus.

The phenotypic manifestation of congenital anomalies depends on the number of mutant genes causing the pathologies. The threshold for the expression of these genes corresponds to their number, or cumulative effect. The cumulative effect of genes responsible for the manifestation of anomalies also depends on environmental conditions.

High levels of radiation exposure increase the incidence of leukemia, mastitis, and tuberculosis in cattle. Leukemia and thyroid diseases are common among calves in areas contaminated with radionuclides. Chromosomal aberrations specific to radiation exposure have been identified in the genomes of animals subjected to chronic irradiation.

Based on the research conducted, it can be concluded that the etiology of abnormalities and diseases in animals is determined by a complex interaction between genetic predisposition (selection, inbreeding) and environmental factors (feeding, housing, climatic conditions), which increases the risk of developing hereditary diseases. Intensive selection for productivity increases susceptibility to stress and reduces resilience; therefore, herd health management requires consideration of both genetic and environmental factors.

Keywords: *selection-genetic factors, environmental factors, anomalies in animals, genetic diseases*

Çapa təqdim etmişdir: *Cəbrayıl Təzəxan oğlu Ağayev, a.e.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *20.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *10.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *10.04.2026*

UOT 581.2. 632. 4. 9. 635.8

ÇƏYİRDƏKLI MEYVƏ BİTKİLƏRİNİN FİTOPATOLOJİ TƏDQIQI

İSMAYIL MƏCİDLİ*, ƏMİNƏ RƏKİDƏ

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr. 155
mecdli-ismayil@mail.ru

Məqalədə Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Tovuz və Ağdaş Elmi Tədqiqat Bazalarının genofond bağlarında *ex-situ* şəraitində yetişdirilən çəyirdəklə meyvə bitkilərinin (ərik, şaftalı, giləs, alça, gavalı, albuxara, göyəm, zoğal, əzgil) göbələk xəstəlikləri ilə sirayətlənmələrinin fitopatoloji qiymətləndirilmələrindən bəhs edilir. Ffitopatoloji qiymətləndirilmələr zamanı müşahidə edilən göbələk xəstəliklərinə immunitet, yüksək davamlılıq, davamlılıq və tolerantlıq nümayiş etdirmiş sort və formalar ənənəvi və marker əsaslı seleksiya işlərinin aparılmasına cəlb ediləcəkdir. Müşahidələr zamanı Ətirli şaftalı sortunun yarpaqlarında 1-2 balla klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) xəstəliyi, meyvələrinin isə monilial yanığı-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.) xəstəliyi 1-2 balla qeydə alınmışdır. Əlibəyli Şaftalı sortunda yarpaq qıvrılması xəstəliyi 2-3 balla (*Taphrina deformans* (Berk.) aşkar edilmişdir. Ərik sort və formalarında klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) xəstəliyi (Ətirli, May-Goranboy, Ərik-Füzuli, Sahibə, Mürəbbə ərik) 1-2 balla, yarpaq qıvrılması (*Taphrina deformans* Berk.) (Zeynəbi tüksüz, Badamı) xəstəliyi 2 balla qeydə alınmışdır. Gilas sort və formalarında (Öküzürəyi, Qara giləs-Quba) kokkomikoz (*Coccomyces hiemalis* Higg.) xəstəliyi 1-2 balla, monilial yanığı-monilioz və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.) 1-2 balla və klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) xəstəlikləri 1-2 balla qeydə alınmışdır. Alça sort və formalarında klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) xəstəliyi (Rəcəbli-1, Qırmızı alça) 1-2 balla qeydə alınmışdır. Məshəti göyəm sortunun yarpaqlarında 2 balla klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) xəstəliyi, qeydə alınmışdır. Gavalı sort və formalarında klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) xəstəliyi (Yapon, Yastı yapon, Sarı gavalı-GETM, Qax gavalı, Xırda göyəm, Qara gavalı) 1-2 balla, yarpaq yanığı (Qırmızı gavalı, Sarı uzun, Qara albuxara, Xətmi gavalı) 1-2 balla qeydə alınmışdır. Nektarin şaftalısında, Göycəsoltan alça və Super gavalı, Zoğal (Armudvari), Əzgil (Kəmərli) sortlarında heç bir xəstəlik müşahidə edilməmişdir.

Açar sözlər: çəyirdəklə meyvələr, *ex-situ*, *Clasterosporium carpophilum* (Lév.), *Monilinia laxa* (Aderh.), *Taphrina deformans* (Berk.), *Coccomyces hiemalis* Higg.

GİRİŞ

Respublikamızın coğrafiyasında, mətbəxində və ənənəvi təsərrüfatında çəyirdəklə meyvələr xüsusi yer tutur. Bu meyvələr həm qida dəyəri, həm də insan sağlamlığı üçün əhəmiyyətli rol oynayır. Çəyirdəklə meyvələr həm geniş yayılmış bağ bitkiləri kimi, həm də təbii flora elementləri kimi bölgəmizdə zəngin çeşiddə mövcuddur.

Çəyirdəklə meyvələr – elmi dillə “*drupe*” adlanır – morfoloji baxımdan özündə bir neçə səciyyəvi xüsusiyyətlər daşıyır. Onların əsas xüsusiyyəti içərisində bərk, oduncaqlı və bir və ya bir neçə toxumdan ibarət çəyirdəyin olmasıdır. Meyvənin əti adətən şirəli, ətirli, vitamin və minerallarla zəngin olur. Çəyirdək, əsasən, bitkinin nəsilartırma funksiyasını yerinə yetirir və yeni bitkilərin yaranmasına şərait yaradır. Çəyirdəklə meyvələrin səthi hamar, bəzən isə tüklü və ya nazik dərilili ola bilər. Bu tip meyvələrdə vitamin C, A, kalium, maqnezium, dəmir, lif və müxtəlif antioksidant maddələr bol olur. Çəyirdəklə meyvələr həzm sistemini tənzimləyir, immuniteti gücləndirir, ürək-damar xəstəliklərinin qarşısını alır, dərinin və gözlərin sağlamlığını qoruyur. Bu meyvələrin təzə, qurudulmuş və ya emal olunmuş formada istifadə edilməsi geniş yayılıb. Azərbaycanda ən çox yetişdirilən və istifadə olunan çəyirdəklə meyvələrə albalı, giləs, ərik, şaftalı, gavalı, albuxara, alça, göyəm, əzgil daxildir.

Tarixi mənbələrə və arxeoloji tapıntılara əsasən, Azərbaycan ərazisi qədim zamanlardan çəyirdəkli meyvələrin becərilməsi və istifadə edilməsi baxımından zəngin ənənələrə malikdir. Bu tip meyvələrin, həmçinin iqtisadi, ekoloji və mədəni dəyəri də böyükdür. Müasir dövrdə çəyirdəkli meyvələr həm təzə halda, həm də emal olunmuş məhsullar (mürəbbə, kompot, şirə və s.) şəklində insanların gündəlik rasionunun ayrılmaz hissəsinə çevrilib. Çəyirdəkli meyvələrin növləri, biologiyası, faydaları, becərilməsi və saxlanma qaydaları haqqında geniş və əhatəli məlumat əldə etmək təkcə maraq üçün deyil, həm də sağlam və düzgün qidalanma baxımından vacibdir. Bu meyvələrin xüsusiyyətlərini və insan həyatında oynadığı rolu bilmək, eyni zamanda, kənd təsərrüfatı və bağçılıq fəaliyyəti ilə məşğul olanlar üçün də olduqca faydalıdır.

MATERIAL VƏ METODLAR

Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Tovuz və Ağdaş Elmi Tədqiqat Bazalarının genofond bağlarında *ex-situ* şəraitində yetişdirilən çəyirdəkli meyvə bitkilərinin (ərik, şaftalı, giləs, alça, gavalı, albuxara, göyəm) göbələk xəstəliklərilə (klasterosporioz, yarpaq qıvrılması, monial yanıq-monilioz və ya boz çürüməsi, kokkomikoz) fitopatoloji qiymətləndirilmələri Q. A.Lobanovun (1980), V.M.Tarasovun (1981), Y.T.Dyakov və b. (2001), K.V.Popkova, V.A. Şkalikov və Y.M. Stroykovun (2005), M.M. Levitinin (2018) metodikaları əsasında 5 ballı şkala üzrə: (0 bal - yoluxma yoxdur; 1 bal – yarpaq səthinin 10%-ə qədəri yoluxur; 2 bal – yarpaq səthinin 11-25%-i yoluxur; 3 bal – yarpaq səthinin 26-50%-i yoluxur; 4 bal – yarpaq səthinin 50%-dən çoxu yoluxur) tədqiq edilərək fitopatoloji qiymətləndirmələr aparılmışdır.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

İnstitutun Tovuz və Ağdaş Elmi Tədqiqat Bazalarının genofond bağlarında *ex-situ* şəraitində yetişdirilən çəyirdəkli meyvə bitkilərinin vegetasiya mövsümü ərzində aparılmış fitopatoloji müşahidələri zamanı ağaclarda göbələk xəstəliklərindən əsasən klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.), meyvələrin monial yanıq - moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.), yarpaq qıvrılması (*Taphrina deformans* (Berk.) və kokkomikoz (*Coccomyces hiemalis* Higg.) xəstəlikləri aşkar edilmişdir.

Bütün çəyirdəklilər əsasən isə ərik və şaftalı klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) xəstəliyi ilə sirayətlənmişlər. Erkən yazda havaların bu xəstəliyin inkişafı üçün əlverişli keçdiyindən, bağdakı digər çəyirdəkli meyvə bitkiləri də (alça, göyəm, giləs, gavalı) bu xəstəliklə sirayətlənmişlər. Son illər xəstəlik alcada, gavalıda, albalı və giləsda da geniş yayılmışdır. Boy və çiçək tumurcuqları, yarpaqlar, meyvələr, zoğ və budaqlar xəstəliklə yoluxurlar.

Xəstəlik şaftalıda yarpaq və budaqlarda, ərikdə, albalı və giləsda isə yarpaq və meyvələrdə güclü inkişaf edir. Yarpaqların yoluxması nisbətən xarakterik olur. Onlar üzərində əvvəlcə xırda, qırmızıvari ləkələr əmələ gəlir. Ləkələrin kənarları sonradan qeyri-müəyyən haşiyəli, mərkəzi hissəsi açıq-sarı, və ya qonur rəngli olur. Ləkələr ölçüsünə və formasına görə müxtəlif olurlar. Yarpağın yoluxmuş sahələrində dəşiklər əmələ gətirir. Məhz elə bu səbəbdən də xəstəliyə bəzən “*deşikli xallama*” da deyilir. Xəstəlik güclü inkişaf etdikdə yarpaqlar tökülürlər (Həsənov 2007; Məcidli, 2019).

Bu xəstəlik Ətirli şaftalı və ərik sort və formalarında (Ətirli, May-Goranboy, Ərik-Füzuli, Sahibə, Mürəbbə ərik), alça sort və formalarında (Rəcəbli-1, Qırmızı alça), gavalı sort və formalarında (Yapon, Yastı yapon, Sarı gavalı-GETM, Qax gavalı, Xırda göyəm, Qara gavalı), giləs sort və formalarında (Öküzürəyi, Qara giləs-Quba) isə 1-2 balla, göyəm sortunun yarpaqlarında (Məshəti) 2 balla qeydə alınmışdır (Cədvəl 1).

Göbələk sporlarının intensiv yayılması əsasən yaz fəslı ərəfəsində olsa da o, bütün yay boyu davam edir. İyul ayında da xəstəliyin kütləvi yayılması müşahidə olunur. Göbələk öz inkişafını sakitlik dövründə-payız və qışda da davam etdirərək ağacın tumurcuq və zoğlarını yoluxdurur.

Odur ki, xəstəliyin ziyanı böyükdür. O, ağacları zəiflədir, tumurcuqların tökülməsi ilə məhsuldarlığı aşağı salır və meyvənin xarici görünüşünü korlayır (Şəkil 1).



Şəkil 1. Klasterosporiozla (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) sirayətlənmiş ərik və şaftalı meyvə və yarpaqları

Cədvəl 1.

Çayırdakli meyvə bitkilərinin fitopatoloji qiymətləndirilməsi

№	Sort və formalar	Xəstəliklər, ball			
		Klasterosporioz	Monilioz	Kokkomikoz	Yarpaq qıvrılması
1.	Şaftalı	1-2	2	-	2-3
2.	Ərik	1-2	2-3	-	2
3	Gilas	1-2	1-2	1-2	-
4.	Alça	1-2	1-2	-	-
5.	Göyəm	2	-	-	-
6.	Gavalı	1-2	1-2	-	-

Çayırdakli bitkilərdə geniş yayılmış xəstəliklərdən biri də meyvələrin monilial yanıği-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.) xəstəliyidir. Xəstəlik ərikdə, albalı və gavalıda geniş yayılmışdır. Çiçəkləmədən dərhal sonra xəstəliyin ilkin əlamətləri ağacın ayrı-ayrı budaqlarının birdən quruması ilə təzahür edir. Xəstəliyə yoluxmuş yarpaqlar, çiçəklər bozarıb quruyaraq uzun müddət ağacdan asılı qalırlar. Göbələyin intensiv inkişafı zamanı ağacın bütün çiçək və zoğları odla qarşılanmış-yanmış bir görkəm aldığı üçün xəstəlik monilial yanıği adlanır (Həsənov, 2007; Məcidli, 2019).).

Meyvələrin yoluxması həşarat və dolu vurma zamanı əmələ gəlmiş zədələnmə yerlərindən baş verir. Çürümüş meyvələr bəzən quruyaraq yaza qədər ağacdan asılı halda qalırlar (Şəkil 2, 3).



Şəkil 2. Gilas meyvələrinin monilial yanıği-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.), xəstəliyi

Meyvələrin monilial yanıği-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.) xəstəliyi şaftalı sortunda 1-2 balla, ərik sort və formalarında (İri ağ ərik-Eiçin, Şəkəri) 2-3 balla, alça sort və formalarında (Qırmızı mürəbbə-şah) 1-2 balla, gavalı sort və formalarında (Qırmızı gavalı,

Sarı uzun, Qara albuxara, Xətmi gavalı) 1-2 balla, giləs sort və formalarında (Öküzürəyi, Qara giləs-Quba) 1-2 balla qeydə alınmışdır (Cədvəl 1).



Şəkil 3. Şaftalı meyvələrinin monilial yanığı-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.), xəstəliyi)

Müşahidələr zamanı qeydə alınan növbəti xəstəlik giləs sort və formalarının (Öküzürəyi, Qara giləs-Quba) sirayətləndiyi kokkomikozdur (*Coccomyces hiemalis* Higg.). Bu giləs sort və formalarında xəstəlik 1-2 balla qeydə alınmışdır (Cədvəl 1).

Göbələklə giləsin cavan odunlaşmamış saplağı və albalı meyvələri də yoluxur. Yarpaqların üzərində tünd-boz rəngli, xırda, çoxsaylı sıx ləkələr əmələ gəlir. Yarpaqların altında isə ləkələrin yerində çəhrayı-ağ göbələk yastıqcıqları aydın görünür. Meyvələrin üzərində qəhvəyi rəngli ağımtıl göbələk örtüklü, kifayət qədər iri, basıq ləkələr əmələ gəlir. Xəstəliyin ilkin əlamətləri iyunun birinci yarısında təzahür edir. Yay ərzində bir neçə yoluxma ilə xəstəlik kütləvi şəkildə yayıla bilər. Yoluxmanın ilk günlərində olan atmosfer çöküntüləri xəstəliyin inkişafında əsas rol oynayır. Xəstəlik ağacların şaxtaya dözümlülüyünü aşağı salır (Həsənov, 2007; Məcidli, 2019). (Şəkil 4).



Şəkil 4. Kokkomikoz xəstəliyi ilə (*Coccomyces hiemalis* Higg.) sirayətlənmiş giləs yarpaqları

Fitopatoloji qiymətləndirmə zamanı qeydə alınan növbəti xəstəlik törədicisi *Taphrina deformans* (Berk.) Tul. göbələyi olan yarpaq qıvrılmasıdır. Müşahidələr zamanı şaftalı sortunda (Əlibəyli) yarpaq qıvrılması xəstəliyi 2-3 balla, ərik sort və formalarında (*Taphrina deformans* Berk.) (Zeynəbi tüksüz, Badamı) isə 2 balla qeydə alınmışdır (Cədvəl 1).

Xəstəlik geniş yayılmaqla, ilkin əlamətləri erkən yazda, yarpaqlar açıldıqdan sonra təzahür edir. Yoluxmuş cavan yarpaqların üzəri dalğalı olub, qıvrılırlar. Xəstə yarpaqlar qalınlaşaraq, elastikliyi itirib, kövrək və əyri olurlar. Yoluxma yerləri sarı-qırmızı və ya açıq-yaşıl rəngə boyanır. Belə yarpaqlar tezliklə quruyub tökülür və xəstəliyin güclü inkişafı zamanı ağaclar tamamilə çılpaq qalırlar (Şəkil 5).

Bu zaman tumurcuqlar tökülür, ağacdakı meyvələr isə yetişmirlər. Xəstə ağacların böyüməsi və inkişafı geri qaldığından onların şaxtaya davamlılığı zəifləyir. Yarpaqlardan əlavə xəstəliyə bəzən meyvələr də yoluxur. Belə meyvələrin səthi nahamar olub, üzərində bəzən çatlar əmələ gəlir. Xəstəliyə yoluxmuş zoğlar qalınlaşaraq əyilirlər (Həsənov, 2007; Məcidli, 2019).

Nektarin şaftalısında, Göycəsoltan alça və Super gavalı, Zoğal (Armudvari), Əzgil (Kəmərlı) sortlarında heç bir xəstəlik müşahidə edilməmişdir.



Şəkil 5. Yarpaq qıvrılması (*Taphrina deformans* (Berk.) xəstəliyi ilə sirayətlənmiş ərik və şaftalı yarpaqları

NƏTİCƏ

Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Tovuz və Ağdaş Elmi Tədqiqat Bazalarının genofond bağlarında *ex-situ* şəraitində yetişdirilən çəyirdəkli meyvə bitkilərinin (ərik, şaftalı, giləs, alça, gavalı, göyəm) göbələk xəstəlikləri ilə sirayətlənmələrinin fitopatoloji qiymətləndirilmələri zamanı klasterosporioz (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.), meyvələrin monilial yanıq-moniliozu və ya boz çürüməsi (*Monilinia laxa* (Aderh.), kokkomikoz (*Coccomyces hiemalis* Higg.), yarpaq qıvrılması (*Taphrina deformans* (Berk.) xəstəlikləri aşkar edilmişdir.

Nektarin şaftalısı, Göycəsoltan alçası, Super gavalı, Armudvari Zoğal, Kəmərli Əzgil sort və formaları müşahidə edilən göbələk xəstəliklərinə immunluq, yüksək davamlılıq və tolerantlıq nümayiş etdirmişlər. Həmin sortlar bu xəstəliklərə davamlı sort və formaların yaradılması üçün ənənəvi və marker əsaslı seleksiya işlərinin aparılmasına cəlb ediləcəkdir.

Çəyirdəkli meyvə bitkilərinin göbələk xəstəlikləri ilə mübarizədə kimyəvi və aqrotexniki tədbirlərin vaxtında aparılması iqtisadi və ekoloji baxımdan daha əhəmiyyətlidir.

ƏDƏBİYYAT

- Cəfərov İ.H.** Fitopatologiya, Bakı, “Elm”, 2007;392. [Jafarov I.H. Phytopathology, Bakı, “Elm”, 2007;392 (in Azerbaijani)]
- Həsənov Z.M.** Meyvəçilik, Bakı, 2007;496. [Hasanov Z.M. Fruit growing, Bakı, 2007;496. (in Azerbaijani)]
- Həsənov Z.M.** Pomoterapiya (Meyvələrlə müalicə), Gəncə poliqrafiya ASC, 2007; 89.[Hasanov Z.M. Pomotherapy (Treatment with Fruits), Ganja Polygraphy OJSC, 2007; 89 (in Azerbaijani)]
- Məciddi İ.Q.** Çəyirdəkli bitkilərin infeksiyon quruma və kitrə axını xəstəlikləri və onlarla mübarizə üsulları. *AMEA-nın Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun elmi əsərləri*, Bakı, 2015;V:202-204.[Majidli I.G. Infectious wilt and canker diseases of leguminous plants and methods of combating them. *AMEA nin Genetik Ehtiyatlar Institutunun elmi əsərləri = Scientific works of the Institute of Genetic Resources of ANAS*, Bakı, 2015;V:202-204.(in Azerbaijani)]
- Məciddi İ.Q.** Meyvə və giləmeyvəli bitkilərin xıstlıqları atlası, Bakı, “Universal Nəşriyyat və Çap Evi”, 2019; 452.[Majidli I.G. Atlas of the characteristics of fruit and berry plants, Bakı, “Universal Publishing and Printing House”, 2019; 452 (in Azerbaijani)]
- Məciddi İ.Q., Rəkidə Ə. M., Babayeva N. S.** Şəfalı bitkilər (1000 dərddin 1001 dərmanı), II hissə, Bakı, “Adiloğlu” nəşriyyatı, 2026;572.[Majidli I.G., Rekidə A. M., Babayeva N. S. Medicinal plants (1001 medicines for 1000 ailments), part II, Bakı, “Adilovlu” publishing house, 2026;572 (in Azerbaijani)]
- Витковский В.Л.** Плодовые растение мира, Санкт-Петербург-Москва-Краснодар, 2003[Vitkovsky V.L. Fruit Plants of the World, St. Petersburg-Moscow-Krasnodar, 2003 (in Russian)]

- Попкова К.В., Шкаликов В.А., Стройков Ю.А. и др.** Общая фитопатология. учебник для вузов, 2-е изд. перераб. и доп., М., Дрофа, 2005;445.[Popkova K.V., Shkalikov V.A., Stroykov Yu.A. et al. General phytopathology. Textbook for universities, 2nd revised and enlarged edition, Moscow, Drofa, 2005;445(in Russian)]
- Семенкова И.Г., Соколова Э.С.** Фитопатология, М. Изд. Академия, 2003;496. [Semenkova I.G., Sokolova E.S. Phytopathology, Moscow, Academy Publishing House, 2003;496.(in Russian)]
- Тарасов В.М., Фаустов В.В., Никоточкина Т.Д.** Практикум по плодоводству, М. 1981.[Tarasov V.M., Faustov V.V., Nikotochkina T.D. Practical training in fruit growing, M. 1981. (in Russian)]

ФИТОПАТОЛОГИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ КОСТОЧКОВЫХ ПЛОДОВЫХ РАСТЕНИЙ

Исмаил Меджидли*, Амина Ракида

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

В статье рассматривается фитопатологическая оценка грибных болезней косточковых плодовых растений (абрикос, персик, черешня, слива, терн, алыча, кизил), выращенных в условиях *ex-situ* в генофондных садах Научно-Исследовательской Базы Института Генетических Ресурсов Товузского и Агдашского районов. Иммунные и устойчивые к грибным болезням сорта и формы, выявленные в ходе фитопатологических исследований, будут включены в селекционный процесс и маркерные исследования. В ходе наблюдений на листьях сорта персика Атирли было зафиксировано 1-2 балла кластероспориоза (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.), а на плодах - 1-2 балла монолиального ожога-монилиоиза или серой гнили (*Monilinia laxa* (Aderh.). У сорта персика Алибейли заболевание скручиванием листьев было выявлено с 2-3 баллами (*Taphrina deformans* (Berk.). У сортов и форм абрикоса заболевание кластероспориозом (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) (абрикосы Атирли, Май-Горанбой, Арик-Фузули, Сахиба, Мурабба) было зарегистрировано с 1-2 баллами, а скручивание листьев (*Taphrina deformans* Berk.) (абрикос Зейнаби безволосый, Бадами) - с 2 баллами. У сортов и форм черешни («Окузурейи», «Кара гилас-Губа») коккомикоз (*Coccomyces hiemalis* Higg.) был зарегистрирован с 1-2 баллами, монолиальная ожоговая монилиоиза или серая гниль (*Monilinia laxa* (Aderh.) - с 1-2 баллами, а кластероспориоз (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) - с 1-2 баллами. Кластероспориоз (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) был зарегистрирован у сортов и форм вишни (Раджабли-1, Красная алыча) с оценкой 1-2 баллах. Заболевание, вызываемое *Clasterosporium carpophilum* (Lév.), было зарегистрировано на листьях сорта Месхети терн оценкой 2 балла. Заболевание, вызываемое *Clasterosporium carpophilum* Lev., было зарегистрировано у сортов и форм сливы (Японская, Плоская японская, Желтая слива-GETM, Слива Гах, Маленькая Гойем, Черная слива) с оценкой 1-2 балла, а также ожог листьев (Красная слива, Желтая длинная, Черная Альбухара, Слива Хатми) с оценкой 1-2 балла. Заболевания не наблюдались у персика сорта Нектарин, черешни сорта Гойчасолтан», а также у сортов Супер сливы, кизил (Грушевидная).

Ключевые слова: косточковые плоды, *ex-situ*, *Clasterosporium carpophilum* (Lév.), *Monilinia laxa* (Aderh.), *Taphrina deformans* (Berk.), *Coccomyces hiemalis* Higg

PHYTOPATHOLOGICAL STUDY OF STONE FRUIT PLANTS

Ismail Majidli*, Amina Rakida

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

The article discusses the phytopathological assessment of fungal infections in stone fruit plants (apricot, peach, sweet cherry, cherry plum, plum, greengage, blackthorn, cornelian cherry, medlar) cultivated under ex situ conditions in the gene pool orchards of the Tovuz and Agdash Research Bases of the Genetic Resources Institute. According to the phytopathological evaluations, cultivars and forms demonstrating immunity or tolerance to the identified fungal pathogens will be incorporated into conventional and marker-assisted breeding programs. During the observation period, the peach cultivar Atirli exhibited shot hole disease caused by (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) on leaves at a severity of 1–2 points, while its fruits were affected by monilial blight (moniliosis) or brown rot caused by *Monilinia laxa* (Aderh.) at 1–2 points. In the peach cultivar Alibeyli, leaf curl caused by (*Taphrina deformans* (Berk.) was recorded at a severity of 2–3 points. Among apricot cultivars and forms (Atirli, May-Goranboy, Erik-Fuzuli, Sahiba, Murabba Erik), shot hole disease (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) was observed at a severity of 1–2 points. Leaf curl (*Taphrina deformans* Berk.) was recorded at 2 points in Zeynabi Tuksuz and Badami. In sweet cherry cultivars and forms (Okuzureyi, Gara Gilas-Quba), coccomycosis caused by (*Coccomyces hiemalis* Higg.) was detected at a severity of 1–2 points. Additionally, monilial blight (brown rot) caused by (*Monilinia laxa* (Aderh.) and shot hole disease (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) were each recorded at 1–2 points. In cherry plum cultivars and forms (Rajabli-1, Girmizi Alcha), shot hole disease (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) was observed at 1–2 points. In the blackthorn cultivar Mashati Goyem, shot hole disease (*Clasterosporium carpophilum* (Lév.) was recorded on leaves at a severity of 2 points. Among plum cultivars and forms (Yapon, Yasti Yapon, Sari Gavali-GETM, Gakh Gavali, Khirda Goyem, Gara Gavali), shot hole disease (*Clasterosporium carpophilum* Lev.) was detected at 1–2 points, whereas leaf scorch was observed at 1–2 points in Girmizi Gavali, Sari Uzun, Gara Albukhara, Khatmi Gavali. No diseases were observed in the nectarine peach, the Goyjasoltan cherry plum and Super plum varieties, nor in the Armudvari cornelian cherry and the Kamarli medlar varieties.

Keywords: stone fruits, ex-situ, *Clasterosporium carpophilum* (Lév.), *Monilinia laxa* (Aderh.), *Taphrina deformans* (Berk.), *Coccomyces hiemalis* Higg

Çapa təqdim etmişdir: Cəbrayıl Təzəxan oğlu Ağayev, a.e.d., dosent

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 09.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 10.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 13.04.2026

UOT 635.21; 632.1

KARTOF (*Solanum tuberosum* L.) NÜMUNƏLƏRİNDƏ GÖBƏLƏK XƏSTƏLİKLƏRİNİN YERÜSTÜ QURU BİOKÜTLƏYƏ TƏSİRİNİN ÖYRƏNİLMƏSİ

NURİ HUMAY

Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi “Tərəvəzçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutu” publik hüquqi şəxs, AZ1098, Bakı şəh., Sabunçu rayonu, Pirsəği qəsəbəsi, 2 saylı Sovxoz
12humay@gmail.com

Məqalə kartofun fitoftoroz (*Phytophthora infestans* Mont. de Bari), alternarioz (*Alternaria solani* Sor.) və tozlu dəmgil (*Spongospora subterranea* (J.A. Toml.) xəstəlik törədicilərinin təsirindən ümumi biokütlənin həcmnin azalmasına dəqiqləşdirilməsi və bununla davamlı sortnünunələrin müəyyənləşdirilməsidir. Yerüstü quru biokütlənin toplanma dinamikası sortlardan asılı olaraq dəyişir. Sortun morfofizioloji xüsusiyyətləri müxtəlif olsa da xəstəliklərin yayılma səviyyəsindən asılı olaraq patogenlər bitkinin yerüstü quru biokütləsinin miqdarına təsir edir. Kartof bitkisinin yerüstü quru biokütləsinin artması, bitkinin xəstəliklərə qarşı müqavimətinin bir göstəricisi kimi qəbul edilir. Fitoftoroz, alternarioz və tozlu dəmgil xəstəliklərinin kartofun yerli, rayonlaşdırılmış və introduksiya olunmuş sortnünunələrə təsiri nəticəsində yerüstü biokütlənin həcminə əsaslanaraq davamlılıq səviyyəsini müəyyənləşdirilmiş, davamlı və tolerant genotiplər seçilmiş, xəstəliklərin fizioloji proseslərə, məhsuldarlıq və keyfiyyət göstəricilərinə təsiri qiymətləndirilmişdir. Xəstəliklərə qarşı davamlı sortların yaradılması üçün ilkin seleksiya işlərində davamlı valideyin formalarının seçilməsi əhəmiyyətlidir. Sağlam və ekoloji cəhətdən təhlükəsiz kartof istehsalı başlıca ərzaq bitkisi kimi prioritetlərə daxildir. Davamlı sort və formaların seçilməsi və tətbiqi ekosistemin qorunmasına və xəstəliklərlə səmərəli mübarizənin təşkil edilməsində mühüm əhəmiyyətə malikdir. Bitki sağlamlığında inteqrir mühafizə sistemlərinin başlıca təkim hissəsi kimi davamlı sortların tətbiqi hər zaman aktualdır. Belə ki, alınmış nəticələr göstərir ki, immun sortların seçilməsi və tətbiqi kartofun keyfiyyət göstəricilərini yüksəldir, istehsalın səmərəliliyini təmin edir. Davamlı sortların seçilməsi və tətbiqi yalnız xəstəliklərə qarşı müqaviməti artırmaqla kifayətlənmir, eyni zamanda bitkinin inkişafını stimullaşdırır. Bu sortlar kartofun məhsuldarlığını artıraraq torpağın sərvətlərinin qorunmasına və kənd təsərrüfatının davamlı inkişafına töhfə verir. Həm yerli, həm də introduksiya olunmuş sortların seçimi torpaq mühitinə uyğun davamlı yetişdiricilik metodlarını formalaşdırır. Kartofun xəstəliklərə qarşı genetik dayanıqlı sortlarının tətbiqi, kənd təsərrüfatında həm iqtisadi, həm də ekoloji baxımdan mühüm rol oynayır.

Açar sözlər: *Solanum tuberosum*, *Phytophthora infestans*, *Alternaria solani*, *Spongospora subterranea*, biokütlə, kartof sortlarının davamlılığı.

GİRİŞ

Phytophthora infestans, *Alternaria solani*, *Spongospora subterranea* kartof bitkisinə müxtəlif patologiyalar yaratmaqla böyük zərər verən, məhsulun keyfiyyətini və həcmi azaldan əhəmiyyətli amillərdən biridir (Ağayev, 2016). Bu xəstəliklərin patogenləri torpaqda və bitki qalıqlarında qışlayaraq əlverişli iqlim şəraiti yarandıqda bitkiyə nüfuz edərək yayılır və yoluxma dərəcəsinin səviyyəsindən asılı olaraq biokütlənin proporsional azalmasına səbəb olur. Patogenlər kartofun kök yumrularını, zoğlarını, yarpaqlarını və çiçəklərini yoluxdurmaqla yerüstü və yeraltı orqanlara təsir edir, ümumi biokütlənin kəskin azalmasına səbəb olur. (Muhammad və b., 2013).

Kartof (*Solanum tuberosum*), Cənubi Amerika And dağlarında 2000 il əvvəl ilk dəfə becərilmişdir. Dənli bitkilərlə müqayisədə 15 dəfə daha çox məhsul verən kartof, enerji, zülal və lizin, amin turşuları ilə zəngindir. O, müxtəlif temperatur şəraitində və torpaqlarda yetişə bilər.

<https://doi.org/10.61642/202621>

0

Kartofun tərkibində su (80%), karbohidrat (20%), az yağ (0,1%), amin turşuları, minerallar (2%) və kaliumlu birləşmələr var. Kartofun qida tərkibində aşağı natrium, lif (0,6%) və vitaminlər (B, C, B2) də mövcuddur. Yemək, tərəvəz, kartof fri, cips, şorba, püresi və yanacaq spirti kimi istifadə olunur. Kartof vegetativ olaraq çoxalır və kök yumruları çiçəkləmə dövründə əmələ gəlir, ölçüsü isə bitkinin sortuna və yaşına görə dəyişir (Mirkhamidova, 2025).

Kartof bitkisi bir çox virus, nematod, bakteriya və göbələk mənşəli patogenlərin təsirinə məruz qalır və bu amillər ciddi zərərvericilər kimi qeydə alınmışdır. Səmərəli mübarizə tədbirləri görülmədikdə, alternarioz, fitoftoroz, tozlu dəmgin və digər xəstəliklər məhsulun böyük hissəsinin, hətta tamamilə məhvə səbəb ola bilər. Məhsul itkisi baxımından göbələk xəstəlikləri xüsusi əhəmiyyət daşıyır və onlar yarpaq, torpaq və kök yumrusu xəstəlikləri kimi qruplaşdırılır. Alternarioz, fitoftoroz və tozlu dəmgin kartof əkinlərində geniş yayılan və iqtisadi cəhətdən mühüm ziyan vuran əsas xəstəliklər sırasındadır. Bu tədqiqat kartofun əsas göbələk mənşəli xəstəlikləri haqqında məlumatların artırılması və onların effektiv idarə olunması üsullarının öyrənilməsinə həsr olunmuşdur (Nəsibova, 2023).

Fitoforoz *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bari göbələyi tərəfindən törədilir və kartofun yaşıl kütləsinə və yumrulara ziyan vurmaqla qonur çürümə yaradır. Əlverişli iqlim amilləri: - 78-95% rütubət və 16-24°C temperaturda ilkin infeksiya mənbəyinin olduğu şəraitdə inkubasiya dövrü 19-22 saat davam edir və 25 saat sonra ilkin əlamətləri qeydə alınır. Bu şərait 72 saat davam etdikdə kartofun həssas sortlarında 100%-li yoluxma qeydə alınır (Ağayev, 2018). Kartofun biokütləsinə məhv edən başlıca ziyanlı xəstəliyidir. İlk dəfə Avropada müşahidə olunmuş bu xəstəlik, müxtəlif ekoloji şəraitə uyğunlaşa bilən və geniş yayılma potensialına malikdir. Fitoforoz, bitkilər çıxan zaman əlverişli rütubət və temperaturda yaranır, göbələyin yayılması epifitotiya halı aldıqda 6-11 gün ərzində bitkinin bütün yerüstü hissəsini məhv edə bilər. Kök yumruları və yarpaqlarda ilkin əlamətləri qəhvəyi, yağlı ləkələr kimi təzahür edir, gövdələrdə çürümə baş verir və yoluxmuş kök yumruları çürüyərək boşalır və tam məhsul itkisinə səbəb olur. Yüksək rütubət və temperatur sporangiyaların cücməsinə təşviq edir. mədəni əkinlərdə Fitoforozun idarə edilməsi kompleks tədbirlərin tətbiqini ehtiva edir. Davamlı sortların yaradılması və steril toxumların tətbiqi bu istiqamətdə prioritetlərdən biridir, lakin kütləvi yayılma illərində inteqrir mübarizə sistemləri daxilində pritroid tərkibli kimyəvi preparatlar tətbiq edilir.

Kartof bitkilərində Alternarioz xəstəliyini ixtisaslaşmış saprotrof göbələk növü *Alternaria solani* Sor. törədir. İlk əlamətlər yarpaq üzərində qəhvəyi, bəzən tünd qonur rəngdə dairəvi ellepsvari və ya halqavari ləkələr və yaralar formasında təzahür edir. Patogen saprofit qidalanmaqla torpaqda bir ildən çox canlı qala bilər. Xəstəliyin yayılmasında ilkin infeksiya mənbəyi torpaqda olan yoluxmuş yarpaqlar və kök yumruları qalıqlarıdır. Külək, su damlları və həşəratlar konidilərin yayılmasına səbəb olan əsas faktorlardır. Tez-tez yağan yağışlar və yüksək rütubət, ardınca gələn quru və isti hava xəstəliyin yayılmasını sürətləndirir və bu şərait kartof istehsalı üçün əlverişli deyil. Əkin dövrü bir çox bölgələrdə xəstəliklə mübarizədə səmərəli olmadığından kompleks yanaşmalar və inteqrir mübarizə sistemləri daxilində səmərəli funqisidlər tətbiq edilir.

Spongospora subterranea (J.A. Toml.) tozlu dəmgin xəstəliyinin patogenidir. Asiya, Avstraliya, Afrika, Şimali və Cənubi Amerika və Avropada geniş yayılmışdır. İlk simptomlar zamanı kartofun kök yumrularında və köklərində qabıqaltı ləkələr müşahidə olunur. Yoluxmuş kök yumruları və köklərində, deformasiyaya uğramış və ziyil şəkildə böyüyən spor topları formalaşır. Bu strukturlarda törədiciyin qışlama formaları saxlanılır. Hərəkətli ilkin zoosporlar epidermisin hüceyrələrinə, kök tüklərinə, lentisellərə və gözlərə daxil olaraq, yaralar vasitəsilə bitki toxumalarına nüfuz edir. Tozlu dəmgin xəstəliyinin inkişaf etdiyi mərhələdə, plazmodiyalar ikincili zoosporlar istehsal edir və xəstəliyin yayılmasını intensivliyini artırır. Çirklənmiş torpaqda spor kütləsi altı il ərzində həyatilik qabiliyyətini saxlayır və yoluxma üçün aktiv qalır. Yüksək davamlılıq göstərən immun sortlar xəstəliklə mübarizədə ən təsirli üsullardandır.

MATERIAL VƏ METODLAR.

Törədicilərin yayılma səviyyəsinin uçot və qeydiyyatlarının ölçmələri ümumi qəbul edilmiş 5 ballı şkala əsasında yerinə yetirilmişdir. Xəstəliklərin inkişafının intensivliyi

$$P = \frac{\sum(nV)}{k \cdot 5} \times 100 \text{ formulu əsasında hesablanmışdır.}$$

Burada:

P- xəstəliyin inkişafının intensivliyi, %-lə;

$\sum(nV)$ – yoluxmuş bitki sayının müvafiq ballara hasilinin cəmi;

k-baxılmış cəmi bitki sayı, ədədlə;

5-ən yüksək yoluxma ballıdır.

Yerüstü biokütlənin çəkisindən aslı olaraq davamlılıq səviyyəsi 5 kateqoriya üzrə qiymətləndirilmişdir.

1 ball - çəkisi nəzarət variantı ilə bərabərdir;

2 ball – çəkisi nəzarət variantı ilə müqayisədə 10%-ə qədər azdır;

3 ball – çəkisi nəzarət variantı ilə müqayisədə 10-25% azdır;

4 ball - çəkisi nəzarət variantı ilə müqayisədə 25-50% azdır;

5 ball - çəkisi nəzarət variantı ilə müqayisədə 50%-dən azdır.

Çəkilən biokütlənin xəstəlik törədiciləri ilə yoluxan hissəsinin ümumi sağlam kütləyə nisbəti və müqayisəsi ilə xəstəlik törədicilərinin aqressivlik səviyyəsi müəyyən edilmişdir. Patogenlərin fərqli xüsusiyyətləri təhlil edilmiş, fitoftoz, alternarioz və tozlu dəmgil xəstəliklərinin bitkinin yerüstü quru biokütləsinə təsirinin dəqiqləşdirilməsi üçün tədqiq edilən sortnümünələrin biokütləsi 105°C temperaturda qurudulmuş və 0.0001qram dəqiqlikli analitik tərəzidə çəkilərək təyin edilmişdir. Kartofu yoluxduran *Phytophthora infestans*, *Alternaria solani*, *Spongospora subterranea* törədicilərin biokütləyə vurduğu ziyanın öyrənilməsi məqsədi ilə qoyulmuş təcrübə 4 variantdan, 4 təkrardan ibarət olmaqla cəmi 350 m² sahədə aparılmışdır: 1-ci nəzarət (fungisid çilənmiş), 2-ci fitoftozla, 3-cü alternariozla, 4-cü tozlu dəmgil xəstəliyi ilə sirayətləndirilmiş təcrübə sahələri.

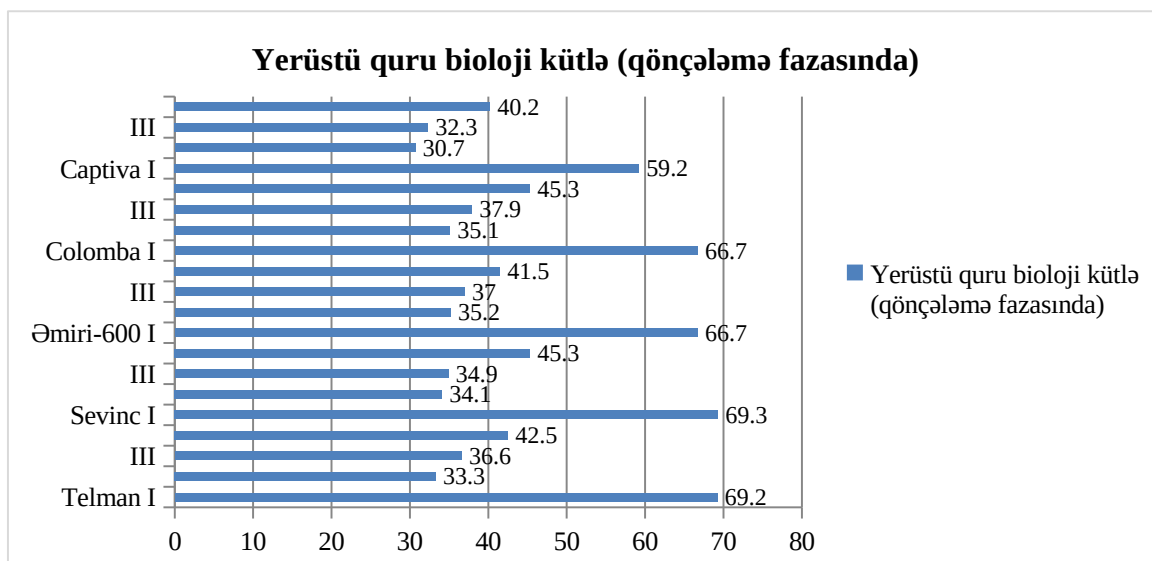
NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ.

Kartof bitkisinin məhsuldarlığı və keyfiyyətini müəyyən edən əsas amillərdən biri yerüstü bioloji kütlənin formalaşmasıdır. Fitoftoz, alternarioz və tozlu dəmgil kimi xəstəliklər bitkinin yerüstü biokütləsinin yığılmasını əngəlləyir, fotosintezi zəiflədir, vegetativ orqanlarda turqoru azaldır, xlorofil həcmi və tiranspirasiya əmsalını aşağı salır, fizioloji proseslər pozulur və quru maddə həcmi və məhsuldarlığın azalması ilə nəticələnir. Məhsuldarlığın formalaşmasında həmçinin, yerüstü quru biokütlənin daha çox toplanması və generativ orqanların yetişməsi dövründə vegetativ orqanlardan quru maddənin generativ orqanlara remobilizasiyası, yəni ehtiyatların yönləndirilməsi və istifadəsinin effektivliyi mühüm rol oynayır. Bu səbəbdən, fərqli kartof genotiplərinin xəstəliklərə qarşı dözümlülüyünün və biokütlə toplanmasına təsirinin öyrənilməsi, məhsuldarlığın artırılması və davamlı sortların seçilməsi baxımından böyük əhəmiyyət kəsb edir (Mirzəyev, Əmirov, 2018).

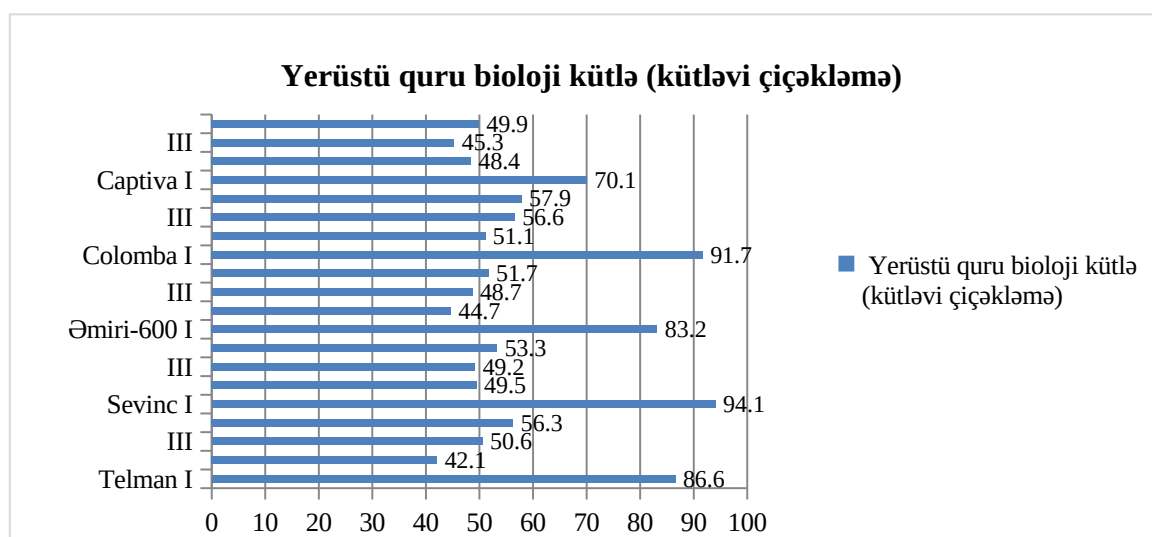
Təcrübə sahəsində və quru kütlənin müqayisəli ölçmələrindən əldə olunan nəticələr Şəkil 1 və Şəkil 2-də verilir. Şəkillərdə fitoftoz, alternarioz və tozlu dəmgil xəstəliklərinin yerüstü quru biokütləsinin toplanma dinamikasına təsiri üzrə nəticələr əks olunmuşdur. Tədqiqat nəticələrinə əsasən, kartof sortnümünələrində yerüstü quru bioloji kütlənin orta qiyməti qönçələmə fazasında nəzarət variantları 59,2 q (Captiva) və 69,3 q (Sevinc) aralığında olmuşdur, Sevinc sortu çəkiddə üstünlüyə görə fərqlilik göstərmişdir. Kütləvi çiçəkləmə fazasında nəzarət variantları 70,1 q (Captiva) və 94,1q (Sevinc) intervalında dəyişmişdir. Digər sortlardan

alınan nəticələr nəzarət variantları ilə müqayisədə orta dərəcəli nəticələr göstərdiyinə görə ətraflı şərhə lüzum olmadı.

Yerüstü quru biokütlənin toplanması dinamikasının orta qiyməti xəstəlik ilə sırayətləndirilmiş təcrübə variantlarında qönçələmə fazasında Captiva-fitoftoroz və Colombo-tozlu dəmgil 30,7 q və 45,3q, kütləvi çiçəkləmə fazasında təcrübə variantlarında Telman-fitoftoroz və - Colombo tozlu dəmgil 42,1q və 57,9 q intervalında dəyişmişdir. Nəticədə Captiva, Colomba, Əmiri-600, Teman və Sevinc sortlarının quru biokütləsi digər sortlarla müqayisədə daha yüksək olmaqla xəstəlik törədicilərinə qarşı daha yüksək davamlılıq nümayiş etdirir. Belə ki, nəzarətlə müqayisədə qönçələmə fazasında Captiva, Colomba və Əmiri – 600 sortları 2 balla davamlı, Sevinc və Telman 1 balla yüksək davamlı sort kimi qeydə alınır.



Şəkil 1. Kartof genotiplərinin qönçələmə fazasında xəstəliklərlə yoluxmasının quru biokütləyə təsirinin nəticələri



Şəkil 2. Kartof genotiplərinin çiçəkləmə fazasında xəstəliklərlə yoluxmasının quru biokütləyə təsirinin nəticələri

Şəkillərdə qeyd olunduğu kimi, tədqiqat nəticələrinə görə, müxtəlif kartof sortlarında xəstəliklərin yayılmasından asılı olaraq, yerüstü quru bioloji kütlə qönçələmə fazasından

başlayaraq kütləvi çiçəkləmə fazasının sonuna qədər artmışdır. Lakin vegetasiyanın sonunda, bitkilərin orta və aşağı yarusunda olan yarpaqların quruyub tökülməsi səbəbindən quru biokütlənin azalması müşahidə olunmuşdur. Araşdırma aparılan sortnünmələr, morfofizioloji xüsusiyyətlərinə görə, inkişaf mərhələlərinin davam etmə müddəti və yerüstü quru biokütlənin yığılma dinamikası baxımından müxtəliflik göstərmişdir.

NƏTİCƏ.

Azərbaycanda rayonlaşdırılmış Captiva, Colomba, Əmiri-600, Teman və Sevinc sortlarının quru biokütləsi digər sortlarla müqayisədə daha yüksək olmaqla xəstəlik törədicilərinə qarşı daha yüksək davamlılıq nümayiş etdirir. Belə ki, yerüstü quru biokütlənin nəzarətlə müqayisədə ölçmələrindən alınan nəticələr sübut edir ki, Captiva, Telman və Əmiri - 600 sortları 2 balla davamlı, Sevinc və Colomba 1 balla yüksək davamlı genotip olaraq qeydə alınır.

ƏDƏBİYYAT

Ağayev C.T. Kənd təsərrüfatı bitkilərinin xəstəlikləri. Bakı“Müəllim” nəşriyyatı, 2016;91-98.[Ağayev C.T. Diseases of Agricultural Crops. Baku: “Muallim” Publishing House, 2016;91–98.(in Azerbaijani)]

Ağayev C.T. Azərbaycanca yayılan badımcançiçəklilər (*Solanaceae* Jus.) fəsiləsinə aid bitkilərin xəstəlikləri və onlara qarşı inteqrirlənmiş mübarizə tədbirləri. A.e.e.d. dissertasiyası, 78-81. [Ağayev C.T. Diseases of plants belonging to the Solanaceae (Juss.) family distributed in Azerbaijan and integrated control measures against them. PhD dissertation, pp. 78–81.(in Azerbaijani)]

Nəsibova M.Ş., Ağayev F.N., Əmiraslanov V.S. Kartof bitkisinin zərərli orqanizmlərdən qorunmasında innovativ texnologiyanın rolu. Bitki Mühafizə və Texniki Bitkilər Elmi Tədqiqat İnstitutu, Gəncə 2023;57-58 [Nəsibova M.Ş., Ağayev F.N., Əmiraslanov V.S. The role of innovative technology in protecting potato plants from harmful organisms. Plant Protection and Technical Crops Scientific Research Institute, Ganja 2023;57–58. (in Azerbaijani)]

Mirzəyev R.S., Əmirov R.V. Noxud və mərcimək nümunələrinin assimilyasiya səthinin və xüsusi yarpaq kütləsinin tədqiqi. ƏETİ-nin elmi əsərləri məcmuəsi, 2018;29: 227-232 [Mirzəyev R.S., Əmirov R.V. Study of the assimilation surface and specific leaf mass of pea and lentil samples. Proceedings of the Scientific Works Collection of the Agricultural Experimental Research Institute, 2018;29: 227–232. (in Azerbaijani)]

Mirkhamidova N. Fungal diseases of potato varieties and measures to combat them. Экономика и социум. 2025;2(129)-2: 91-93

Muhammad F. A., Farah N., Gulshan I. Important fungal diseases of potato and their management, Мycopath 2013;11(1): 45-50.

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ГРИБКОВЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ НА НАДЗЕМНУЮ СУХУЮ БИОМАССУ ОБРАЗЦОВ КАРТОФЕЛЯ (*Solanum tuberosum* L.)

Нури Хумай

Министерства сельского хозяйства Азербайджанской Республики,
“Научно-исследовательский Институт овощеводства” публичное юридическое лицо

Цель статьи - прояснить причины уменьшения объема общей биомассы под воздействием патогенов фитофтороза (*Phytophthora infestans* Mont. de Bari), альтернариоза (*Alternaria solani* Sor.) и порошистой парши (*Spongospora subterranea* (J.A. Toml.)) картофеля и выявить устойчивые сорта. Динамика накопления надземной сухой биомассы варьируется в зависимости от сорта. Несмотря на различия в морфофизиологических характеристиках сортов, патогены влияют на количество надземной сухой биомассы растения в зависимости от степени поражения болезнью.

Увеличение надземной сухой биомассы картофеля рассматривается как показатель устойчивости растения к болезням. В результате воздействия фитофтороза, альтернариоза и мучнистой росы на местные, регионализированные и интродуцированные сорта картофеля был определен уровень устойчивости на основе объема надземной биомассы, отобраны устойчивые и толерантные генотипы, а также проведена оценка устойчивости. Было проведено исследование влияния болезней на физиологические процессы, продуктивность и показатели качества. Для создания устойчивых к болезням сортов в первичной селекционной работе важен отбор устойчивых родительских форм. Производство здорового и экологически безопасного картофеля является одним из приоритетов как основной продовольственной культуры. Отбор и применение устойчивых сортов и форм имеет большое значение для защиты экосистемы и организации эффективного контроля заболеваний. Применение устойчивых сортов как основной компонент интегрированных систем защиты растений всегда актуально. Так, полученные результаты показывают, что отбор и применение иммунных сортов повышает показатели качества картофеля и обеспечивает эффективность производства. Отбор и применение устойчивых сортов не только достаточно для повышения устойчивости к болезням, но и стимулирует развитие растения. Эти сорта способствуют защите почвенных ресурсов и устойчивому развитию сельского хозяйства за счет повышения продуктивности картофеля. Отбор как местных, так и интродуцированных сортов формирует устойчивые методы селекции, подходящие для почвенной среды. Применение генетически устойчивых к болезням сортов картофеля играет важную роль в сельском хозяйстве как с экономической, так и с экологической точек зрения.

Ключевые слова: *Solanum tuberosum*, *Phytophthora infestans*, *Alternaria solani*, *Spongospora subterranea*, биомасса, устойчивость сортов картофеля.

STUDY OF THE EFFECT OF FUNGAL DISEASES ON THE ABOVEGROUND DRY BIOMASS OF POTATO (*Solanum tuberosum* L.) SAMPLES

Nuri Humay

Ministry of Agriculture, “Scientific Research Institute of Vegetable Growing” Public Legal Entity

The article is aimed at clarifying the decrease in the volume of total biomass due to the effects of pathogens of late blight (*Phytophthora infestans* Mont. de Bari), early blight (*Alternaria solani* Sor.) and powdery scab (*Spongospora subterranea* (J.A. Toml.) of potatoes and thereby identifying resistant cultivars. The dynamics of accumulation of aboveground dry biomass varies depending on the cultivars. Although the morphophysiological characteristics of the cultivars are different, pathogens affect the amount of aboveground dry biomass of the plant depending on the level of disease prevalence. The increase in the aboveground dry biomass of the potato plant is considered an indicator of the plant's resistance to diseases. As a result of the effects of late blight, alternariosis and powdery mildew on local, regionalized and introduced cultivars of potatoes, the level of resistance was determined based on the volume of aboveground biomass, resistant and tolerant genotypes were selected, and the effect of diseases on physiological processes, productivity and quality indicators was evaluated. In order to create disease-resistant cultivars The selection of resistant parental forms is important in primary selection work. Production of healthy and ecologically safe potatoes is one of the priorities as a major food crop. The selection and application of resistant varieties and forms is of great importance for the protection of the ecosystem and the organization of effective control of diseases. The application of resistant varieties as a main component of integrated protection systems in plant health is always relevant. Thus, the results obtained show that the selection and application of immune varieties increases the quality indicators of potatoes and ensures the efficiency of production. The selection and application of resistant varieties is not only sufficient to increase resistance to diseases, but also stimulates the development of the plant. These varieties contribute to the protection of soil resources and the sustainable development of agriculture by increasing the productivity of potatoes. The selection of both local and introduced varieties forms sustainable breeding methods suitable for the soil environment. The application of genetically

resistant potato varieties against diseases plays an important role in agriculture from both economic and ecological points of view.

Keywords: *Solanum tuberosum, Phytophthora infenstans, Alternaria solani, Spongospora subterranea, biomass, resistance of potato varieties.*

Çapa təqdim etmişdir: *Cəbrayıl Təzəxan oğlu Ağayev, a.e.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *16.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *16.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *16.04.2026*

UOT 632. 72/632.77/594.3

HƏŞƏRATLARIN BİTKİLƏRDƏ SƏBƏB OLDUĞU PATOLOGİYALAR

NARDAN SADIQOVA

Azərbaycan Respublikası Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi Meyvəçilik və Çayçılıq Elmi-Tədqiqat İnstitutu
nardan.sadigova@mail.ru

Bu tədqiqat istixana şəraitində bitki orqanlarında zərərverici həşəratların yaratdığı morfoloji və fizioloji dəyişikliklərin eksperimental qiymətləndirilməsini təqdim edir. Tədqiqat istixana şəraitində giləs bitkisinin çoxaldılması üçün becərilən Maksima 9 əkin materialı üzərində aparılmış, sorucu (mənənələr), yarpaqyeyən (ilbizlər) və torpaq mənşəli (göbələk ağcaqanadları) zərərvericilərin bitkilərin inkişafına təsiri qiymətləndirilmişdir. Tədqiqat müddətində bitkilərdə müşahidə olunan gövdə və kök patologiyaları torpaq zərərvericiləri ilə yoluxmuş bitkilərin kök sistemiminin zədələnməsi nəticəsində bitkilərin solması və və boy artımının zəifləməsi ilə müşahidə olunmuşdur. Nəticədə göbələk ağcaqanad sürfələrinin təsirindən yarpaq səthinin sahəsində 20 sm², bitkilərin boyunda 10 sm azalma, kök sistemində 50%, gövdədə 42% zədələnmə qeydə alınmışdır. Bitkilərin kök və gövdəsinin göbələk ağcaqanadlarının sürfələrinin təsirinə məruz qalması səbəbindən nəzarət variantı ilə müqayisədə təcrübə variantında standart əkin materialı çıxımı 48% az olunmuşdur. Albalı mənənəsi ilə sirayətlənmənin bitki orqanlarının inkişafına təsiri nəticəsində yarpaq səthinin sahəsində 10 sm², bitkinin boyunda 15 sm azalma, xlorozlu yarpaqların miqdarında isə 30% artım qeydə alınmışdır. Nəticədə albalı mənənəsinin törətdiyi patologiyalar yarpaqlarda qıvrılma, xloroz (saralma), boyun inkişafdan qalması və boy nöqtəsinin quruması kimi əlamətlərlə müşahidə olunduğundan standart calaqlı əkin materialı çıxımı 34% azalmışdır. İlbizlərin (2) bitki orqanlarının inkişafına təsiri nəticəsində yarpaq səthinin sahəsində 9 sm², bitkinin boy göstəricisində isə 8 sm azalma baş vermişdir. İlbizlər tərəfindən yarpaq səthinin sahəsində baş verən itki (50%), gövdənin zədələnməsi, fotosintezin və boy artımının zəifləməsi ilə nəticələndiyindən standart əkin materialı çıxımında 28% azalma qeydə alınmışdır. Bu nəticələr göstərir ki, həşəratların yaratdığı patologiyalar sistemli və çoxfaktorlu təsirə malikdir. Göründüyü kimi zərərvericilər bitki morfoloqiyasına və fiziologiyasına birbaşa təsir etməklə yanaşı, bağçılıqda istehsalın səmərəliliyində əhəmiyyətli dərəcədə mənfi təsir göstərir.

Açar sözlər: zərərverici həşəratlar, bitkilərdə baş verən patologiyalar, morfoloji dəyişikliklər, fizioloji pozulmalar, əkin materialı

GİRİŞ

Zərərverici həşəratlar kənd təsərrüfatı bitkilərində məhsul itkisinə səbəb olan əsas zərərvericilərdir. Onların qidalanma fəaliyyəti nəticəsində bitkilərdə müxtəlif patoloji pozulmalar baş verir. Bu dəyişikliklər yalnız xarici morfoloji əlamətlərlə deyil, həm də daxili fizioloji pozulmalarla müşahidə olunur. Zərərverici həşəratların bitki orqanlarında yaratdığı patologiyalar onların qidalanma, yumurta qoyma və ya həyat fəaliyyəti nəticəsində bitkilərdə baş verən morfoloji və fizioloji dəyişikliklər səbəbindən yaranır (Metcalf, 2008). Bu patologiyalar bitkilərin böyüməsinə, məhsuldarlığına və məhsulun keyfiyyətinə ciddi təsir edən əsas amillərdir (Aliyev, 2018)..

Tədqiqatçılar zərərvericilər **tərəfindən yaranan patologiyaları birincili və ikincili olaraq 2 qrupa bölür** (Arnoldi, 1950). **Birincili patologiyalara** yarpaqlarda, gövdə və budaqlarda, kök sistemində, çiçək və meyvələrdə zərərvericinin birbaşa təsirindən baş verən fizioloji və kimyəvi, **ikincili patologiyalara** isə zədələnməmiş toxumalardan göbələk, virus və bakteriyaların bitki orqanlarına daxil olması nəticəsində yaranan patologiyalar aid edilmişdir (Daymond, 2015; Pedigo, 2014).

Müşahidələr göstərir ki, yarpaqlarda yaranan patologiyalar əsasən yarpaqyeyən və sorucu zərərvericilər tərəfindən törədilir. Bu əlamətlər yarpaqyeyən zərərvericilər (ilbizlər, kəpənəklər dəstəsinin nümayəndələrinin tırtılları, sərtqanadlılar dəstəsinin yetkin böcək və sürfələri,

<https://doi.org/10.61642/202621>

çəyirtkələr və s.) tərəfindən yarpaq toxumasının yeyilməsi nəticəsində dəşiklər və skletləşmə, sorucu zərərvericilər (bitki bitləri, gənələr, tripislər, ağqanadlı kəpənəklər və s.) tərəfindən hüceyrə şirəsinin pozulması nəticəsində saralma (xloroz), yarpaq toxumasının qeyri-bərabər inkişafı: bükülmə və deformasiya (mənənələr), yarpaq toxumasının anormal böyüməsi (fır gənələri, armud ağcaqanadlısı və s.) kimi əlamətlər formasında müşahidə olunur (Pikuşova et al., 2013; Srinivasan et al., 2017; Kumar, 2020; Korkmaz, 2025; Somera et al., 2024, Van Emden et al., 2017).

Gövdə və budaqlarda yaranan patologiyalar dəşici və gövdə daxilinə girən həşəratların (qırışlıq Qafqaz qabıqyeyəni, oduncaq qurdu və s.) təsiri nəticəsində baş verir. Bu zərərvericilərin ağac gövdəsinə daxil olması nəticəsində gövdə daxilində və qabıq altında tünəllər və yolların əmələ gəlməsi, gövdənin şişməsi və çatlaması, su və qida maddələrinin bitki orqanlarına nəql oluna bilməməsi nəticəsində bitkilərdə inkişafdan qalma və quruma əlamətləri ilə müşahidə olunur. ("Relationship between insects...", 2019; Srinivasan et al., 2017).

Tədqiqatçılar kök sistemində və gövdədə yaranan patologiyaların torpaq mənşəli həşəratlarla (məftil qurdları, nematodlar, ilbizlər, may böcəyi, göbələk ağcaqanadları və s.) əlaqəli olduğunu (Srinivasan et al., 2017; Kumar, 2020; Korkmaz, 2025; Dent et al., 2020; Alford, 2014) qeyd edir və bu patologiyalar bitkilərdə kökün yeyilməsi, köklərdə nektotik zədələnmələr, kök və gövdədə lezyonlar, çürümə, inkişafdan qalma, fır şəkili düyünlər, quruma və ikincili infeksiyalara həssaslıq (məs. kök çürüklüyü) kimi əlamətlərlə müşahidə olunur.

Molyuskaların yaratdığı morfoloji zərər isə bitki toxumalarını gəmirərək yemələri, yarpaq dəşikləri və selikli izlər kimi simptomlarla müşahidə olunur (Kumar, 2020).

Tədqiqat müddətində aparılan sahə monitorinqləri və bu istiqamətdə aparılmış elmi tədqiqat işlərinin nəticələri göstərir ki, çiçək və meyvələrdə baş verən patologiyalar reproduktiv orqanlarla qidalanan zərərvericilər (alma çiçəkyeyəni, alma meyvəyeyəni, bitki bitləri, yarpaqbükənlər, güvələrin tırtılları və s.) tərəfindən törədilir. Yoluxmanın əsas əlamətlərinə çiçək tökülməsi, meyvədə deformasiya və ləkələr, daxili çürümə və s. daxildir ("Relationship between insects...", 2019; Srinivasan et al., 2017; Kumar, 2020; Somera et al., 2024).

Bitkilərdə fizioloji və biokimyəvi patologiyaları araşdıran tədqiqatçıların gəldiyi nəticəyə görə isə bu patologiyalar virus və bakterial xəstəliklər şəklində müşahidə olunur (Duarte et al., 2022; Van Emden, 2017). Bu xəstəliklərin daşıyıcıları əsasən bitki bitləri, gənələr, göbələk ağcaqanadları və s. hesab olunur. Tədqiqatçıların da qeyd etdiyi kimi xəstəliklərin təsirindən yarpaqlarda fotosintez zəifləyir, transpirasiya artır, bitkinin hormonal balansı pozulur, meyvə tutumu və məhsuldarlığı azalır (Srinivasan et al., 2017; Somera et al., 2024; Daymond, 2015; Sadigova, 2025). Bu zərərvericilər həm də bitkilərdə **ikincili patologiyalara** səbəb olur. (Daymond, 2015). Məsələn: sorucu zərərvericilərlə (mənənələr və alma ballıcası və s.) yoluxma səbəbindən bitkinin vegetativ və generativ orqanları ballı ifrazatla örtüldüyündən orada his göbələkləri inkişaf edir. Yaxud göbələk ağcaqanadları ilə zədələnmələr kök çürüklüyü xəstəliyinin meydana gəlməsi və bitkinin quruması ilə nəticələnir. Sonda bitki inkişafdan qalır, məhsul kəmiyyət və keyfiyyətə dəyərini itirir. İdxal və ixrac üçün tam yararsız olur.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat materialı kimi bitkilər üzərində rast gəlinən əsas zərərverici həşəratlardan (göbələk ağcaqanadları, mənənələr, ilbizlər), onların törətdiyi patoloji dəyişikliklər olan nümunələrdən (yarpaq, kök, gövdə, budaq, meyvə və s.) istifadə olunmuşdur. Zərərvericilər müşahidə baxış metodu ilə, həşəratların bitki orqanlarında yaratdığı patologiyalar isə MBC-10 (istehsalçı KOMZ) mikroskopundan istifadə etməklə təyin olunmuş və bu istiqamətdə aparılmış elmi tədqiqat işlərinə istinad olunmuşdur (Srinivasan et al., 2017; Daymond, 2025; Pikuşova et al., 2013; Pradeep, 2020; Korkmaz, 2025; Sadigova, 2025).

Tədqiqat işi istixana şəraitində aparılmaqla, 2024-2025-ci illəri əhatə etmişdir. Təcrübə sahəsində bitkilər 2 qrupa bölünmüşdür. Hər qrupda 3 viol (hər violda 106 bitki) və 3 təkrar üzrə

müşahidə işləri aparılmışdır. Hər 2 qrup üzrə nəzarət variantı olaraq daim müşahidə altında olan yoluxmamış bitkilər, təcrübə variantı olaraq zərərvericilərlə yoluxmuş bitkilər götürülmüşdür. Qiymətləndirmə yarpaqlarda saralma (xlroz) və deformasiya, yarpaq səthinin sahəsində itki, gövdə və kökdə zədələnmə, fotosintez intensivliyi (yarpaq səthinin vizual qiymətləndirilməsi) kimi əlamətlərə görə aparılmışdır. Alınan nəticələr tədqiqat müddətində əldə olunmuş orta göstəricilər əsasında müqayisə edilərək nəticələr faizlə qiymətləndirilmişdir.

TƏDQIQATIN MƏQSƏDİ

Təqdim olunan işin əsas məqsədi sorucu və yarpaqyeyən (gəmirici) zərərverici həşəratların bitki orqanlarında yaratdığı morfoloji və fizioloji patologiyaları eksperimental şəraitdə öyrənmək və onların standart əkin materialı çıxımına təsirini qiymətləndirməkdir. Bu baxımdan mövcud tədqiqatların əksəriyyəti müşahidə xarakteri daşdığından, eksperimental şəraitdə aparılan tədqiqatlar zərərvericilərin real təsir mexanizmini daha dəqiq təyin etməyə imkan verir.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Tədqiqat işi istixana şəraitində gilə bitkisi üçün hazırlanan Maksima 9 əkin materialı üzərində aparılmışdır. Tədqiqatın obyektini kimi bitkilərdə morfoloji və fizioloji patologiyalara daha çox səbəb olan sorucu zərərvericilərdən albalı mənənəsi (*Myzus cerasi*), torpaq zərərvericilərindən göbələk ağcaqanadları (*Bradysia spp.*) və ilbizlər (*Discus rotundatus*, *Succinea putris*, *Milax gagates*) seçilmişdir.

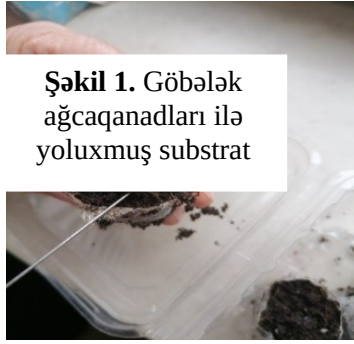
İlkin olaraq göbələk ağcaqanadlarının bitki orqanlarına təsiri izlənilmiş və müşahidələrin nəticəsi 1 saylı cədvəldə qeyd olunmuşdur.

Cədvəl 1.

Göbələk ağcaqanadlarının bitki orqanlarına təsiri

Göstəricilər	Nəzarət variantı (sağlam bitkilər)	Təcrübə variantı (yoluxmuş bitkilər)	Bitkinin biometrik ölçülərində dəyişmə
Yarpaq səthi (sm ²)	25±5	5	-20
Bitki boyu (sm)	15	5	-10
Kök zədələnməsi (%)	100	50	-50
Gövdə zədələnməsi (%)	95	53	-42
Standart əkin materialı (%)	98	50	-48

Cədvəldən (1) göründüyü kimi göbələk ağcaqanadları ilə yoluxmuş bitkilərin bütün biometrik ölçüləri nəzarət variantı ilə müqayisədə əhəmiyyətli dərəcədə azalmışdır. Bitkilərdə müşahidə olunan gövdə və kök patologiyaları substratda yaşayan ağcaqanad sürfələri tərəfindən zədələnmə nəticəsində bitkilərin solması və boy artımının zəifləməsi ilə müşahidə olunmuşdur. Azalma yarpaq səthinin sahəsində 20 sm², bitkilərin boyunda 10 sm, kök sistemində 50%, gövdə zədələnməsində 42% təşkil etmişdir. Nəticədə bitkinin kök və gövdəsinin göbələk ağcaqanadlarının sürfələrinin təsirinə məruz qalması səbəbindən (Şəkil 1, Şəkil 2, Şəkil 3) standart əkin materialı çıxımı 48% az olunmuşdur. Göründüyü kimi bitkilərin kök və gövdəsinə birbaşa zərər qidalanan sürfələr tərəfindən törədilmişdir. Alınmış bu nəticə Duarte (2022) və onun digər həmkarlarının aldığı nəticə ilə uyğunluq təşkil etmişdir.



Şəkil 1. Göbələk ağcaqanadları ilə yoluxmuş substrat



Şəkil 2. Göbələk ağcaqanadları tərəfindən kök sistemi itirilmiş bitkilər



Şəkil 5. Yarpaq səthi və gövdəsi ilbizlər tərəfindən yeyilmiş bitkilər və standart əkin materialı çıxımına zərərvericinin təsiri

İlbizlərin bitki orqanlarında əmələ gətirdiyi patalogiyalar isə ən çox yarpaqların, gövdənin, boyun tərə hissəsinin (Şəkil 4, yeyilməsi ilə müşahidə nəticəsi 2 sayılı sadvəldə qeyd

İlbizlərin bitki orqanlarının inkişafına təsiri

Cədvəl 2.

Göstəricilər	Nəzarət variantı (sağlam bitkilər)	Təcrübə variantı (yoluxmuş bitkilər)	Bitkinin biometrik ölçülərində dəyişmə
Yarpaq səthi (sm ²)	18±2	11	-9
Bitki boyu (sm)	17	12	-8
Gövdə zədələnməsi (%)	93	56	-37
Kök zədələnməsi (%)	88	65	-23
Standart əkin materialı (%)	98	70	-28

İlbizlərin (cədvəl 2) bitki orqanlarının inkişafına təsiri araşdırılarkən məlum oldu ki, təcrübə variantında nəzarət variantı ilə müqayisədə yarpaq səthinin sahəsində 9 sm² və bitkinin boy göstəricisində 8 sm azalma baş vermişdir. İlbizlər tərəfindən gövdənin zədələnməsi 37% təşkil etmişdir. Yarpaq səthinin sahəsində baş verən itki (50%) və gövdənin zədələnməsi, fotosintezin və boy artımının zəifləməsi ilə nəticələndiyindən standart əkin materialı çıxımında 28% azalma qeydə alınmışdır.



Şəkil 4. İlbizlərin yarpaq səthində əmələ gətirdiyi lokal xarakterli deşiklər



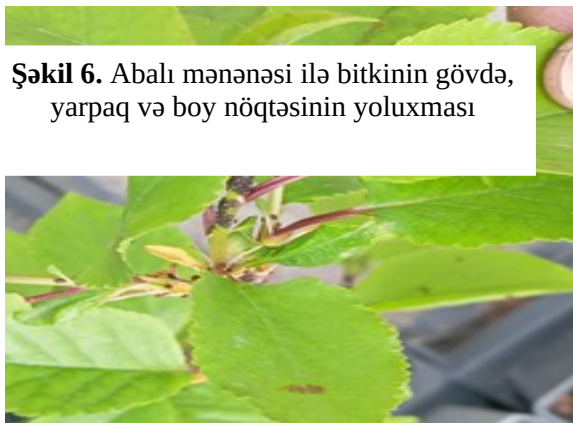
Şəkil 5. Yarpaq səthi və gövdəsi ilbizlər tərəfindən yeyilmiş bitkilər və standart əkin materialı çıxımına zərərvericinin təsiri

Albalı mənənəsinin bitki orqanında yaratdığı patalogiyalar yarpaqların və 1 illik zoğun qıvrılması, yarpaqlarda saralma (xloroz), yarpaq səthinin azalması, boy nöqtəsinin ölməsi və quruması kimi əlamətlərlə müşahidə olunmuşdur. Müşahidələrin nəticəsi 3 sayılı cədvəldə göstərilmişdir.

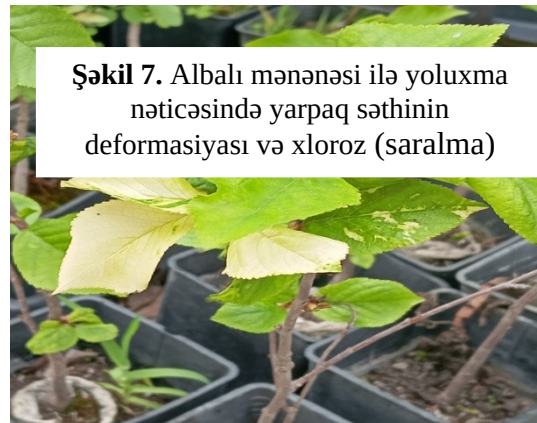
Albalı mənənəsinin bitki orqanlarının inkişafına təsiri

Göstəricilər	Nəzarət variantı (sağlam bitkilər)	Təcrübə variantı (yoluxmuş bitkilər)	Bitkinin biometrik ölçülərində dəyişmə
Yarpaq səthi (sm ²)	25±3	15	-10
Bitki boyu (sm)	30	15	-15
Yarpaq səthində saralma (xlorozlu yarpaqlar) (%)	5	35	+30
Standart əkin materialı (%)	94	60	-34

Cədvəldən (3) görüldüyü kimi albalı mənənəsi ilə sirayətlənmənin bitki orqanlarının inkişafına təsiri nəticəsində bitkinin biometrik ölçülərində nəzarət variantı ilə müqayisədə yarpaq səthinin sahəsində 10 sm², bitkinin boyunda 15 sm azalma, xlorozlu yarpaqların miqdarında isə 30% artım qeydə alınmışdır. Nəticədə albalı mənənəsinin törətdiyi patologiyalar yarpaqlarda qıvrılma, xloroz (saralma), boyun inkişafdan qalması və boy nöqtəsinin quruması (Şəkil 6, Şəkil 7) kimi əlamətlərlə müşahidə olunduğundan standart calaqaaltı əkin materialı çıxımı 34% azalmışdır. Alınan eksperimental nəticələr əvvəlki tədqiqatçıların aldığı [Aliyev, 2018; Alford, 2014; Pedigo, 2014; Daymond, 2015] nəticələr ilə uyğunluq təşkil etmişdir.



Şəkil 6. Albalı mənənəsi ilə bitkinin gövdə, yarpaq və boy nöqtəsinin yoluxması



Şəkil 7. Albalı mənənəsi ilə yoluxma nəticəsində yarpaq səthinin deformasiyası və xloroz (saralma)

PRAKTİKİ NƏTİCƏLƏR

Yarpaq səthinin sahəsində, bitki hündürlüyündə, kökdə və standart əkin materialı məhsuldarlığında müşahidə olunan əhəmiyyətli azalmalar göstərir ki, hətta orta dərəcədə zərərvericilərin yoluxması belə istehsal səmərəliliyini əhəmiyyətli dərəcədə poza bilər.

Torpaqda yaşayan zərərvericilərin, xüsusən də göbələk ağcaqanadlarının erkən aşkarlanması və monitorinqi kök sisteminin zədələnməsinin və istehsal üçün nəzərdə tutulmuş bitkinin sayının azalmasının qarşısını almaq üçün vacibdir. Substrat şəraitinin müntəzəm yoxlanılması, bioloji nəzarət vasitələrinin tətbiqi və optimal suvarma idarəetməsinin saxlanması sürfə inkişafını və əlaqəli kök zədələnmələrini əhəmiyyətli dərəcədə azalda bilər.

Albalı bitini (*Myzus cerasi*) kimi əmici zərərvericilərin idarə edilməsi fotosintetik cəhətdən aktiv səth sahəsini qorumaq və apikal meristem zədələnməsinin qarşısını almaq üçün vacibdir.

Eynilə, yarpaq toxumasının itirilməsinin və vegetativ böyümənin qarşısını almaq üçün mollyusk populyasiyalarının idarə edilməsi də çox vacibdir.

Nəticələr yüksək keyfiyyətli və bazara yararlı əkin materialı istehsalını təmin etmək üçün inteqrasiya olunmuş zərərvericilərin idarə edilməsi (İMİ) proqramları daxilində profilaktik

monitorinqin, bioloji nəzarət metodlarının və ekoloji cəhətdən davamlı zərərvericilərin idarə edilməsi strategiyalarının inteqrasiyasını dəstəkləyir.

NƏTİCƏ

Ekspərimental tədqiqatların təhlili göstərir ki, zərərverici həşəratların təsiri altında bitkilərdə morfoloji və fizioloji patologiyalar yaranır və bu dəyişikliklər standart əkin materialı çıxımına mənfi təsir göstərir. Sorucu zərərvericilər (mənənələr) fotosintez səthini azaldır. Torpaq zərərvericiləri isə (ilbizlər, göbələk ağcaqanadları) vegetativ inkişafı zəiflədir, məhsulun (əkin materialının) kəmiyyət və keyfiyyətinin azalmasına səbəb olur. Bu göstəricilər zərərverici həşəratların bitki orqanlarında yaratdığı patologiyaların **kompleks və sistemli xarakter daşdığı**mı sübut edir. Bu isə zərərverici həşəratlara qarşı kimyəvi insektisidlərə davamlı, ekoloji cəhətdən təmiz alternativ metodlara üstünlük verilməsini və inteqrir mübarizə strategiyalarının tətbiqinin vacibliyini elmi cəhətdən əsaslandırır (Metcalf, 2008; Korkmaz, 2025).

ƏDƏBİYYAT

- Aliyev R.A.** Zərərli həşəratların meyvə bitkilərinə təsiri. *Azərbaycan Aqrar Elmi Jurnalı*. 2018; (3), 45–52 [Aliyev, R. A. The impact of harmful insects on fruit plants. *Azerbaijan Aqrara Elmi Jurnalı =Azerbaijan Agricultural Scientific Journal*, 2018;(3), 45–52. (in Azerbaijani)]
- Sadiqova N.** Göbələk ağcaqanadları (Mycetophilidae). Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyinin Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun materialları, 2025;14(1),75–83. <https://doi.org/10.61642/20259> [Sadigova, N. Mushroom mosquitoes (Mycetophilidae). *Proceedings of the Institute of Genetic Resources of the Ministry of Science Education, Republic of Azerbaijan*, 2025;14(1), 75–83. <https://doi.org/10.61642/20259> (in Azerbaijani)]
- Арнольди К.В., Арнольди Л.В., Бей-Бийенко Г. Я., Борхсениу Н. С., Криченко Н., Кожанчиков И. В., Никольская М. Н., Попов В., Рихтер А. А., Шапошников Г.Х., Шт. Кельберг А.А.** Определитель насекомых, повреждающих деревья и кустарники полезацитны полос. Москв. Ленинград. 1950;14-15. https://www.zin.ru/publications/fauna_keys/keys_36_bei-bienko_1950.pdf [Arnoldi, K. V., Arnoldi, L. V., Bei-Bienko, G. Y., Borchsenius, N. S., Krichenko, N., Kozhanchikov, I. V., Nikolskaya, M. N., Popov, V., Richter, A. A., Shaposhnikov, G. X., & Kelberg, A. A. (1950). *Key to insects damaging trees and shrubs*. Moscow–Leningrad. 1950;14-15 (in Russian)]
- Пикушова Э.А., Анцупова Т.Е., Девяткин А.М.** Определитель вредителей сельскохозяйственных культур по повреждениям растений для юга России. ФГБОУ ВПО «Кубанский государственный аграрный университет», Краснодар, 2013;128. <https://kubsau.ru/upload/iblock/f1b/... Pdf> [Pikushova, E. A., Antsupova, T. E., & Devyatkin, A. M. *Pest identification by plant damage for southern Russia*. Kuban State Agrarian University, Krasnodar. 2013;128. <https://kubsau.ru/upload/iblock/f1b/...pdf> (In Russian)]
- Взаимосвязь насекомых с растениями, типы повреждений.**72. 14 сент. 2019, <https://studfile.net/preview/9298021/page:56/>. [Relationship between insects and plants: Types of damage. (2019). Studfile.net. <https://studfile.net/preview/9298021/page:56/>] [In Russian]
- Alford D.V.** *Pests of fruit crops: A color handbook*. 2014;461 . London, UK: CRC Press.
- Daymond, A. C.** *Ecology of fungus gnats (Bradysia spp.) in greenhouse production systems associated with disease interactions and alternative management strategies*. Department of Entomology, Kansas State University, Manhattan, KS. 2015;6(2), 325-332
- Dent D.R., Binks R.H.** *Insect pest management*. 3rd ed. Wallingford: CABI, 2020;586. <https://dokumen.pub/insect-pest-management-3nbsped-1789241057-9781789241051.html>
- Duarte A.F., Duarte J.L.F., Grinberg P.S., Cunha U.S.** *Bradysia aff. Impatiens and Bradysia aff. ocellaris in semi-hydroponic strawberry production system in Southern Brazil*. *Ciência Rural*, 2022;52(7), 1–8. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20210268>

- Korkmaz Y. B.** Evaluation of bacterial strains as a sustainable approach for control of *Myzus cerasi* (F.) (Hemiptera: Aphididae) under laboratory and field conditions. Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Atatürk University, Erzurum, Türkiye. *Insects*, 2025;16(8), 1–12. <https://doi.org/10.3390/insects16080857>
- Kumar P.** A review on molluscs as an agricultural pest and their control. *International Journal of Food Science and Agriculture*, 2020;4(4), 383–389.
- Metcalf R.L., Metcalf R.A., Luckmann W.H.** *Introduction to insect pest management*. New York, NY: Wiley.2008;689.
- Pedigo L.P., Rice M.E.** *Entomology and pest management*. 2014;784. Long Grove, IL: Waveland Press.
- Srinivasan M.R., Kishan Tej M.** Insect pests of field crops and their management. Coimbatore: Department of Agricultural Entomology, 2017;139-181. TNAU. <https://agritech.tnau.ac.in/pdf/6.pdf>
- Somera A., Francielly R.G., Angelita L.S.L., Ragagnin A., Nunes S.N. et al.** Fungus gnats (*Diptera: Sciaridae*) damage the desert rose (*Adenium obesum*) crop in Jataí–Goiás, Brazil. *Ciência Rural*, 2024;54(11). <https://www.scielo.br/j/cr/a/...>
- Van Emden H. F., Harrington R.** *Aphids as crop pests*. 717 p. Wallingford, UK: CABI. 2017

ПАТОЛОГИИ РАСТЕНИЙ ВЫЗЫВАЕМЫЕ НАСЕКОМЫМИ

Садыгова Нардан

Научно-исследовательский институт плодоводства и чаеводства
Министерства сельского хозяйства Азербайджанской Республики

В данном исследовании представлена экспериментальная оценка морфологических и физиологических изменений, вызванных насекомыми-вредителями в органах растений в условиях теплицы. Исследование проводилось на посадочном материале сорта Maxima 9, выращенном для черешни в тепличных условиях, и оценивалось влияние сосущих (тля), листогрызущих (улитки) и почвенных (грибные комарики) вредителей на развитие растений. Патологии стеблей и корней, наблюдаемые у растений в ходе исследования, проявлялись в виде увядания и ослабления роста растений в результате повреждения корневой системы растений, зараженных почвенными вредителями. В результате было зафиксировано уменьшение площади листовой поверхности на 20 см², уменьшение высоты растения на 10 см, уменьшение корневой системы на 50% и уменьшение повреждений стебля на 42% вследствие воздействия личинок грибных комариков. Из-за воздействия личинок грибных комариков на корни и стебли растений урожайность стандартного посадочного материала в экспериментальном варианте снизилась на 48% по сравнению с контрольным вариантом. В результате воздействия вишневой тли на развитие органов растений было зафиксировано уменьшение площади листовой поверхности на 10 см², уменьшение высоты растений на 15 см и увеличение количества хлоротичных листьев на 30%. В результате наблюдались патологии, вызванные вишневой тлей, проявляющиеся такими симптомами, как скручивание листьев, хлороз (пожелтение), замедление роста и высыхание в верхней точке, что привело к снижению урожайности стандартного посадочного материала на 34%. В результате воздействия улиток (2) на развитие органов растений произошло уменьшение площади листовой поверхности на 9 см² и уменьшение высоты растений на 8 см. Поскольку потеря площади листовой поверхности (50%) и повреждение стеблей улитками привели к ослаблению фотосинтеза и роста в высоту, было зафиксировано снижение урожайности стандартного посадочного материала на 28%. Эти результаты показывают, что патологии, вызываемые насекомыми, имеют системный и многофакторный эффект. Как видно, вредители не только напрямую влияют на морфологию и физиологию растений, но и оказывают значительное негативное воздействие на эффективность производства в садоводстве.

Ключевые слова: насекомые-вредители, патологии растений, морфологические изменения, физиологические расстройства, посадочный материал

PLANT PATHOLOGIES CAUSED BY INSECTS

Sadigova Nardan

*Scientific Research Institute of Fruit and Tea Growing,
Ministry of Agriculture of the Republic of Azerbaijan*

This study presents an experimental assessment of morphological and physiological changes caused by insect pests in plant organs under greenhouse conditions. The study was conducted on Maxima 9 planting material cultivated for cherry plants under greenhouse conditions, and the effects of sucking (aphids), leaf-eating (snails), and soil-borne (fungus gnats) pests on plant development were evaluated. During the study, we observed stem and root pathologies in plants, including wilting and a decline in growth due to damage to their root systems caused by soil pests. As a result, a 20 cm² decrease in leaf surface area, a 10 cm decrease in plant height, a 50% decrease in root system, and a 42% decrease in stem damage were recorded due to the effect of fungus gnat larvae. Exposure of plant roots and stems to fungus gnat larvae reduced the standard yield of planting material in the experimental variant by 48% compared to the control variant. The cherry aphid infestation significantly impacted the development of plant organs, resulting in a decrease of 10 cm² in leaf surface area, a reduction of 15 cm in plant height, and a 30% increase in the number of chlorotic leaves. The cherry aphid caused pathologies that resulted in symptoms such as leaf curling, chlorosis (yellowing), stunted growth, and the drying of the growing point, leading to a 34% decrease in standard planting material yield. As a result of the impact of snails (2) on the development of plant organs, a 9 cm² decrease in leaf surface area and an 8 cm decrease in plant height occurred. As the loss of leaf surface area (50%) and stem damage by snails resulted in a weakening of photosynthesis and height growth, a 28% decrease in standard planting material yield was recorded. These results show that the pathologies caused by insects have a systemic and multifactorial effect. As can be seen, pests not only directly affect plant morphology and physiology, but also have a significant negative impact on the efficiency of production in horticulture.

Keywords: *insect pests, plant pathologies, morphological changes, physiological disorders, planting material*

Çapa təqdim etmişdir: *Cəbrayıl Təzəxan oğlu Ağayev, a.e.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *18.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *16.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *17.04.2026*

II. GENETİKA və GENOMİKA | GENETICS and GENOMICS

UOT 577.21; 577.214; 577.214.43

EUKARIOTLARDA XIMER RNT VƏ ZÜLALLAR

AYSEL ƏLİYEVƏ¹, LALƏ MƏMMƏDOVA¹, FİDAN YUSİFOVA¹, ƏMİNƏ ABDULƏZİMOVA¹,
AZADƏ ŞAHMURADOVA², İLHAM ŞAHMURADOV^{2*}

¹ Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Molekulyar Biologiya İnstitutu, Bakı ş., AZ1073, İzzət Nəbiyev küç.,11

² Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş., AZ 1106, Azadlıq pr. 155
ilhambaku@gmail.com

Ximer RNT-lər müxtəlif genlərin nukleotid ardıcılıqları əsasında yaranan transkriptlərdir. Uzun müddət belə hesab olunurdu ki, həmin RNT-lər xromosomlarda baş verən yenidənqurmalar nəticəsində müxtəlif genlərin birləşməsi və daha sonra transkripsiyasından törənirlər. Lakin bütöv genomların oxunması və tədqiqi göstərmişdir ki, eyni xromosomda və eyni istiqamətdə - “Quyruq-Baş” (Q-B) yerləşmiş qonşu genlərdən birinin transkripsiyasının dayanmaması və növbəti geni də əhatə etməsi, daha sonra həmin ilkin transkriptdə genlərarası splayinq nəticəsində də ximer RNT-lər yarana bilər. Belə transkriptlər transkripsiya ilə induksiya olunan ximer (TİX) RNT-lər adlanır. Həmin transkriptlərin translyasiyası isə ximer zülallar törədə bilər. Həm insan və heyvanlarda, həm də bitkilərdə aşkar olunmuş TİX-lərin yaranma miqyası və tənzimləyiciləri haqqında biliklər azdır. Bəzi nəticələri təqdim olunan bu işin məqsədi bəzi məməlilərdə və ali bitkilərdə yaxın qonşu Q-B gen cütlərini müxtəlif genomlarda yayılma miqyasını və onlardan TİX RNT-lərin törənməsi potensialını qiymətləndirmək olmuşdur. 5 məməli orqanizmin (insan, Rezus meymunu, şimpanze, ev siçanı və Norveç siçovul) və 6 bitkinin (soya, qara qovaq, qara yonca, tomat, şərab üzümü və qarğıdalı) nüvə genomunda TİX RNT-lərin törənməsi mümkün olan yaxın qonşu (qismən kəşişən yaxud kəşişməyən, lakin maksimum 300 nukleotid cütü məsafədə yerləşən) Q-B gen cütlərinin axtarışı həyata keçirilmişdir. Axtarışda tam kəşişən (biri bütövlüklə digərinin daxilində yerləşən) gen cütləri nəzərə alınmamışdır. Aşkar olunmuşdur ki, həmin genomların hər birində minlərlə (növdən asılı olaraq, təxminən 9000-dən 20000-ə qədər) Q-B gen cütləri, o cümlədən yüzlərlə yaxın qonşu Q-B gen cütləri mövcuddur. Tədqiq olunmuş məməli orqanizmlərin hər birinin genomu yaxın qonşu Q-B gen cütləri ilə zəngindir (400 və daha çox cüt). Bitki genomlarında isə belə gen cütlərinin sayı 116-726 arasında dəyişir və o cümlədən qara qovaq və qara yoncanın annotasiya olunmuş genləri arasında müvafiq surətdə 116 və 117 belə cüt vardır. Yaxın qonşu Q-B gen cütlərinin nümunələri, onlar üzrə bitkilər arasında müşahidə olunan fərqi mümkün səbəbləri məqalədə müzakirə olunur.

Açar sözlər: genom, zülal kodlaşdıran genlər, mRNT, “Quyruq-Baş” (Q-B) genlər, transkripsiya, transkripsiya ilə induksiya olunan ximer (TİX) RNT-lər

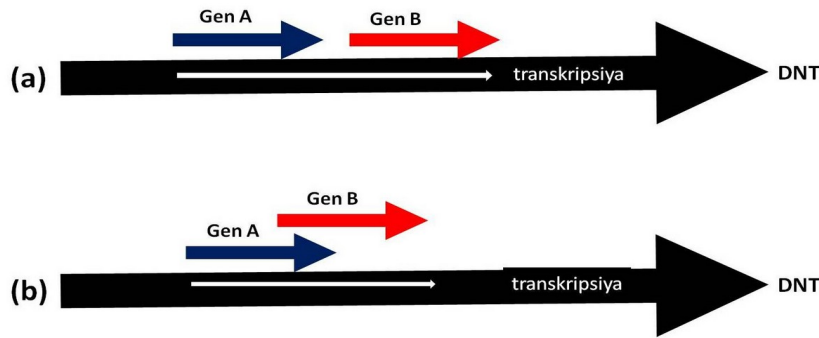
GİRİŞ

Ximer RNT-lər müxtəlif genlərin nukleotid ardıcılıqları əsasında yaranan transkriptlərdir (Shahmuradov et al., 2010; xülasə üçün bax: Elfman and Li, 2018). Ximer RNT-lərin yaranmasının 2 yolu məlumdur: (1) xromosomlarda baş verən yenidənqurmalar nəticəsində müxtəlif genlərin birləşməsi (*fusion*) və onların sonrakı transkripsiyası; (2) eyni xromosomda “Quyruq-Baş” (Q-B) yerləşmiş eyni istiqamətli qonşu genlərdən birinin transkripsiyasının dayanmaması və növbəti geni də əhatə etməsi, yaranan transkriptdə genlərarası splayinq. 2-ci yolla yaranan ximer transkriptlər transkripsiya ilə induksiya olunan ximer (TİX) RNT-lər adlanır. Həmin transkriptlərin translyasiyası isə ximer zülallar törədə bilər (Şəkil 1).

<https://doi.org/10.61642/202621>

2

Available online 10 June 2026



Şəkil 1. Yaxın qonşu yaxud qismən kəsişən Q-B genlərin birgə transkripsiyası nəticəsində TİX transkriptlərin törənməsinin ümumi sxemi.

Geniş yayılmasına baxmayaraq, bu prosesin tənzimləyiciləri haqqında məlumatlar çox deyildir. Ximer transkriptlər yalnız ayrı-ayrı hallarda funksional zülallara translyasiya olunurlar. Ximer RNT-lər özlərini daha çox xəstəliklərin yaranmasında və onların fenotipində biruzə verirlər. (Duc et al., 2013; Li, Qin and Li, 2018; Elfman and Li, 2018).

Transkripsiya ilə İnduksiya olunan Ximer (TİX) RNT-lər həm insanda (Akiva et al 2006; Parra et al 2006), həm də bitkilərdə (Thimmapuram et al., 2005; Nakamura et al 2007; Muralla et al., 2008; Şahmuradov et al., 2010) tapılmışdır. Deməli, Q-B qonşu genlər nə qədər yaxın olarsa, bir o qədər böyük ehtimalla onların TİX RNT-lərinin yarana biləcəyini gözləmək olar.

Bəzi nəticələri aşağıda təqdim olunan bu işin məqsədi insan, bəzi məməlilərdə və ali bitkilərdə eyni istiqamətli və yaxın qonşu gen cütlərinin genom miqyasında müəyyənləşdirmək və həmin genomların transkripsiya ilə induksiya olunan ximer RNT-lərin törənmə potensialını müqayisəli surətdə qiymətləndirmək olmuşdur.

MATERIAL VƏ METODLAR

İnsan və 4 digər məməli növün (Rezus meymunu, şimpanze, ev siçanı və adi siçovul), həmçinin 6 ali bitkinin (soya, qara yonca, qara qovaq, tomat, şərab üzümü və qarğıdalı; Cədvəl 1) annotasiya olunmuş referans nüvə genomlarında Q-B yerləşən gen cütlərinin axtarışı **T2Han** kompüter proqramı (İlham Şahmuradov, çap olunmayıb) vasitəsi ilə həyata keçirilmişdir. Hər qenomun xromosomlar üzrə annotasiyası əsasında, yalnız zülal kodlaşdıran genlər nəzərə alınmaqla, (1) bütün Q-B gen cütləri, (2) kəsişməyən Q-B gen cütləri, (3) qismən kəsişən Q-B gen cütləri və (4) biri tamamilə digərinin daxilində yerləşən Q-B gen cütləri müəyyənləşdirilmişdir. Əgər hansısa Q-B cütünün cütləri (a) qismən kəsişirsə yaxud (b) kəsişmir, lakin onlar arasındakı məsafə 300 nukleotid cütündən çox deyilsə, belə hesab olunmuşdur ki, həmin Q-B cütü TİX transkript törətmək potensialına malikdir. Tam kəsişən, yəni biri bütövlüklə digərinin daxilində yerləşən gen cütləri nəzərə alınmamışdır.

Cədvəl 1.

Tədqiqat üçün seçilmiş orqanizmlər

Orqanizm	Nüvə genomunun annotasiya linki
İnsan, <i>Homo sapiens</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/genome/guide/human/index.shtml
Rezus meymunu, <i>Macaca mulatta</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Macaca+mulatta+genome
Şimpanze, <i>Pan troglodytes</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=pan+troglydotes%5Borgn%5D
Ev siçanı, <i>Mus musculus</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Mus+musculus

Norveç siçovulu, <i>Rattus norvegicus</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Rattus+norvegicus
Soya, <i>Glycine max</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Glycine+max
Qara yonca, <i>Medicago truncatula</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Medicago+truncatula
Qara qovaq, <i>Populus trichocarpa</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Populus+trichocarpa
Tomat, <i>Solanum lycopersicum</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Solanum+lycopersicum
Şərab üzümü, <i>Vitis vinifera</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Vitis+vinifera
Qarğıdalı, <i>Zea mays</i>	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Zea+mays%5D

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Bu analizin yekun nəticələri Cədvəl 2-də verilmişdir. Analiz olunmuş genomların hər birində Q-B gen cütlərinin ümumi sayı təxminən 9700-19900, yaxın qonşu yaxud qismən kəsişən Q-B gen cütlərinin sayı təxminən 100-640 intervalında dəyişir (Cədvəl 2). 11 orqanizmdə yaxın ($d \leq 300$ nc) qonşu Q-B cütlərin genləri arasında məsafələrin paylanması şəkil 3-də verilmişdir. Belə görünür ki, bu genomların hər birində ximer transkript törətmək potensialına malik Q-B gen cütləri vardır. Burada xüsusi qeyd etmək lazımdır ki, qismən kəsişən gen cütlərinin alternativ – ximer mRNT-lərə transkripsiya olunması, demək olar ki, labüddür.

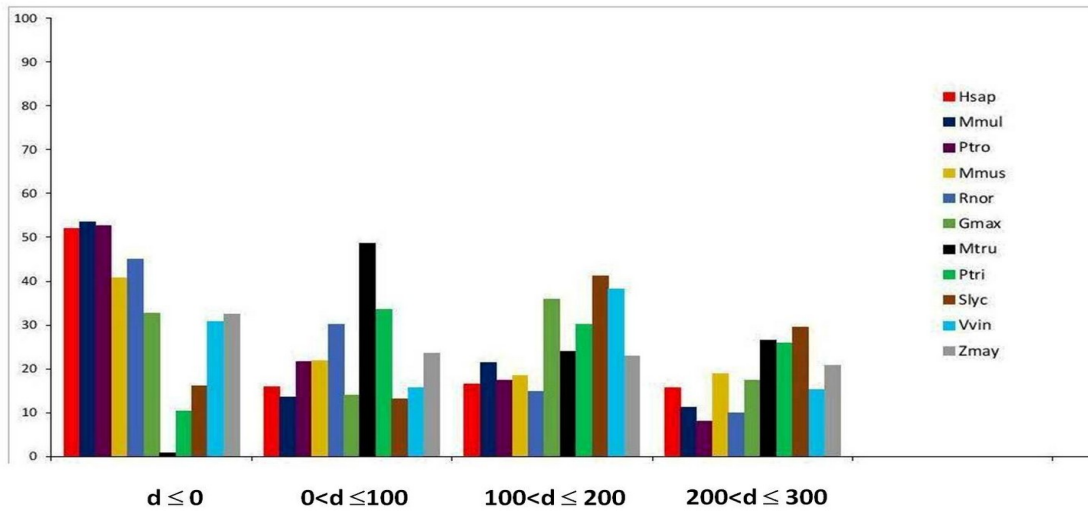
Tədqiq olunmuş məməli orqanizmlərin hər birinin genomu yaxın qonşu Q-B gen cütləri ilə zəngindir (400 və daha çox cüt). Bitki genomlarında isə belə gen cütlərinin sayı 116-726 arasında dəyişir. Həmin bitkilər arasında qara qovaq və qara yoncanın annotasiya olunmuş genləri arasında müvafiq surətdə 116 və 117 belə cüt vardır.

Cədvəl 2.

5 məməli və 6 ali bitki növünün genomlarında Q-B gen cütləri üzrə əsas göstəricilər

	Zülal genləri, cəmi	Q-B genlər				
		Cəmi	$d \leq 300$ və kəsişməyən	Qismən kəsişən	Tam kəsişən	$d \leq 300$ yaxud qismən kəsişən
<i>H. sapiens</i>	19559	9717	215	233	113	448
<i>M. mulatta</i>	20985	10345	242	278	167	520
<i>P. troglodytes</i>	21027	10390	343	383	212	726
<i>M. musculus</i>	21633	11276	263	181	85	444
<i>R. norvegicus</i> *	22231	11773	327	268	177	595
<i>G. max</i> *	38494	19926	283	137	36	420
<i>M. truncatula</i> *	19901	10495	116	1	1	117
<i>P. trichocarpa</i> *	20000	10343	104	12	6	116
<i>S. lycopersicum</i> *	20833	10789	318	61	10	379
<i>V. vinifera</i> *	20005	10752	358	159	88	517
<i>Z. mays</i> *	30617	15452	436	211	91	647

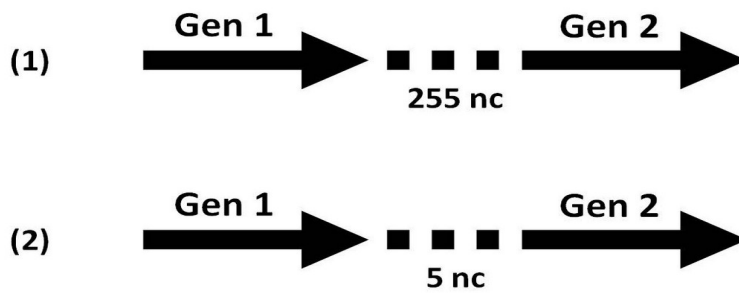
* Bu orqanizmlərin annotasiya olunmuş zülal genlərinin sayı Cədvəldə göstəriləndən çoxdur. Lakin bir çox genin 5'-TOR-u məlum olmadığından onların 5'-sərhədi, təxminən də olsa, məlum deyildir. Hesablamalarda belə genlər nəzərə alınmayıb.



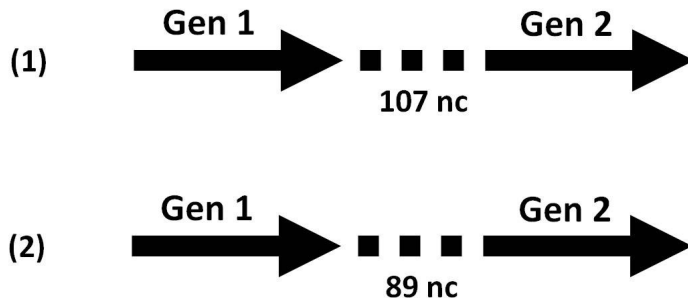
Şəkil 2. 11 orqanizmdə yaxın ($d \leq 300$ nc) qonşu Q-B cütlərin genləri arasında məsafələrin paylanması. Hsap – *Homo sapiens*, Mmul - *Macaca mulatta*, Ptro - *Pan troglodytes*, Mmus – *Mus musculus*, Rnor - *Rattus norvegicus*, Gmax - *Glycine max*, Mtru - *Medicago truncatula*, Ptri - *Rattus norvegicus*, Slyc - *Solanum lycopersicum*, Vvin - *Vitis vinifera*, Zmay - *Zea mays*. D – cütün genləri arasında məsafə.



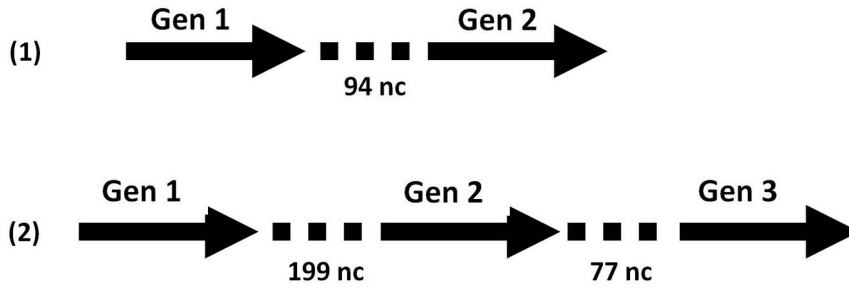
Şəkil 3. İnsanın (*Homo sapiens*) X xromosomunda Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: N-alfa-asetiltransferaza 10 zülalının 3-cü izoformasının kodlaşdıran *NAA10* və N-asilqlukozamin 2-epimeraza zülalını kodlaşdıran *RENBP* genləri (genlərarası məsafə: 109 nc).



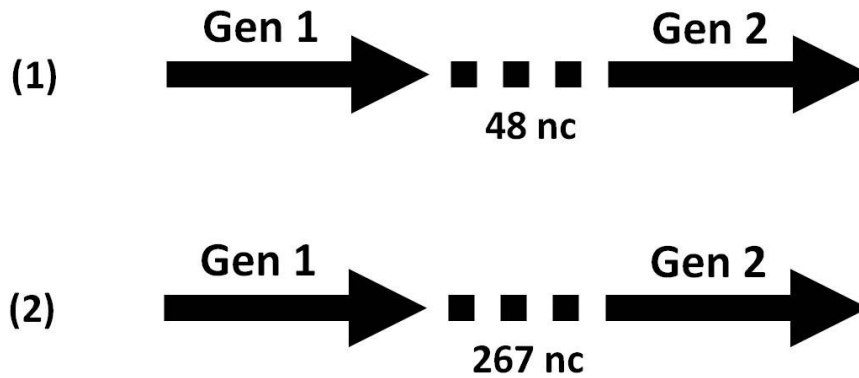
Şəkil 4. Rezus (*Macaca mulatta*) meymununun müvafiq surətdə 1-ci və 19-cu xromosomlarında Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: (1) laminin zülalının beta-3 subvahidinin X2 izoformasını kodlaşdıran *LAMB3* və G0/G1 çevirici 2 zülalının kodlaşdıran *C1H1orf74* genləri (255 nc); (2) Rab interaktor zülalına oxşar zülalın X1 izoformasını kodlaşdıran *RINL* və NAD-dan asılı protein deasetilaza zülalını kodlaşdıran *SIRT2* genləri (5 nc).



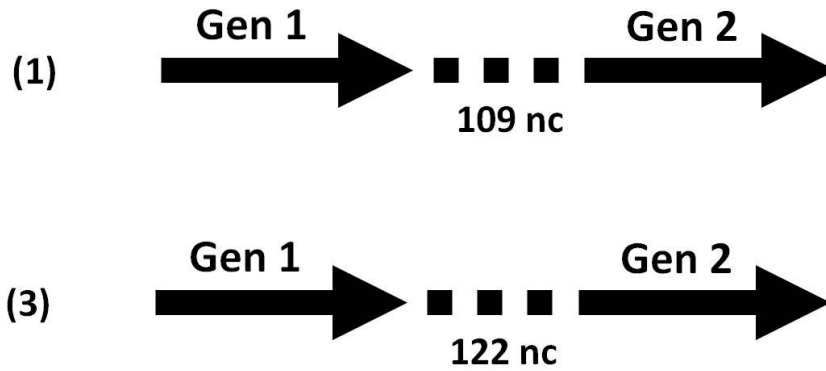
Şəkil 5. Şimpanze (*Pan troglodytes*) meymununun 1-ci xromosomunda Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: (1) alfa-taksilin zülalının X1 izoformasını və spirallaşmış spiral domenli 28 zülalını kodlaşdıran genlər (107 nc); (2) IQ domenli C zülalının X2 izoformasını və ikiqat kortin domenli 2B zülalını kodlaşdıran genlər (89 nc).



Şəkil 6. Soya (*Glycine max*) bitkisinin 5-ci xromosomunda Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: (1) MIZU-KUSSEI 1 zülalına oxşar zülal və Dr1 zülalının homoloqunun X1 izoformasını kodlaşdıran genlər (genlərarası məsafə: 94 nc); (2) fosfolipaza D, ferrodoksin A və transmembran 9 super-ailəsinin 1 sayılı üzvünün X1 izoformasını kodlaşdıran genlər (199 nc, 77 nc).



Şəkil 7. Qara yonca (*Medicago truncatula*) bitkisinin 1-ci xromosomunda Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: (1) DUF295 ailəsindən olan zülal və F-box zülalı kodlaşdıran genlər (48 nc); (2) hər ikisi tirozin-tRNT liqazaya oxşar zülal kodlaşdıran genlər (267 nc).



Şəkil 8. Tomat (*Solanum lycopersicum*) bitkisinin 1-ci xromosomunda Q-B yerləşən bəzi yaxın qonşu genlər: (1) KEG E3 yubikuitin-protein liqaza zülalının X2 izoformasının və transmembran 9 superailəsinin 2-ci üzvünü kodlaşdıran genlər (109 nc); (2) E2 yubikuitin-konyuqasiya fermentinə oxşar zülal və ekstensin-3-ə oxşar zülalın X2 izoformasını kodlaşdıran genlər (122 nc).

Maraqlıdır ki, 2 orqanizmdə (qara yonca və qara qovaq) yaxın Q-B cütlərinin sayı digər növlərlə müqayisədə bir neçə dəfə az görünür. Belə ciddi fərqi səbəb(lər)i nə ola bilər? Fikrimizcə, bu, ən azı, aşağıdakı səbəblərlə bağlı ola bilər.

(1) Həqiqətən də, həmin 2 növdə TİX transkriptlər az yaranır.

(2) Q-B qonşu genlər arasında məsafə 300 nc-dən çox olanda da ximer RNT-lər törənə bilər.

(3) Bu genomların annotasiyalarında genlərin sərhədləri (başlanğıc və sonuc) dəqiq müəyyənləşdirilməmişdir. Bu halda 5'- və 3'-TOR-ları kodlaşdıran əlavə (naməlum) ekzon ekzonlar mövcuddur və həmin ekzonlar da nəzərə alınsa, qonşu genlər arasında məsafə annotasiya olunandan xeyli azdır.

NƏTİCƏ

Belə görünür ki, ən azı, tədqiq olunmuş bütün eukariot orqanizmləri TİX RNT-lər və bəzi hallarda həm də TİX zülallar törətmək potensialına malikdirlər. İndiyədək məlum olan əksər hallarda belə ximer RNT və zülallar hansısa patoloji pozulmalarla bağlıdır. Lakin TİX zülallar orqanizmin normal inkişafı ilə də əlaqəli ola bilər. Bu məsələyə aydınlıq gətirmək təcrübi araşdırmalar tələb olunur. Lakin istənilən halda TİX RNT/zülal fenomeni bir daha ona dəlalət edir ki, genomların ekspressiyasının tənzimlənməsi məsələsi çox mürəkkəbdir.

ƏDƏBİYYAT

Akiva P., Toporik A., Edelheit S., Peretz Y., Diber A., Shemesh R., Novik A., Sorek R. Transcription-mediated gene fusion in the human genome. *Genome Res.* 2006;16:30-36.

Duc C., Sherstnev A., Cole C., Barton G.J., Simpson G.G. Transcription termination and chimeric RNA formation controlled by *Arabidopsis thaliana* FPA. *PLoS Genet.* 2013;9(10):e1003867. DOI 10.1371/journal.pgen.1003867.

Elfman J., Li H. Chimeric RNA in cancer and stem cell differentiation. *Stem Cells Int.* 2018;2018:3178789. DOI 10.1155/2018/3178789.

Li Z., Qin F., Li H. Chimeric RNAs and their implications in cancer. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 2018;48:36-43.

Muralla R., Chen E., Sweeney C., Gray J.A., Dickerman A., Nikolau B.J., Meinke D. A bifunctional locus (BIO3-BIO1) required for biotin biosynthesis in *Arabidopsis*. *Plant Phys.* 2008;146:60-73.

Nakamura Y., Itoh T., Martin W. Rate and polarity of gene fusion and fission in *Oryza sativa* and *Arabidopsis thaliana*. *Mol. Biol. Evol.* 2007;24:110-121.

Parra G., Reymond A., Dabbouseh N., Dermitzakis E.T., Castelo R., Thomson T.M., Antonarakis S.E., Guigó R. Tandem chimerism as a means to increase protein complexity in the human genome. *Genome Res.* 2006;16:37-44.

Shahmuradov I.A., Abdulazimova A.U., Aliyev J.A., Qamar R., Chohan S., Solovyev V.V. Mono- and bi-cistronic chimeric mRNAs in Arabidopsis and rice genomes. *Appl. Comput. Math.* 2010;9:19-33.

ХИМЕРНЫЕ РНК И БЕЛКИ В ЭУКАРИОТАХ

**Айсель Алиева¹, Лала Маммадова¹, Фидан Юсифова¹, Амина Абдулазимова¹,
Азада Шахмурадова², Ильхам Шахмурадов^{2*}**

¹ *Институт молекулярной биологии Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

² *Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Химерные РНК — это транскрипты, образованные из нуклеотидных последовательностей разных генов. Долгое время считалось, что эти РНК возникают в результате слияния разных генов и их последующей транскрипции вследствие перестроек хромосом. Однако секвенирование и анализ целых геномов показали, что химерные РНК могут также образовываться, когда транскрипция одного из соседних генов, расположенных на той же хромосоме и в том же направлении — «хвост к голове» (Х-Г) — не останавливается и включает следующий ген, а затем в результате межгенного сплайсинга в этом исходном транскрипте. Такие транскрипты называются транскрипционно-индуцированными химерными (ТИХ) РНК. Трансляция этих транскриптов может приводить к образованию химерных белков. Мало что известно о масштабах и регуляторах образования ТИХ, которые были обнаружены как у людей и животных, так и у растений. Целью данной работы, некоторые результаты которой представлены здесь, было оценить степень распространения близко расположенных пар генов Х-Г в различных геномах некоторых млекопитающих и высших растений, а также потенциальную возможность генерации ТИХ РНК из них. Был проведен поиск близко расположенных (частично перекрывающихся или неперекрывающихся, но расположенных на максимальном расстоянии в 300 пар нуклеотидов) пар генов Х-Г, из которых можно было бы получить ТИХ РНК, в ядерных геномах 5 млекопитающих (человек, макак-резус, шимпанзе, домовая мышь и норвежская крыса) и 6 растений (soя, черный тополь, черный клевер, томат, виноград и кукуруза). Поиск не учитывал пары генов, которые полностью перекрывались (один расположен полностью внутри другого). Было установлено, что каждый из этих геномов содержит тысячи (в зависимости от вида, от 9000 до 20000) пар генов Х-Г, включая сотни тесно расположенных пар генов Х-Г. Геном каждого из изученных млекопитающих богат тесно расположенными парами генов Х-Г (400 и более пар). В геномах растений количество таких пар генов варьируется от 116 до 726, включая 116 и 117 таких пар среди аннотированных генов черного тополя и черного клевера соответственно. Примеры тесно расположенных пар генов Х-Г и возможные причины наблюдаемых различий между растениями в них обсуждаются в статье.

Ключевые слова: *геном, белок-кодирующие гены, мРНК, гены типа «хвост к голове» (Х-Г), химерные РНК, индуцируемые транскрипцией (ТИХ)*

CHIMERIC RNAS AND PROTEINS IN EUKARYOTES

Aysel Aliyeva¹, Lala Mammadova¹, Fidan Yusifova¹, Amina Abdulazimova¹,
Azada Shahmuradova², İlham Shahmuradov^{2*}

¹ Institute of Molecular Biology, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

² Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

Chimeric RNAs are transcripts formed from the nucleotide sequences of different genes. For a long time, it was believed that these RNAs arise from the fusion of different genes and their subsequent transcription as a result of rearrangements occurring in chromosomes. However, the sequencing and analysis of whole genomes have shown that chimeric RNAs can also be formed when the transcription of one of the neighboring genes located on the same chromosome and in the same direction - "Tail-to-Head" (T2H) does not stop and includes the next gene, and then as a result of intergenic splicing in that initial transcript. Such transcripts are called transcription-induced chimeric (TIC) RNAs. The translation of these transcripts can produce chimeric proteins. Little is known about the scale and regulators of the formation of TICs, which have been found in both humans and animals, as well as plants. The aim of this work, some of the results of which are presented, was to assess the extent of the distribution of closely neighboring T2H gene pairs in different genomes in some mammals and higher plants and the potential for the generation of TIC RNAs from them. A search was conducted for close neighboring (partially overlapping or non-overlapping, but located at a maximum distance of 300 nucleotide pairs) T2H gene pairs from which TIC RNAs could be derived in the nuclear genomes of 5 mammals (human, rhesus monkey, chimpanzee, house mouse, and Norway rat) and 6 plants (soybean, black poplar, black clover, tomato, wine grape, and corn). The search did not take into account gene pairs that were completely overlapping (one is located completely inside the other). It was found that each of these genomes contains thousands (depending on the species, from about 9000 to 20000) T2H gene pairs, including hundreds of closely neighboring T2H gene pairs. The genome of each of the studied mammalian organisms is rich in close-neighboring T2H gene pairs (400 or more pairs). In plant genomes, the number of such gene pairs varies between 116-726, including 116 and 117 such pairs among the annotated genes of black poplar and black clover, respectively. Examples of close-neighboring T2H gene pairs and possible reasons for the observed differences between plants in them are discussed in the paper.

Keywords: genome, protein-coding genes, mRNA, Tail-to-Head (T2H) genes, transcription-induces chimeric (TIC) RNAs

Çapa təqdim etmişdir: Zeynal İba oğlu Əkpərov, AMEA-nın müxbir üzvü, a.e.d, professor

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 13.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 25.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 27.04.2026

UOT: 577.21:577.218

RNA Polymerase II Promoter-Proximal Pausing: Molecular Mechanisms of DSIF–NELF–Mediated Control of Early Elongation

AYTAJ NABIYEVA

Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan
aytacnebi1@gmail.com

Promoter-proximal pausing of RNA Polymerase II (Pol II) is a key regulatory event in metazoan transcription, but its mechanistic underpinnings have been superficially treated in the literature. Pausing is, in essence, the stabilization of a specific early elongation complex by the elongation factors DSIF and NELF, in conjunction with the intrinsic properties of RNA Polymerase II, the nascent RNA, DNA sequence, and chromatin architecture. In this review, we seek to provide a comprehensive mechanistic analysis of RNA Polymerase II pausing, with special emphasis on how DSIF and NELF physically and kinetically reprogram the elongation complex to form a stable, reversible paused complex, and how the release of this paused complex is an irreversible event that marks the onset of productive elongation.

Specifically, we examine the early elongation phase following promoter escape, during which RNA Polymerase II is conformationally dynamic, susceptible to pausing, backtracking, abortive transcription, and abortive translocation, thereby creating an environment that is highly susceptible to regulatory influences that can bias the kinetic balance of the elongation complex towards productive elongation or paused states. We will review how DSIF interacts with both the RNA and various structural elements of the polymerase in a manner that limits polymerase movement, and how this process is further stabilized by the NELF complex in a manner that enforces promoter-proximal pausing. Finally, we will review how phosphorylation-dependent remodelling of the paused polymerase dismantles this checkpoint, linking the release of paused polymerases with cellular signalling, chromatin, and developmental events. This approach will provide a general understanding of promoter-proximal pausing as an "emergent behavior" of the polymerase that is actively regulated by elongation factors in a manner that fine-tunes gene expression in time and space.

Keywords: Pol II pausing, NELF, DSIF, pause release, P-TEFb

INTRODUCTION

Pausing as a Mechanistic Problem

Transcription by Pol II proceeds through a series of biochemically and structurally distinct intermediates. Initiation and termination have traditionally been acknowledged as regulatory nodes; however, the transition from initiation to productive elongation is now recognised as a critical checkpoint. Promoter-proximal pausing is characterised by Pol II initiating transcription and synthesizing a brief RNA, yet struggling to transition effectively into rapid, processive elongation.

From a mechanistic perspective, pausing is not merely characterised as “slow elongation” or as a passive impediment. The early elongation complex is stabilized, with its lifetime extended from seconds to minutes due to specific molecular interactions. A satisfactory model of pausing must explain (i) the intrinsic instability of early elongation, (ii) the selective stabilization of this instability by DSIF and NELF, and (iii) the mechanism of pause release without dismantling the transcription complex.

Early Elongation as an Intrinsically Unstable State

Subsequent to promoter escape, Pol II initiates early elongation while continuing to undergo significant conformational alterations. The transcription bubble is inadequately stabilized, the

<https://doi.org/10.61642/202621>

RNA–DNA hybrid is short, and the clamp and trigger loop exhibit various conformations (Cramer, 2019; Gnatt et al., 2001; Hahn, 2004). Single-molecule and biochemical investigations reveal that Pol II during this phase displays frequent stopping, backtracking, and abortive translocation occurrences (Galburt et al., 2007; Horn et al., 2014; Larson et al., 2012).

The promoter-proximal DNA sequence directly contributes to this instability. GC-rich sequences, asymmetric nucleotide distributions, and patterns that favor pauses enhance the probability of transitory backtracking (Kireeva, Kashlev, 2009; Larson et al., 2014; Pal, Luse, 2003). A single nucleotide backtrack displaces the RNA 3' end from the active site, causing Pol II to become catalytically inactive until realignment or cleavage transpires (Cheung, Cramer, 2011; Kettenberger et al., 2004; Nudler, 2012). In the absence of regulatory considerations, such pauses are transient and swiftly rectified.

DSIF: Molecular Basis of Kinetic Restraint in Early Elongation

DSIF is the first elongation factor to interact with Pol II after promoter escape, and its function cannot be simplified to a binary positive or negative role. Mechanistically, DSIF modifies the early elongation complex by exerting kinetic constraints on a polymerase that is inherently unstable (Wada et al., 1998; Yamaguchi et al., 1999). Comprehending DSIF necessitates an examination of its structural design, recruitment time, and impact on Pol II translocation dynamics.

The SPT5 subunit of DSIF is a substantial, evolutionarily conserved protein characterised by several KOW domains that engage directly with the nascent RNA as it emerges (Dollinger et al., 2023; Meyer et al., 2015; Song and Chen, 2022). These RNA–protein interactions are not accidental; they anchor the transcript to the elongation complex and restrict its conformational flexibility. Simultaneously, SPT5 establishes significant interactions with the Pol II clamp, protrusion, and funnel domains, therefore successfully connecting RNA binding to the conformation of the polymerase (Klein et al., 2011; Li et al., 2014). SPT4 reinforces this contact by enhancing the SPT5–Pol II interface, hence prolonging the resident period of DSIF on the elongation complex (Uzun et al., 2021).

Functionally, DSIF modulates the kinetic partitioning of Pol II among forward translocation, stopping, and backtracking. In the first phase of elongation, Pol II often alternates between pre-translocated and post-translocated stages after nucleotide incorporation. DSIF prolongs the duration of these states by constraining clamp opening and reducing the flexibility of the bridge helix, both of which are essential for effective forward progression (Amith et al., 2025; Crickard et al., 2016). Consequently, Pol II advances at a reduced pace and more often adopts pause-prone conformations.

Importantly, DSIF does not cause a pause by inhibiting catalysis or obstructing the active site. Rather, it biases the elongation energy landscape, causing naturally induced pauses—arising from sequence context, RNA–DNA hybrid instability, or transitory backtracking—to last longer than they typically would (Dollinger et al., 2023). Without DSIF, these interruptions dissipate quickly, explaining why the depletion of DSIF results in the reduction of promoter-proximal Pol II accumulation, yet enhanced elongation downstream.

The contextual reliance of the DSIF function is crucial. During the initial elongation phase, when Pol II exhibits limited processivity and is susceptible to regulatory influences, DSIF acts as a kinetic inhibitor. Subsequent to the release of the pause, the phosphorylation of SPT5 by P-TEFb transforms DSIF into a positive elongation factor (Sun and Fisher, 2025). In this altered condition, the same RNA-binding and clamp-stabilizing characteristics inhibit backtracking and improve resistance to nucleosomal obstacles. Consequently, DSIF ought to be regarded as a molecular rheostat that modulates elongation behavior rather than only serving as an inhibitor.

NELF: Stabilization of a Backtracked, Poised Elongation Complex

NELF serves as the critical element that transforms a DSIF-slowed elongation complex into a stable, long-lasting paused state. In contrast to DSIF, which broadly modulates kinetics, NELF

functions with high specificity to immobilize Pol II in a catalytically inactive yet transcriptionally engaged state. This function relies on the sequential recruitment of NELF, its multivalent interactions, and its capacity to inhibit pause recovery pathways.

NELF is a heterotetramer, consisting of NELF-A, NELF-B, NELF-C/D, and NELF-E subunits (Yung et al., 2009). Each subunit provides unique interaction surfaces that together engage Pol II, DSIF, and the nascent RNA. Structural studies indicate that NELF is located near the RNA exit channel and secondary channel of Pol II, which are critical positions for regulating RNA positioning and the accessibility of elongation-associated factors (Richter, Taatjes, 2024; Vos et al., 2018). NELF recruitment depends on prior DSIF binding, indicating that NELF interacts with a DSIF-modified elongation complex rather than with free Pol II (Dollinger et al., 2023; Missra, Gilmour, 2010).

NELF stabilizes transcriptional pausing by sequestering Pol II in a partially backtracked or pre-translocated conformation. This configuration results in the displacement of the RNA 3' end from the active site into the secondary channel, thereby inhibiting phosphodiester bond formation (Blears and Svejstrup, 2025). These states are often and briefly encountered by elongating Pol II but are typically resolved quickly through forward translocation or RNA cleavage. NELF significantly extends the duration of these states by physically restricting both the conformation of polymerase and the mobility of RNA (Su, Vos, 2024; Vos et al., 2018).

The RNA recognition motif (RRM) in NELF-E is essential for this stabilization. NELF-E binds to nascent RNA, thereby restricting the realignment of the RNA 3' end with the active site and inhibiting spontaneous recovery from backtracking (Pagano et al., 2014; Rao et al., 2006). Simultaneously, NELF binding sterically and functionally opposes the recruitment or activity of transcript cleavage factors like TFIIS, which would otherwise facilitate pause escape by enhancing RNA cleavage (Kettenberger et al., 2003; Palangat et al., 2005). NELF effectively stabilizes the elongation complex in a paused state by inhibiting both forward and backward recovery pathways.

NELF does not disassemble the transcription complex. The DNA–RNA hybrid stays intact, the transcription bubble is sustained, and Pol II remains firmly attached to the template (Vos et al., 2018). This differentiates NELF-mediated pausing from transcriptional arrest or termination, ensuring that the paused complex retains full competency for rapid reactivation upon receiving appropriate signals.

Collectively, NELF functions as a molecular clamp that transforms kinetic instability into regulatory stability. Through the selective stabilization of a typically transient backtracked state, NELF establishes a paused population of Pol II that can endure for several minutes *in vivo*, thereby allowing for regulatory integration while maintaining transcriptional competence.

Cooperative Action of DSIF and NELF: Assembly of a Stable Paused State

Promoter-proximal pausing results not from the independent actions of DSIF or NELF, but from their ordered and cooperative interaction with Pol II. DSIF constructs a slow elongation regime that is prone to pauses, whereas NELF selectively stabilizes certain pauses into a long-lasting regulatory intermediate. This division of labor is crucial for the efficiency and reversibility of pausing.

The engagement of DSIF alone results in an increased frequency of pauses; however, it does not produce the distinct sharp peak of promoter-proximal Pol II that is typically observed across the genome. Without NELF, Pol II persists in sampling backtracked and pre-translocated states; however, these states quickly resolve via forward translocation or RNA cleavage. In contrast, NELF is unable to bind productively to Pol II that has not been kinetically constrained by DSIF (Wu et al., 2003; Yamaguchi et al., 2002). The paused state occurs solely when the kinetic slowing generated by DSIF coincides with the stabilization mediated by NELF.

This coordinated mechanism explains why the depletion of either of the two factors causes analogous phenotypes (no stable pausing and increased readthrough into gene bodies). Thus, it also

provides some insight into how the regulation of pause can be accomplished precisely but not at the expense of elongation efficiency. While DSIF remains associated with Pol II during elongation, NELF is associated with Pol II in a conditional, reversible manner; therefore, both temporal and spatial regulation of the length of pause can be achieved with precision.

Pause Release: Molecular Reprogramming Rather Than Simple Factor Loss

Pause release marks a critical and mainly irreversible shift in the life cycle of the transcription complex. This transition is facilitated by positive transcription elongation factor b (P-TEFb), a kinase complex consisting of CDK9 and cyclin T, whose activity is tightly regulated by sequestration and selective recruitment.

P-TEFb phosphorylates three primary substrates within the halted complex: the C-terminal domain (CTD) of Pol II at serine 2 residues of the heptad repeats, SPT5 in DSIF, and various subunits of NELF (Cheng and Price, 2007, p.; Fujinaga et al., 2004, p.; Marshall and Price, 1995). The phosphorylation processes are mechanistically interconnected. The phosphorylation of NELF diminishes its multivalent contacts with Pol II and the nascent RNA, resulting in the dissociation of the NELF complex (Dollinger, Gilmour, 2021; Fujinaga et al., 2004). The phosphorylation of SPT5 modifies its conformation, facilitating its progression, decreasing backtrack propensity, and enhancing its resilience to halt signals (Chen et al., 2020; Mayekar et al., 2013; Wier et al., 2013).

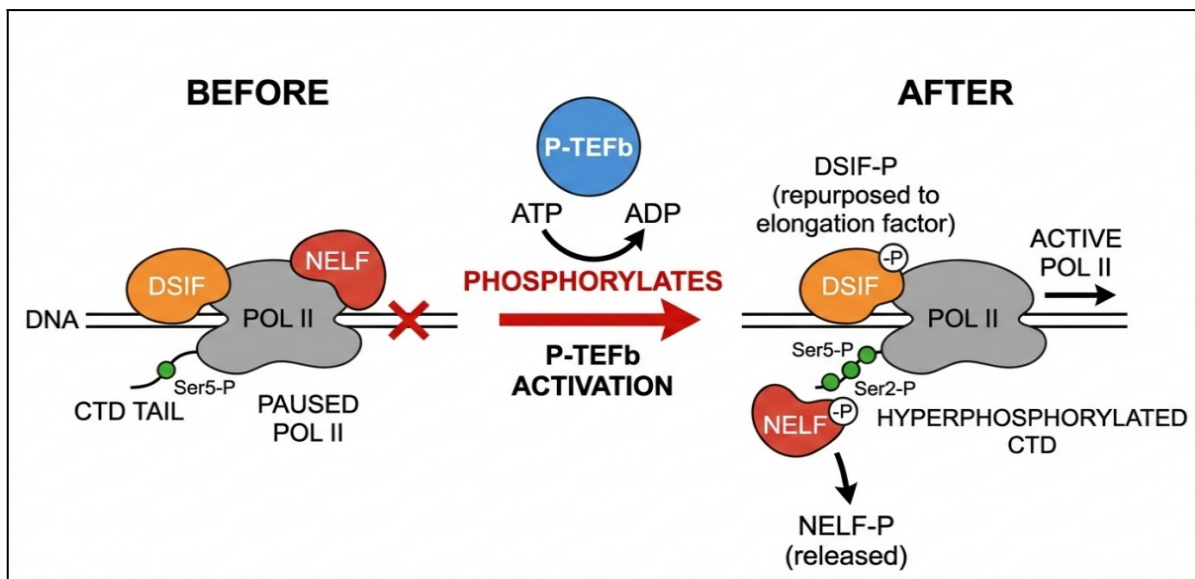


Figure 1: Mechanism of P-TEFb-mediated RNA Polymerase II pause release.

Transcription initiation leads to the formation of a paused RNA Pol II complex that is maintained by the negative elongation factors DSIF (orange) and NELF (red), with the Pol II CTD phosphorylated at Ser5. The pause is relieved by the kinase P-TEFb (blue) through the phosphorylation of three critical targets: (1) the negative elongation factor NELF, leading to its release from the complex, (2) DSIF, converting it to a positive elongation factor, and (3) the Pol II CTD, leading to the hyperphosphorylated form of the CTD. This allows the RNA Pol II complex to enter active productive elongation, leading to the synthesis of the nascent RNA transcript.

Phosphorylation of CTD Ser2 attracts a specific array of elongation and RNA-processing factors, including capping, splicing, and 3' end processing mechanisms (Ahn et al., 2004; Davidson et al., 2014; Gu et al., 2013). This recruitment stabilizes the elongation complex and functionally commits Pol II to effective elongation. Following this reprogramming, the transcription complex ceases to display the kinetic features typical of the stopped state and does not re-engage in promoter-proximal pausing.

Chromatin Architecture as an Amplifier of Pausing

The chromatin environment is an important factor in the mechanism of and maintenance of promoter-proximal pausing. The +1 nucleosome, positioned immediately downstream of the transcription initiation site, poses a large energy barrier to elongation. The involvement of the +1 nucleosome increases the probability of backtracking and pausing of Pol II, especially during the first elongation phase (Abril-Garrido et al., 2023; Naganuma et al., 2025).

The DSIF-NELF-stabilized Pol II is highly susceptible to this energy barrier. The Pol II enzyme does not possess the ability to handle nucleosomes and translocate efficiently across the +1 nucleosome during paused states. After release from the paused state, phosphorylated DSIF and other elongation factors facilitate efficient disruption of histones and DNA and entry of Pol II into the gene. Hence, chromatin is not an initiator of pausing but is an enhancer of pausing and increases the probability of Pol II accumulation in the promoter-proximal region.

Histone marks of actively transcribed promoters, such as H3K4me3 and H3K27ac, are present in combination with transcriptional pausing (Li et al., 2025; Wang et al., 2023). This demonstrates that chromatin is an enhancer of pausing and facilitates the deposition of Pol II without influencing elongation.

Functional Consequences of Promoter-Proximal Pausing

Mechanistically stabilized pausing provides various regulatory benefits. Positioning Pol II downstream of the promoter in a transcriptionally engaged state allows pausing to bypass the rate-limiting steps of recruitment and initiation, facilitating rapid gene activation in response to signaling cues (Adelman, Lis, 2012; Gaertner, Zeitlinger, 2014; Gilchrist et al., 2010). Pausing offers a temporal opportunity for RNA capping and quality control, thereby ensuring the integrity of the transcript prior to the commitment to elongation (Blears, Svejstrup, 2025).

In addition, the paused state separates the rate of initiation from the rate of transcription. This enables the control of gene expression through the regulation of the duration of the paused state. This form of gene expression regulation is especially useful for genes that are needed during development or in response to environmental cues.

SUMMARY

Promoter-proximal pausing of Pol II results from the interplay between intrinsic early elongation instability and the active stabilisation provided by DSIF and NELF. DSIF alters the kinetic dynamics of elongation, whereas NELF stabilises a specific, typically transient backtracked state, collectively establishing a long-lasting yet reversible checkpoint. Pause release signifies a qualitative reconfiguration of the elongation complex facilitated by P-TEFb. Passing from descriptive genomic models to causal explanations requires an understanding of pausing at this mechanistic level, which is crucial for interpreting metazoan transcriptional control.

REFERENCES

- Abril-Garrido J., Dienemann C., Grabbe F., Velychko T., Lidschreiber M., Wang H., Cramer P.**, Structural basis of transcription reduction by a promoter-proximal +1 nucleosome. *Molecular Cell* 2023;83:1798-1809.e7. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2023.04.011>
- Adelman K., Lis J.T.** Promoter-proximal pausing of RNA polymerase II: emerging roles in metazoans. *Nat Rev Genet* 2012;13:720–731. <https://doi.org/10.1038/nrg3293>
- Ahn S.H., Kim M., Buratowski S.** Phosphorylation of Serine 2 within the RNA Polymerase II C-Terminal Domain Couples Transcription and 3' End Processing. *Molecular Cell* 2004;13:67–76. [https://doi.org/10.1016/S1097-2765\(03\)00492-1](https://doi.org/10.1016/S1097-2765(03)00492-1)
- Amith W.D., Bogart B.M., Dutagaci B.** Molecular Basis for Impacts of DSIF on the Dynamics of RNA Polymerase II Elongation Complex. *J. Chem. Inf. Model.* 2025;65:12499–12510. <https://doi.org/10.1021/acs.jcim.5c01961>

- Blears D., Svejstrup J.Q.** Transcription quality control at the promoter-proximal checkpoint. *Genes Dev.* 2025;39:1399–1413. <https://doi.org/10.1101/gad.352973.125>
- Chen J.J., Mbogning J., Hancock M.A., Majdpour D., Madhok M., Nassour H., Dallagnol J.C., Pagé V., Chatenet D., Tanny J.C.** Spt5 Phosphorylation and the Rtf1 Plus3 Domain Promote Rtf1 Function through Distinct Mechanisms. *Molecular and Cellular Biology* 2020;40:e00150-20. <https://doi.org/10.1128/MCB.00150-20>
- Cheng B., Price D.H.** Properties of RNA Polymerase II Elongation Complexes Before and After the P-TEFb-mediated Transition into Productive Elongation. *Journal of Biological Chemistry* 2007;282, 21901–21912.
- Cheung A.C.M., Cramer P.** Structural basis of RNA polymerase II backtracking, arrest and reactivation. *Nature* 2011;471:249–253. <https://doi.org/10.1038/nature09785>
- Cramer P.** Organization and regulation of gene transcription. *Nature* 2019;573:45–54. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1517-4>
- Crickard J.B., Fu J., Reese J.C.** Biochemical Analysis of Yeast Suppressor of Ty 4/5 (Spt4/5) Reveals the Importance of Nucleic Acid Interactions in the Prevention of RNA Polymerase II Arrest. *Journal of Biological Chemistry* 2016;291:9853–9870. <https://doi.org/10.1074/jbc.M116.716001>
- Davidson L., Muniz L., West S.** 3' end formation of pre-mRNA and phosphorylation of Ser2 on the RNA polymerase II CTD are reciprocally coupled in human cells. *Genes Dev.* 2014;28:342–356. <https://doi.org/10.1101/gad.231274.113>
- Dollinger R., Deng E.B., Schultz J., Wu S., Deorio H.R., Gilmour D.S.** Assessment of the roles of Spt5-nucleic acid contacts in promoter proximal pausing of RNA polymerase II. *J Biol Chem* 2023;299:105106. <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2023.105106>
- Dollinger R., Gilmour D.S.** Regulation of Promoter Proximal Pausing of RNA Polymerase II in Metazoans. *Journal of Molecular Biology* 2021;433:166897. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2021.166897>
- Fujinaga K., Irwin D., Huang Y., Taube R., Kurosu T., Peterlin B.M.** Dynamics of Human Immunodeficiency Virus Transcription: P-TEFb Phosphorylates RD and Dissociates Negative Effectors from the Transactivation Response Element. *Molecular and Cellular Biology* 2004;24:787–795. <https://doi.org/10.1128/MCB.24.2.787-795.2004>
- Gaertner B., Zeitlinger J.** RNA polymerase II pausing during development. *Development* 2014;141:1179–1183. <https://doi.org/10.1242/dev.088492>
- Galburt E.A., Grill S.W., Wiedmann A., Lubkowska L., Choy J., Nogales E., Kashlev M., Bustamante C.** Backtracking determines the force sensitivity of RNAP II in a factor-dependent manner. *Nature* 2007;446:820–823. <https://doi.org/10.1038/nature05701>
- Gilchrist D.A., Dos Santos G., Fargo D.C., Xie B., Gao Y., Li L., Adelman K.** Pausing of RNA polymerase II disrupts DNA-specified nucleosome organization to enable precise gene regulation. *Cell* 2010;143:540–551. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2010.10.004>
- Gnatt A.L., Cramer P., Fu J., Bushnell D.A., Kornberg R.D.** Structural Basis of Transcription: An RNA Polymerase II Elongation Complex at 3.3 Å Resolution. *Science* 2001;292:1876–1882. <https://doi.org/10.1126/science.1059495>
- Gu B., Eick D., Bensaude O.** CTD serine-2 plays a critical role in splicing and termination factor recruitment to RNA polymerase II in vivo. *Nucleic Acids Res* 2013;41:1591–1603. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1327>
- Hahn S.** Structure and mechanism of the RNA polymerase II transcription machinery. *Nat Struct Mol Biol* 2004;11:394–403. <https://doi.org/10.1038/nsmb763>
- Horn A.E., Goodrich J.A., Kugel J.F.** Single molecule studies of RNA polymerase II transcription in vitro. *Transcription* 2014;5: e27608. <https://doi.org/10.4161/trns.27608>

- Kettenberger H., Armache K.-J., Cramer P.**, Complete RNA Polymerase II Elongation Complex Structure and Its Interactions with NTP and TFIIS. *Molecular Cell* 2004;16:955–965. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2004.11.040>
- Kettenberger H., Armache K.-J., Cramer P.** Architecture of the RNA Polymerase II-TFIIS Complex and Implications for mRNA Cleavage. *Cell* 2003;114:347–357. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(03\)00598-1](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(03)00598-1)
- Kireeva M.L., Kashlev M.**, Mechanism of sequence-specific pausing of bacterial RNA polymerase. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2009;106:8900–8905. <https://doi.org/10.1073/pnas.0900407106>
- Klein B.J., Bose D., Baker K.J., Yusoff Z.M., Zhang X., Murakami K.S.**, RNA polymerase and transcription elongation factor Spt4/5 complex structure. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2011;108:546–550. <https://doi.org/10.1073/pnas.1013828108>
- Larson M.H., Mooney R.A., Peters J.M., Windgassen T., Nayak D., Gross C.A., Block S.M., Greenleaf W.J., Landick R., Weissman J.S.**, A pause sequence enriched at translation start sites drives transcription dynamics in vivo. *Science* 2014;344:1042–1047. <https://doi.org/10.1126/science.1251871>
- Larson M.H., Zhou J., Kaplan C.D., Palangat M., Kornberg R.D., Landick R., Block S.M.**, Trigger loop dynamics mediate the balance between the transcriptional fidelity and speed of RNA polymerase II. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2012;109:6555–6560. <https://doi.org/10.1073/pnas.1200939109>
- Li W., Giles C., Li S.**, Insights into how Spt5 functions in transcription elongation and repressing transcription coupled DNA repair. *Nucleic Acids Res* 2014;42:7069–7083. <https://doi.org/10.1093/nar/gku333>
- Li X., Xu J., Yan X., Zhong J., Hou C., Xiao C., Niu L., Chi W.** High-throughput capture of actively transcribed region-interacting sequences reveals an intricate promoter-centered regulatory network. *Molecular Cell* 2025;85:4463–4479.e7. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2025.10.018>
- Marshall N.F., Price D.H.**, Purification of P-TEFb, a Transcription Factor Required for the Transition into Productive Elongation. *Journal of Biological Chemistry* 1995;270:12335–12338. <https://doi.org/10.1074/jbc.270.21.12335>
- Mayekar M.K., Gardner R.G., Arndt K.M.** The Recruitment of the *Saccharomyces cerevisiae* Paf1 Complex to Active Genes Requires a Domain of Rtf1 That Directly Interacts with the Spt4-Spt5 Complex. *Molecular and Cellular Biology* 2013;33:3259–3273. <https://doi.org/10.1128/MCB.00270-13>
- Meyer P.A., Li S., Zhang M., Yamada K., Takagi Y., Hartzog G.A., Fu J.** Structures and Functions of the Multiple KOW Domains of Transcription Elongation Factor Spt5. *Mol Cell Biol* 2015;35:3354–3369. <https://doi.org/10.1128/MCB.00520-15>
- Missra A., Gilmour D.S.**, Interactions between DSIF (DRB sensitivity inducing factor), NELF (negative elongation factor), and the *Drosophila* RNA polymerase II transcription elongation complex. *Proc Natl Acad Sci USA* 2010;107:11301–11306. <https://doi.org/10.1073/pnas.1000681107>
- Naganuma M., Kujirai T., Ehara H., Uejima T., Ito T., Goto M., Aoki M., Henmi M., Miyamoto-Kohno S., Shirouzu M., Kurumizaka H., Sekine S.**, Structural insights into promoter-proximal pausing of RNA polymerase II at +1 nucleosome. *Sci. Adv.* 2025;11, eadu0577. <https://doi.org/10.1126/sciadv.adu0577>
- Nudler E.** RNA Polymerase Backtracking in Gene Regulation and Genome Instability. *Cell* 2012;149:1438–1445. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.06.003>
- Pagano J.M., Kwak H., Waters C.T., Sprouse R.O., White B.S., Ozer A., Szeto K., Shalloway D., Craighead H.G., Lis J.T.**, Defining NELF-E RNA binding in HIV-1 and

- promoter-proximal pause regions. *PLoS Genet* 2014;10:e1004090. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004090>
- Pal M., Luse D.S.**, The initiation-elongation transition: lateral mobility of RNA in RNA polymerase II complexes is greatly reduced at +8/+9 and absent by +23. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2003;100:5700–5705. <https://doi.org/10.1073/pnas.1037057100>
- Palangat M., Renner D.B., Price D.H., Landick R.** A negative elongation factor for human RNA polymerase II inhibits the anti-arrest transcript-cleavage factor TFIIS. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2005;102:15036–15041. <https://doi.org/10.1073/pnas.0409405102>
- Rao J.N., Neumann L., Wenzel S., Schweimer K., Rösch P., Wöhrl B.M.**, 2006. Structural studies on the RNA-recognition motif of NELF E, a cellular negative transcription elongation factor involved in the regulation of HIV transcription. *Biochem J* 2006;400:449–456. <https://doi.org/10.1042/BJ20060421>
- Richter W.F., Taatjes D.J.**, Changing structures, changing paradigms: NELF helps regulate paused or elongating RNA polymerase II. *Molecular Cell* 2024;84:1180–1182. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2024.03.008>
- Song A., Chen F.X.**, The pleiotropic roles of SPT5 in transcription. *Transcription* 2022;13:53–69. <https://doi.org/10.1080/21541264.2022.2103366>
- Su B.G., Vos S.M.**, Distinct negative elongation factor conformations regulate RNA polymerase II promoter-proximal pausing. *Molecular Cell* 2024;84:1243-1256.e5. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2024.01.023>
- Sun R., Fisher R.P.**, Tripartite phosphorylation of SPT5 by CDK9 times pause release and tunes elongation rate of RNA polymerase II. *Molecular Cell* 2025;85:1743-1759.e5. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2025.03.021>
- Uzun, Ü., Brown, T., Fischl, H., Angel, A., Mellor, J.**, Spt4 facilitates the movement of RNA polymerase II through the +2 nucleosomal barrier. *Cell Rep* 2021;36:109755. <https://doi.org/10.1016/j.celrep.2021.109755>
- Vos S.M., Farnung L., Urlaub H., Cramer P.** Structure of paused transcription complex Pol II-DSIF-NELF. *Nature* 2018;560:601–606. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0442-2>
- Wada T., Takagi T., Yamaguchi Y., Ferdous A., Imai T., Hirose S., Sugimoto S., Yano K., Hartzog G.A., Winston F., Buratowski S., Handa H.**, DSIF, a novel transcription elongation factor that regulates RNA polymerase II processivity, is composed of human Spt4 and Spt5 homologs. *Genes & Development* 1998;12:343–356.
- Wang H., Fan Z., Shliaha P.V., Miele M., Hendrickson R.C., Jiang X., Helin K.** H3K4me3 regulates RNA polymerase II promoter-proximal pause-release. *Nature* 2023;615: 339–348. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-05780-8>
- Wier A.D., Mayekar M.K., Héroux A., Arndt K.M., VanDemark A.P.** Structural basis for Spt5-mediated recruitment of the Paf1 complex to chromatin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 2013;110:17290–17295. <https://doi.org/10.1073/pnas.1314754110>
- Wu C.-H., Yamaguchi Y., Benjamin L.R., Horvat-Gordon M., Washinsky J., Enerly E., Larsson J., Lambertsson A., Handa H., Gilmour D.**, NELF and DSIF cause promoter proximal pausing on the hsp70 promoter in *Drosophila*. *Genes Dev* 2003;17:1402–1414. <https://doi.org/10.1101/gad.1091403>
- Yamaguchi Y., Inukai N., Narita T., Wada T., Handa H.**, 2002. Evidence that Negative Elongation Factor Represses Transcription Elongation through Binding to a DRB Sensitivity-Inducing Factor/RNA Polymerase II Complex and RNA. *Molecular and Cellular Biology* 2002;22:2918–2927. <https://doi.org/10.1128/MCB.22.9.2918-2927.2002>
- Yamaguchi Y., Takagi T., Wada T., Yano K., Furuya A., Sugimoto S., Hasegawa J., Handa H.** NELF, a Multisubunit Complex Containing RD, Cooperates with DSIF to Repress RNA Polymerase II Elongation. *Cell* 1999;97:41–51.

Yung T.M.C., Narita T., Komori T., Yamaguchi Y., Handa H., Cellular dynamics of the negative transcription elongation factor NELF. *Experimental Cell Research* 2009;315: 1693–1705. <https://doi.org/10.1016/j.yexcr.2009.02.013>

RNA POLİMERAZA II-NİN PROMOTOR-PROKSİMAL PAUZASI: ERKƏN ELONQASIYANIN DSIF VƏ NELF VASİTƏSİLƏ TƏNZİMLƏNMƏSİNİN MOLEKULYAR MEXANİZMLƏRİ

Aytac Nəbiyeva

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

RNA polimeraza II-nin (Pol II) promotor-proksimal pauzası metazoqlarda transkripsiyanın əsas tənzimləyici mərhələlərindən biri hesab olunur, lakin onun molekulyar mexanizmləri elmi ədəbiyyatda kifayət qədər dərindən araşdırılmamışdır. Mahiyyət etibarilə pauza, DSIF və NELF elonqasiya faktorlarının təsiri altında, həmçinin RNA polimeraza II-nin daxili xüsusiyyətləri, yeni sintez olunan RNA, DNT ardıcılığı və xromatin arxitekturası ilə birlikdə erkən elonqasiya kompleksinin sabitləşdirilməsi prosesidir. Bu icmalda RNA polimeraza II pauzasının geniş mexanistik təhlili təqdim edilir və xüsusi olaraq DSIF və NELF faktorlarının elonqasiya kompleksini fiziki və kinetik baxımdan necə yenidən proqramlaşdıraraq sabit və geri dönmə pauza kompleksi formalaşdırdığı, həmçinin bu kompleksin sərbəst buraxılmasının məhsuldar elonqasiyanın başlanğıcını müəyyən edən geri dönmə hadisə olduğu araşdırılır.

Xüsusilə promotoru tərk etdikdən sonrakı erkən elonqasiya mərhələsi təhlil olunur. Bu mərhələdə RNA polimeraza II yüksək konformasion dinamika nümayiş etdirir və pazaya, geriye sürüşməyə, abortiv transkripsiyaya və abortiv translokasiyaya meyilli olur. Bu isə elonqasiya kompleksinin kinetik balansını məhsuldar elonqasiya və ya pauza vəziyyəti istiqamətində dəyişə bilən tənzimləyici təsirlərə yüksək həssas mühit yaradır. Məqalədə DSIF-in həm RNA, həm də polimerazanın müxtəlif struktur elementləri ilə qarşılıqlı əlaqəyə girərək polimerazanın hərəkətini necə məhdudlaşdırdığı, bu prosesin isə NELF kompleksi tərəfindən necə əlavə sabitləşdirildiyi və nəticədə promotor-proksimal pauzanın formalaşdığı nəzərdən keçirilir. Bundan əlavə, fosforilləşmədən asılı remodelləşmə nəticəsində pazada olan polimerazanın bu nəzarət mərhələsindən necə azad olduğu, eləcə də bu prosesin hüceyrədaxili siqnal yolları, xromatin vəziyyəti və inkişaf hadisələri ilə əlaqəsi araşdırılır. Təqdim olunan yanaşma promotor-proksimal pauzanı polimerazanın “emergent davranışı” kimi qiymətləndirməyə imkan verir; bu davranış elonqasiya faktorları tərəfindən aktiv şəkildə tənzimlənərək gen ekspressiyasının zaman və məkan baxımından dəqiq uyğunlaşdırılmasını təmin edir.

Açar sözlər: *Pol II pauzası, NELF, DSIF, pazadan çıxış, P-TEFb*

ПРОКСИМАЛЬНАЯ ПАУЗА РНК-ПОЛИМЕРАЗЫ II У ПРОМОТОРА: МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ КОНТРОЛЯ РАННЕЙ ЭЛОНГАЦИИ, ОПОСРЕДОВАННЫЕ DSIF И NELF

Айтадж Набиева

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики*

Проксимальная пауза РНК-полимеразы II (Pol II) у промотора представляет собой ключевое регуляторное событие транскрипции у метазойных организмов, однако её молекулярные механизмы в научной литературе освещены недостаточно подробно. По своей сути пауза представляет собой стабилизацию специфического комплекса ранней элонгации под действием факторов элонгации DSIF и NELF в сочетании с внутренними свойствами РНК-полимеразы II, новосинтезированной РНК, последовательности ДНК и архитектуры хроматина. В данном обзоре

предпринята попытка представить всесторонний механистический анализ паузы РНК-полимеразы II с особым акцентом на то, каким образом DSIF и NELF физически и кинетически перепрограммируют комплекс элонгации, формируя стабильный и обратимый паузный комплекс, а также каким образом высвобождение этого комплекса становится необратимым событием, знаменующим начало продуктивной элонгации.

Особое внимание уделено ранней стадии элонгации после выхода полимеразы из промотора, в ходе которой РНК-полимераза II характеризуется высокой конформационной динамичностью и подвержена паузированию, обратному смещению, абортивной транскрипции и абортивной транслокации. Это создаёт условия, чрезвычайно чувствительные к регуляторным воздействиям, способным смещать кинетическое равновесие комплекса элонгации в сторону продуктивной элонгации либо формирования паузного состояния. Рассматривается, каким образом DSIF взаимодействует как с РНК, так и с различными структурными элементами полимеразы, ограничивая её продвижение, а также как данный процесс дополнительно стабилизируется комплексом NELF, обеспечивающим формирование проксимальной паузы у промотора. Кроме того, анализируется, как фосфорилирование-зависимое ремоделирование паузированной полимеразы устраняет данный контрольный этап, связывая высвобождение паузированных полимераз с клеточными сигнальными путями, состоянием хроматина и процессами развития. Представленный подход позволяет рассматривать проксимальную паузу у промотора как «эмерджентное свойство» полимеразы, активно регулируемое факторами элонгации и обеспечивающее тонкую пространственно-временную настройку экспрессии генов.

Ключевые слова: *паузирование Pol II, NELF, DSIF, высвобождение из паузы, P-TEFb*

Çapa təqdim etmişdir: *redaktor İlham Əyyub oğlu Şahmuradov, AMEA-nın müxbir üzvü, b.e.d.*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *25.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *16.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *16.04.2026*

УДК 575.1/2:599.89

ПРИМЕНЕНИЕ NGS И MLPA ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ПАТОГЕННЫХ ВАРИАНТОВ BRCA1/2 У АЗЕРБАЙДЖАНСКИХ ПАЦИЕНТОК С РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

ЗУМРУД САФАРЗАДЕ

*Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования Азербайджанской Республики, Баку, AZ1106, пр. Азадлыг, 155
zum.mukh@gmail.com*

Наследственные мутации в генах BRCA1 и BRCA2 являются одним из ключевых факторов развития рака молочной железы и яичников и ассоциированы с высоким пожизненным риском онкопатологии. Нарушение функции данных генов, участвующих в гомологичной рекомбинационной репарации двухцепочечных разрывов ДНК, приводит к геномной нестабильности и повышенной вероятности злокачественной трансформации клеток. Кроме того, выявление герминальных мутаций имеет важное клиническое значение, поскольку определяет чувствительность к таргетной терапии, включая ингибиторы PARP и препараты платины. Целью настоящего исследования являлся молекулярно-генетический анализ генов BRCA1 и BRCA2 у пациенток с раком молочной железы и оценка диагностической эффективности комбинированного применения методов секвенирования нового поколения (NGS) и MLPA. В исследование были включены 148 пациенток в возрасте от 22 до 90 лет (средний возраст манифестации — 58 лет), проходивших обследование и лечение в 2017–2023 гг. Всем пациенткам проведено первичное молекулярно-генетическое тестирование, а 17 пациенткам с трижды негативным фенотипом опухоли выполнен углублённый анализ методом NGS с последующим применением MLPA для исключения крупных геномных перестроек. Подготовка библиотек осуществлялась с использованием таргетной панели, секвенирование проводилось на платформе MiSeq со средним покрытием 100×. Интерпретация выявленных вариантов выполнялась в соответствии с рекомендациями ACMG с использованием международных баз данных и программ прогнозирования патогенности. В результате у 14 из 17 обследованных пациенток (82,4%) патогенные и вероятно патогенные варианты выявлены не были. У 3 пациенток (17,6%) обнаружены клинически значимые изменения, включая миссенс-вариант, нонсенс-мутации и фреймшифт-делецию в гетерозиготном состоянии, потенциально приводящие к преждевременной терминации трансляции и утрате функции белка. Крупные делеции и дупликации методом MLPA не выявлены. Полученные данные подтверждают высокую диагностическую ценность комплексного подхода NGS+MLPA и подчёркивают необходимость дальнейших исследований для уточнения частоты и спектра мутаций в азербайджанской популяции.

Ключевые слова: BRCA1, BRCA2, рак молочной железы, секвенирование нового поколения, NGS, MLPA, герминальные мутации.

ВВЕДЕНИЕ

Унаследованные мутации в высокопенетрантных генах BRCA1 и BRCA2 вносят значимый вклад в развитие рака молочной железы и яичников и выявляются приблизительно у 5–10% пациентов с данной онкопатологией. (Foulkes, 2008). BRCA1 и BRCA2 — это гены, имеющие ключевое значение, главным образом участвующие в гомологичной рекомбинационной репарации двухцепочечных разрывов ДНК. Изменения в этих генах нарушают способность к репарации ДНК, что приводит к геномной предрасположенности и повышенной вероятности развития рака молочной железы и яичников. (Lucky et al., 2025) В недавнем проспективном когортном исследовании было

<https://doi.org/10.61642/202621>

установлено, что кумулятивный риск развития рака молочной железы к 80-летнему возрасту составляет 72% для носителей мутаций гена BRCA1 и 69% — для носителей мутаций гена BRCA2. (Kuchenbaecker et al., 2017). Наследственные и семейные случаи рака молочной железы сопряжены с более высоким пожизненным риском развития рака по сравнению со спорадическими случаями, однако именно эта группа получает наибольшую клиническую пользу от современных генетических знаний. Патогенные варианты в генах BRCA1 и BRCA2, которые чаще всего вовлечены в наследственный рак молочной железы и яичников, выявляются примерно у 15% женщин с семейным раком молочной железы. У носителей патогенного варианта BRCA1 пожизненный риск развития рака молочной железы составляет 59–87%, а для BRCA2 — 38–80% (Haliloglu et al., 2022). В настоящее время также становится очевидной роль низкопенетрантных и модифицирующих риск генетических полиморфизмов в более точной оценке индивидуального онкологического риска. (Couch et al., 2012; Ottini et al., 2013; Kuchenbaecker et al., 2014; Peterlongo et al., 2015). Почему так важно тестирование на варианты генов BRCA1/2? Индивиды, несущие герминальные патогенные варианты этих генов, чувствительны к ингибиторам пол (АДФ-рибозо) полимеразы (PARP) и к химиотерапии, вызывающей повреждение ДНК, включая препараты на основе платины. Поэтому их выявление важно, так как это влияет как на терапевтические, так и на профилактические стратегии. Эта информация используется для определения права на таргетную терапию, которая, как показано, обеспечивает значительные клинические преимущества для этой группы (Skoczylas, 2026). На протяжении более двух десятилетий прямое секвенирование по Сэнгеру оставалось основным методом клинической идентификации однонуклеотидных вариантов, а также вставок и делеций в генах BRCA1 и BRCA2. Выявление крупных геномных перестроек осуществлялось с использованием метода мультиплексной лигазозависимой амплификации зондов (MLPA). В настоящее время секвенирование по Сэнгеру в сочетании с MLPA по-прежнему рассматривается как «золотой стандарт» определения мутационного статуса BRCA1 и BRCA2. Вместе с тем значительный размер данных генов (5 592 и 10 257 пар оснований соответственно), высокая плотность гомополимерных участков, выраженная аллельная гетерогенность, а также отсутствие чётко определённых мутационных «горячих точек» существенно усложняют диагностический процесс, делая его времязатратным и экономически неэффективным. Развитие технологий секвенирования ДНК и внедрение настольных платформ секвенирования нового поколения (NGS) предложили высокопроизводительную альтернативу традиционным методам, обеспечив значительное повышение скорости, чувствительности и эффективности молекулярно-генетического тестирования (Feliubadaló et al., 2013; Yeo et al., 2014; Trujillano et al., 2015). Действительно, внедрение технологий секвенирования нового поколения (NGS) позволило существенно сократить сроки получения результатов при диагностике наследственной предрасположенности к раку молочной железы и яичников, что имеет принципиальное значение для своевременного клинического ведения носителей мутаций. Внедрение таргетной терапии солидных опухолей с использованием ингибиторов поли(АДФ-рибоза)-полимеразы (PARP) (O’Sullivan Coyne, Chen, Kummar, 2015; Colicchia et al., 2017; Stewart, Pilié, Yap, 2018) и, в частности, установление их эффективности в ряде клинических исследований III фазы, проведённых у женщин с патогенными вариантами генов BRCA1 или BRCA2, страдающих метастатическим раком яичников или распространённым раком молочной железы (Coleman et al., 2017; Robson et al., 2017; Oza et al., 2018; Litton et al., 2018), это подчёркивает статус мутаций BRCA1 и BRCA2 в качестве нового биомаркера и акцентирует важность сокращения времени выполнения анализа (turn-around time, TAT) для оперативного получения результатов и ускоренной идентификации носителей мутаций. В ответ на растущий спрос на генетическое

тестирование методы секвенирования нового поколения (NGS) постепенно внедряются в рутинную практику многих молекулярно-генетических лабораторий, включая нашу.

Технологии секвенирования нового поколения в настоящее время применяются на различных доступных платформах, включая Genome Sequencer (Roche-454 Life Sciences, Индианаполис, США), Genome Analyzer/HiSeq/MiSeq (Illumina-Solexa, Сан-Диего, США), секвенаторы Ion Torrent PGM и Ion Proton (Thermo Fisher Scientific, Уолтем, США), а также HeliScope (Helicos BioSciences, Кембридж, США) (Voelkerding, Dames & Durtschi, 2009; Rothberg et al., 2011; Wallace, 2016). Существуют ключевые различия в производительности, качестве данных и пропускной способности различных платформ: MiSeq демонстрировал наибольшую пропускную способность за один запуск (1,6 Гб/запуск, 60 Мб/ч) и наименьший уровень ошибок; 454 GS Junior генерировал самые длинные чтения (до 600 оснований), но обладал наименьшей пропускной способностью (70 Мб/запуск, 9 Мб/ч); в то время как Ion Torrent PGM обеспечивал наибольшую скорость обработки данных (80–100 Мб/ч) (Loman et al., 2012). Ion Torrent PGM является новой платформой секвенирования, которая принципиально отличается от других технологий секвенирования тем, что измеряет изменения pH, а не света, для фиксации событий полимеризации. Это первый инструмент «post-light» секвенирования, использующий эмульсионную ПЦР и подход секвенирования методом синтеза. Все четыре нуклеотида подаются пошагово в ходе автоматического запуска. При включении нуклеотидов, комплементарных шаблону, в вновь синтезируемую цепь гидролиз трифосфата нуклеотида сопровождается высвобождением одного протона на каждый присоединённый нуклеотид, что вызывает сдвиг pH окружающего раствора, регистрируемый модифицированным кремниевым чипом (Rothberg et al., 2011).

Целью настоящего исследования – является молекулярно-генетический анализ генов BRCA1 и BRCA2 у пациенток с раком молочной железы и оценка диагностической эффективности комбинированного применения NGS и MLPA.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Работа основана на анализе результатов молекулярно-генетического тестирования 148 больных РМЖ в возрасте от 22 до 90 лет (средний возраст манифестации заболевания составил 58 лет), которые в период с 2017 по 2023 г. проходили обследование и лечение в Онкологической Клинике Азербайджанского Медицинского Университета.

Исследование проводилось с соблюдением общепринятых принципов биоэтики; перед включением в исследование от всех участников было получено добровольное информированное согласие.

Критерием включения в исследование был диагноз РМЖ, не включения – отказ от молекулярно-генетического тестирования. Все вошедшие в исследование пациенты подписали информированное согласие на проведение молекулярно-генетического исследования и хранение биологического материала, а также заполнили специальную анкету, которая включала подробную информацию о наличии в семье родственников с онкологическими заболеваниями, в первую очередь РМЖ и рака яичников. На первом этапе всем пациентам было проведено молекулярно-генетическое исследование методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени для выявления распространенных в азербайджанской популяции мутаций в генах BRCA1 и BRCA2, ассоциированных с риском развития РМЖ. Пациентам группы трижды негативный фенотип опухоли (17 пациенток) было проведено молекулярно-генетическое исследование методом секвенирования «нового поколения» (англ. next generation sequencing – NGS) для выявления редких мутаций в генах BRCA1 и BRCA2, ассоциированных с риском развития РМЖ.

Метод секвенирования «нового поколения» (NGS). Для проведения молекулярно-генетического исследования методом NGS ДНК выделяли из 200 мкл крови на колонках с использованием наборов QIAamp DNA Blood Mini Kit (“Qiagen”, Германия), позволяющих получать ДНК с концентрацией не менее 10 нг/мкл согласно протоколу производителя. Библиотеки были подготовлены с помощью панели TruSight Cancer (“Illumina”, США) и реагентов для подготовки библиотек TruSight Rapid Capture (“Illumina”, США) с использованием методики селективного захвата участков ДНК. Пробоподготовку выполняли по стандартному протоколу, предоставленному производителем. Секвенирование проводили на приборе MiSeq (“Illumina”, США) методом парно-концевого чтения (2×151 пар оснований) со средним покрытием 100× с использованием реагентов MiSeq Reagent Kits v2 (“Illumina”, США). Полученные после секвенирования данные были автоматически обработаны с помощью программного обеспечения, установленного на приборе, для фильтрации низкокачественных ридов, выравнивания относительно референсной последовательности генома человека (hg19), а также идентификации полученных генетических вариантов. Анализ полученных с прибора данных (в текстовом формате) проводился на персональном компьютере с использованием программного обеспечения Variant Studio 2.2 (“Illumina”, США), которое позволяет аннотировать и классифицировать выявленные генетические нарушения. Для интерпретации выявленных генетических вариантов использовались базы данных dbSNP (The Single Nucleotide Polymorphism database), ClinVar (Clinical Variation), HGMD (Human Gene Mutation Database), BIC (Breast Cancer Information Core), OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man). Частоту аллелей оценивали с помощью баз данных проектов ExAC (Exome Aggregation Consortium) и 1000G (1000 Genomes Project), а функциональную значимость найденных генетических вариантов – с использованием программ предсказания патогенности CADD (Combined Annotation Dependent Depletion), PolyPhen (Polymorphism Phenotyping) и Sift (Sorting Intolerant from Tolerant). Полученные варианты интерпретировали согласно классификации, предложенной Американским колледжем медицинской генетики (American College of Medical Genetics and Genomics – ACMG). Варианты классифицировались как патогенные и вероятно патогенные, а также как варианты с неизвестным клиническим значением с учетом информации в доступных базах данных (упомянуты выше) и критериев для оценки генетических вариантов, предложенных ACMG. Варианты, не имеющие клинического значения, в данной работе не рассматривались. Для реакции Сэнгера применяли реактивы BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (“Applied Biosystems”, США). Секвенирование проводили на приборе ABI PRISM 3100 (“Applied Biosystems”, США). Все этапы исследования выполняли согласно инструкциям, предоставленным фирмами-производителями.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В рамках настоящего исследования из 148 обследованных пациенток 17 соответствовали критериям углублённого молекулярно-генетического анализа и были направлены на проведение NGS (с последующим MLPA при необходимости). Применение данных методов позволило оценить наличие точечных нуклеотидных замен, малых инсерций/делеций, а также крупных перестроек генов, ассоциированных с наследственными онкологическими синдромами.

Таблица 1.

Результаты выявления мутаций методом NGS и MLPA.

№	Метод анализа	Мутация	Генотип
1	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
2	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
3	NGS	c.2504A>C p.Tyr835Ser RCV004606829	гетерозиготный
4	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
5	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
6	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
7	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
8	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
9	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
10	NGS	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
11	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
12	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
13	NGS	NM_000059.4 c.3455T>G p.(Leu1152Ter)	-
14	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-
15	NGS+MLPA	NM_000059.4 c.6270_6271del p.(His2090GlnfsTer9)	гетерозиготный
16	NGS+MLPA	NM_007294.4 c.5444G>A p.(Trp1815Ter)	гетерозиготный
17	NGS+MLPA	Патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, не выявлены	-

По результатам проведённого анализа у большинства обследованных лиц (14 из 17; 82,4%) патогенные и вероятно патогенные варианты, имеющие клиническое значение, выявлены не были. Указанные образцы характеризовались отсутствием клинически значимых мутаций как при использовании только NGS, так и при комбинированном

анализе NGS+MLPA, что свидетельствует об отсутствии выявляемых генетических изменений в пределах чувствительности применённых методик.

В то же время у 3 пациенток (17,6%) были выявлены генетические варианты, потенциально имеющие клиническое значение.

У одной обследуемой (образец №3) при анализе методом NGS был выявлен вариант с.2504A>C (p.Tyr835Ser; RCV004606829) в гетерозиготном состоянии. Данный вариант представляет собой миссенс-мутацию, приводящую к замене тирозина на серин в соответствующей позиции белка. Учитывая его локализацию в кодирующей области гена и зарегистрированный идентификатор в базе ClinVar, данный вариант требует дополнительной интерпретации с учётом клинических данных пациента, семейного анамнеза и возможных функциональных последствий.

В образце №13 методом NGS был выявлен вариант NM_000059.4 с.3455T>G p.(Leu1152Ter) с аллельной частотой около 51%. Указанная нуклеотидная замена приводит к формированию стоп-кодона и преждевременному обрыву трансляции белка, что потенциально может обуславливать утрату его функции. Выявленная аллельная частота соответствует гетерозиготному состоянию, что характерно для герминальных мутаций. Наличие нонсенс-мутации указывает на высокую вероятность патогенного эффекта, однако окончательная клиническая интерпретация должна основываться на рекомендациях ACMG и корреляции с фенотипическими данными.

В образце №15 при использовании комбинированного подхода NGS+MLPA была выявлена делеция NM_000059.4 с.6270_6271del p.(His2090GlnfsTer9) в гетерозиготном состоянии. Данная мутация приводит к сдвигу рамки считывания и формированию преждевременного стоп-кодона, что, как правило, ассоциируется с выраженным нарушением структуры и функции белка. Фреймшифт-мутации данного типа относятся к категории вариантов с высокой вероятностью патогенности.

Кроме того, у пациентки №16 методом NGS+MLPA был идентифицирован вариант NM_007294.4 с.5444G>A p.(Trp1815Ter) в гетерозиготном состоянии. Данная нонсенс-мутация приводит к замене триптофана стоп-кодоном, что вызывает укорочение белкового продукта и потенциальную потерю его функциональной активности. Наличие данной мутации в кодирующей области гена позволяет рассматривать её как клинически значимую и требующую дальнейшей клинико-генетической оценки.

Следует отметить, что применение метода MLPA в сочетании с NGS у части пациентов не выявило крупных делеций или дупликаций исследуемых генов, что указывает на отсутствие значимых структурных перестроек в анализируемых участках генома. Это подчёркивает диагностическую ценность комбинированного подхода, позволяющего одновременно выявлять как точечные мутации, так и копийные вариации.

Таким образом, результаты исследования демонстрируют, что в обследованной выборке преобладали случаи без выявленных клинически значимых генетических вариантов, однако у ограниченного числа пациентов были обнаружены нонсенс- и фреймшифт-мутации, потенциально ассоциированные с нарушением функции соответствующих генов. Выявленные генетические изменения требуют дальнейшего анализа в контексте клинических проявлений заболевания, семейного анамнеза и рекомендаций по медико-генетическому консультированию.

ВЫВОДЫ

В результате проведённого молекулярно-генетического исследования с использованием методов NGS и комбинированного подхода NGS+MLPA установлено, что в большинстве случаев (82,4%) клинически значимые патогенные и вероятно патогенные варианты выявлены не были. Это свидетельствует о том, что у основной части

обследованной группы отсутствуют обнаруживаемые в рамках применённой панели герминальные мутации исследуемых генов.

Вместе с тем у 17,6% пациентов были идентифицированы генетические изменения, включая миссенс-вариант, нонсенс-мутации и фреймшифт-делецию в гетерозиготном состоянии. Выявленные нонсенс- и фреймшифт-варианты потенциально приводят к преждевременной терминации трансляции и утрате функциональной активности белка, что позволяет рассматривать их как клинически значимые и ассоциированные с повышенным генетическим риском. Обнаруженные изменения требуют обязательной клинико-генетической интерпретации, оценки семейного анамнеза и проведения медико-генетического консультирования.

Полученные данные подтверждают диагностическую информативность комплексного применения NGS и MLPA для выявления как точечных мутаций, так и структурных перестроек генов, а также подчёркивают необходимость дальнейшего расширения выборки для более точной оценки частоты и спектра мутаций в исследуемой популяции.

ЛИТЕРАТУРА

- Coleman R.L., Oza A.M., Lorusso D., Aghajanian C. et al.** on behalf of the ARIEL3 investigators. Rucaparib maintenance treatment for recurrent ovarian carcinoma after response to platinum therapy (ARIEL3): a randomised, double-blind, placebo-controlled, phase 3 trial. *Lancet* 2017;390(10106):1949–1961 DOI 10.1016/S0140-6736(17)32440-6.
- Couch F.J., Gaudet M.M., Antoniou A.C., Ramus S.J. et al.** Common variants at the 19p13.1 and ZNF365 loci are associated with ER subtypes of breast cancer and ovarian cancer risk in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers. *Cancer Epidemiology, Biomarkers and Prevention* 2012;21(4):645–657 DOI 10.1158/1055-9965.EPI-11-0888.
- Colicchia V., Petroni M., Guarguaglini G., Sardina F. et al.** PARP inhibitors enhance replication stress and cause mitotic catastrophe in MYCN-dependent neuroblastoma. *Oncogene* 2017;36(33):4682–4691 DOI 10.1038/onc.2017.40.
- Haliloglu G., Gozukara Bag.H., Eser S., Ozdemir S., Ozgur G., Altundag K.** Evaluation of hereditary/familial breast cancer patients with multigene targeted next generation sequencing panel and MLPA analysis in Turkey. *Cancer Genetics*, 2022;269–270, 12–22. <https://doi.org/10.1016/j.cancergen.2022.02.006>
- Feliubadaló L., Lopez-Doriga A., Castellsagué E., del Valle J. et al.** Next-generation sequencing meets genetic diagnostics: development of a comprehensive workflow for the analysis of BRCA1 and BRCA2 genes. *European Journal of Human Genetics* 2013;21(8):864–870 DOI 10.1038/ejhg.2012.270.
- Foulkes W.D.** Inherited susceptibility to common cancers. *The New England Journal of Medicine* 2008;359(20):2143–2153 DOI 10.1056/NEJMra0802968.
- Kuchenbaecker K.B., Hopper J.L., Barnes D.R., Phillips K.A. et al.** Risks of breast, ovarian, and contralateral breast cancer for BRCA1 and BRCA2 mutation carriers. *JAMA* 2017;317(23):2402–2416 DOI 10.1001/jama.2017.7112.
- Kuchenbaecker K.B., Neuhausen S.L., Robson M., Barrowdale D. et al.** Associations of common breast cancer susceptibility alleles with risk of breast cancer subtypes in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers. *Breast Cancer Research* 2014;16(6):3416 DOI 10.1186/s13058-014-0492-9.
- Litton J.K., Rugo H.S., Ettl J., Hurvitz S.A., Gonçalves A., Lee K-H. et al.** Talazoparib in patients with advanced breast cancer and germline BRCA mutation. *New England Journal of Medicine* 2018;379(8):753–763 DOI 10.1056/NEJMoa1802905.
- Loman N.J., Misra R.V., Dallman T.J., Constantinidou C., Gharbia S.E., Wain J., Pallen M.J.** Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nature Biotechnology* 2012;30(5):434–439 DOI 10.1038/nbt.2198.

- Lucky M.H., Baig S., Hanif M., Asghar A.H.** Systematic review: Comprehensive methods for detecting BRCA1 and BRCA2 mutations in breast and ovarian cancer. *Asian Pacific Journal of Cancer Biology*, 2025; 10(1), 229–238. <https://doi.org/10.31557/APJCB.2025.10.1.229>
- Ottini L., Silvestri V., Saieva C., Rizzolo P., Zanna I. et al.** Association of low-penetrance alleles with male breast cancer risk and clinicopathological characteristics: results from a multicenter study in Italy. *Breast Cancer Research and Treatment* 2013;138(3):861–868 DOI 10.1007/s10549-013-2459-4.
- Oza A.M., Matulonis U.A., Malander S. Hudgens S., Sehouli J., del Campo J.M. et al.** Quality of life in patients with recurrent ovarian cancer treated with niraparib versus placebo (ENGOT-OV16/NOVA): results from a double-blind, phase 3, randomised controlled trial. *Lancet Oncology* 2018;19(8):1117–1125 DOI 10.1016/S1470-2045(18)30333-4.
- O’Sullivan Coyne G., Chen A., Kummar S.** Delivering on the promise: poly ADP ribose polymerase inhibition as targeted anticancer therapy. *Current Opinion in Oncology* 2015;27(6):475–481 DOI 10.1097/CCO.0000000000000238.
- Peterlongo P., Chang-Claude J., Moysich K.B., Rudolph A., Schmutzler R.K. et al.** Candidate genetic modifiers for breast and ovarian cancer risk in BRCA1 and BRCA2 mutation carriers. *Cancer Epidemiology Biomarkers & Prevention* 2015;24(1):308–316 DOI 10.1158/1055-9965.EPI-14-0532.
- Robson M., Im S-A., Senkus E., Xu B., Domchek S.M., Masuda N., Delaloge S., Li W., Tung N., Armstrong A., Wu W., Goessl C., Runswick S., Conte P.** Olaparib for metastatic breast cancer in patients with a germline BRCA mutation. *New England Journal of Medicine* 2017;377(6):523–533 DOI 10.1056/NEJMoa1706450.
- Rothberg J.M., Hinz W., Rearick T.M., Schultz J., Mileski W., Davey M. et al.** An integrated semiconductor device enabling non-optical genome sequencing. *Nature* 2011;475(7356):348–352 DOI 10.1038/nature10242.
- Skoczylas S., Płoszaj T., Drózdź I., Moczulska H., Serafin M., Piekarska K., Wojtyczka O., Żeżawska K., Zmysłowska A.** Germline BRCA1/2 Variants in Polish Patients with Family History of Breast and Ovarian Cancer: Prevalence, CNV Detection, and Identification of a Novel Loss-of-Function Mutation. *Current Oncology*, 2026;33(1):10. <https://doi.org/10.3390/currenol33010010>
- Stewart R.A., Pilié P.G., Yap T.A.** Development of PARP and immune-checkpoint inhibitor combinations. *Cancer Research* 2018;78(24):6717–6725 DOI 10.1158/0008-5472.CAN-18-2652.
- Voelkerding K.V., Dames S.A., Durtschi J.D.** Next-generation sequencing: from basic research to diagnostics. *Clinical Chemistry* 2009;55(4):641–658 DOI 10.1373/clinchem.2008.112789.
- Wallace A.J.** New challenges for BRCA testing: a view from the diagnostic laboratory. *European Journal of Human Genetics* 2016;24(S1):S10–S18 DOI 10.1038/ejhg.2016.94.

NGS VƏ MLPA METODLARININ AZƏRBAYCANLI SÜD VƏZİ XƏRÇƏNGİ OLAN PASİYENTLƏRDƏ BRCA1/2 GENLƏRİNDƏ PATOGEN VARIANTLARIN AŞKARLANMASINDA TƏTBIQI

Zümrüd Səfərzadə

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

BRCA1 və BRCA2 genlərində irsi mutasiyalar süd vəzi və yumurtalıq xərçənginin inkişafının əsas amillərindən biri olub, ömürboyu yüksək onkoloji risklə assosiasiya olunur. İki zəncirli DNT qırılmalarının homoloji rekombinasiya yolu ilə reparasiyasında iştirak edən bu genlərin funksiyasının

pozulması genomik qeyri-sabitliyə və hüceyrələrin bədxassəli transformasiya ehtimalının artmasına səbəb olur. Bundan əlavə, germinal mutasiyaların aşkar edilməsi mühüm klinik əhəmiyyət daşıyır, çünki bu, hədəfli terapiyaya, o cümlədən PARP inhibitorlarına və platin tərkibli preparatlara həssaslığın müəyyən edilməsinə imkan verir. Tədqiqatın məqsədi süd vəzi xərçəngi olan pasiyentlərdə BRCA1 və BRCA2 genlərinin molekulyar-genetik analizinin aparılması və yeni nəsillərdə sekvensləmə (NGS) və MLPA metodlarının kombinə olunmuş tətbiqinin diaqnostik effektivliyinin qiymətləndirilməsi olmuşdur.

Tədqiqata 2017–2023-cü illərdə müayinə və müalicə almış, yaşı 22-dən 90-a qədər olan (xəstəliyin orta manifestasiya yaşı — 58 il) 148 pasiyent daxil edilmişdir. Bütün pasiyentlərdə ilkin molekulyar-genetik test aparılmış, şişin üçqat neqativ fenotipinə malik 17 pasiyentdə isə NGS metodu ilə dərinləşdirilmiş analiz icra olunmuş və iri genom yenidənqurmalarını istisna etmək məqsədilə sonradan MLPA tətbiq edilmişdir. Kitabxanaların hazırlanması hədəfli paneldən istifadə olunmaqla aparılmış, sekvensləmə MiSeq platformasında orta hesabla 100× örtük dərinliyi ilə həyata keçirilmişdir. Aşkarlanmış variantların interpretasiyası beynəlxalq məlumat bazaları və patogenlik proqnozlaşdırma proqramlarından istifadə edilməklə ACMG tövsiyələrinə uyğun şəkildə aparılmışdır.

Nəticədə, müayinə olunan 17 pasiyentdən 14-də (82,4%) patogen və ehtimal olunan patogen variantlar aşkar edilməmişdir. 3 pasiyentdə (17,6%) klinik əhəmiyyətli dəyişikliklər müəyyən edilmişdir; bunlara heteroziqot vəziyyətdə olan missens-variant, nonsens-mutasiya və freymşift delesiyası daxildir ki, bunlar translasiya prosesinin vaxtından əvvəl dayanmasına və zülal funksiyasının itirilməsinə səbəb ola bilər. MLPA metodu ilə iri delesiyalar və duplikasiyalar aşkar edilməmişdir. Əldə olunan nəticələr NGS və MLPA metodlarının kompleks tətbiqinin yüksək diaqnostik dəyərini təsdiqləyir və Azərbaycan populyasiyasında mutasiyaların tezliyi və spektrinin daha dəqiq müəyyənləşdirilməsi üçün əlavə tədqiqatların aparılmasının vacibliyini vurğulayır.

Açar sözlər: *BRCA1, BRCA2, süd vəzi xərçəngi, yeni nəsillərdə sekvensləşdirmə, NGS, MLPA, germinal mutasiyalar*

APPLICATION OF NGS AND MLPA METHODS FOR THE DETECTION OF PATHOGENIC VARIANTS IN THE BRCA1/2 GENES IN AZERBAIJANI PATIENTS WITH BREAST CANCER

Zumrud Safarzade

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

Hereditary mutations in the BRCA1 and BRCA2 genes are among the key factors in the development of breast and ovarian cancer and are associated with a high lifetime risk of oncological disease. Impairment of these genes, which are involved in homologous recombination repair of DNA double-strand breaks, leads to genomic instability and an increased likelihood of malignant cell transformation. Furthermore, the identification of germline mutations has important clinical significance, as it determines sensitivity to targeted therapies, including PARP inhibitors and platinum-based agents. The aim of the present study was to perform a molecular genetic analysis of the BRCA1 and BRCA2 genes in patients with breast cancer and to evaluate the diagnostic effectiveness of the combined use of next-generation sequencing (NGS) and MLPA methods.

The study included 148 patients aged 22 to 90 years (mean age at manifestation — 58 years) who underwent examination and treatment between 2017 and 2023. All patients received primary molecular genetic testing, and 17 patients with a triple-negative tumor phenotype underwent extended analysis using NGS, followed by MLPA to exclude large genomic rearrangements. Library preparation was performed using a targeted panel, and sequencing was carried out on the MiSeq platform with an average coverage depth of 100×. The interpretation of identified variants was conducted in accordance with ACMG guidelines, using international databases and pathogenicity prediction tools.

As a result, no pathogenic or likely pathogenic variants were detected in 14 of the 17 examined patients (82.4%). Clinically significant alterations were identified in 3 patients (17.6%), including a missense variant, nonsense mutations, and a heterozygous frameshift deletion, potentially leading to

premature termination of translation and loss of protein function. No large deletions or duplications were detected by MLPA. The obtained data confirm the high diagnostic value of the combined NGS+MLPA approach and highlight the need for further studies to clarify the frequency and mutation spectrum in the Azerbaijani population.

Keywords: *BRCA1, BRCA2, breast cancer, next-generation sequencing, NGS, MLPA, germline mutations.*

Çapa təqdim etmişdir: *Bayram Bayramov, t.ü.f.d.*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *27.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *25.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *27.04.2026*

III. BİOKİMYA və FİZİOLOGİYA | BIOCHEMISTRY and PHYSIOLOGY

UOT 633:11:63:523:575

MÜXTƏLİF BƏRK BUĞDA NÜMUNƏLƏRİNİN DƏNLƏRİNDƏ QLIADİNKODLAŞDIRAN LOKUSLARIN ALLELLƏRİNİN RASTGƏLMƏ TEZLİYİNƏ GÖRƏ QİYMƏTLƏNDİRİLMƏSİ

HAMLET SADIQOV*, ƏKBƏR KƏRİMOV, SEVİL SADIQOVA, GÜLGƏZ MƏMMƏDOVA, GÜNEL TAHİROVA

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu, Bakı ş. Az. 1106, Azadlıq pr.155

hamlet.sadiqov@yahoo.com

Tədqiqat işində bərk buğdanın yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının 24 və 107 müxtəlif mənşəli nümunələrindən istifadə edilmişdir. Məqsəd bərk buğdanın (*T. durum* Desf.) Arandəni, Bozax, Ağ buğda, Sarı buğda, Sirvan buğda, Qara buğda, Qaraqılçıq yerli, Mirbəşir 50, Sevinc, Qızılbuğda, Kəhrəba, Tərtər, Tərtər 2, Turan, Qaraqılçıq 2, Əlincə 84, Şiraslan 23, Mirvari, Vüqar 80, Muğan və Qarabağ kimi yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının dənələrində ehtiyat zülallarının elektroforetik analizinə əsasən qliadin Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A, Gli 6B allellərinin polimorfizmi və rastgəlmə tezliyinin tədqiq edilməsi olmuşdur. Belə ki, xalq seleksiyası sortları arasında Gli 1A14, Gli 1A18, Gli 1B18 və Gli 1B19 lokuslarının allel komponentlər blokları az rast gəlinir. Bərk buğda sortlarında Gli 1A3, Gli 1A13 və Gli 1A15 qliadin allel komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyi digərlərinə nisbətən daha çoxdur. Belə ki, bərk buğdanın müxtəlif mənşəli nümunələrdə 1A xromosomunun qısa çiyində lokallaşan Gld 1A lokusunun Gli 1A9 (13%), Gli 1A3 (11%), Gli 1A7(7.5%), Gli 1A8 (9.4%), Gli1A15 (6.5%), Gli 1A19 (7.5%), Gli 1A5(6.5%) və Gli 1A13 (5.6%), Gli 1A1(4.7%), Gli 1A12 (5.6%) allelləri ən çox rast gəlinmişdir. Qliadinkodlaşdıran lokusun Gli 1A9 allel komponentlər bloku *v.boueffi*, *v.coerulescens*, *v.leucomelan*, *v.melanopus*, *v.apulicum*, *v.niloticum*, *v.provinciale* və *v.obscrum* nümunələrində daha çox rast gəlinmişdir. Həmin lokusun Gli 1A3komponentlər blokuna *v.melanopus*, *v.alboprovinciale*,*v.apulicum*, *v.leucurum* və *v.hordeiforme* nümunələrində rast gəlinmişdir.Qliadinkodlaşdıran 1B lokusunun daha çox rast gəlinən allel komponent blokları Gli 1B9, Gli 1B14 və Gli 1B17-dir ki, bu qliadinkodlaşdıran lokuslar dənənin keyfiyyət göstəricilərinin markerləri olan əsas allel komponentlər bloklarındandır. Alınan nəticələrin müqayisəsi onu göstərir ki, bərk buğdalarda qliadinkodlaşdıran lokusların elektroforeqramları və onları təşkil edən allel komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyinin müxtəlif olması, onların marker əsaslı seleksiyada istifadəsini genetik cəhətdənşərtləndirir.

Açar sözlər: buğda, dən, lokus, allel, zülal, qliadin, komponentlər bloku

GİRİŞ

Kəskin antropogen və təbii iqlim dəyişkənliklərinin baş verdiyi bir zamanda ərzaq təhlükəsizliyinin mühüm elementi olan bərk buğda sortvə nümunələrinin genetik müxtəlifliyinin öyrənilməsi günün aktual məsələlərindən biridir. Dünyada insanların ərzaqla təmin edilməsi üçün əsasən yumşaq və bərk buğda sortları əkilb becərilir. Belə ki, buğda dəninin endosperminin əsasını ehtiyat zülalları qliadin və qlüteninlər təşkil edir. Bu zülalların sintezini kodlaşdıran allel genlərin identifikasiyası və bu allellərin rastgəlmə tezliyinin öyrənilməsi çox mühümdür. Bu zülalların sintezinə nəzarət edən genlərin oxşar struktur quruluşa malik olması və bu struktur genlərin nukleotid ardıcılıqlarında yalnız ekzon hissələrinin olması, bu zülalların gen ekpressiyasının ilk məhsulu olduğundan bitki genotiplərinin polimorfizmi, identifikasiyası, pasportlaşdırılması, onların genetik adaptasiyası, təkamülü və filogenezinin öyrənilməsi kimi <https://doi.org/10.61642/202621>

elmi məsələlərin həllində də genetik marker kimi əhəmiyyəti çox böyükdür (Созинов А.А. 1985; Драгович и др. 2009; Кудрявцев, 2014; Губарева. и др. 2015; Sadigov,2015; Kərimov Ə.У. və b. 2025).

Buğda bitkisi qədim Misirdə eramızdan 6000 il, Azərbaycanada isə 3500-5000 il əvvəl becərilmişdir (Вавилов, 1938; Мустафаев, 1961). Ona görə də bir çox alimlər Ön Asiyanı və o cümlədən, Azərbaycanı haqlı olaraq buğda bitkisinin və əsasən də bərk buğdanın mənşə mərkəzlərindən biri hesab edirlər (Вавилов, 1938; Мустафаев, 1961; Жуковский, 1964; Алиев, 2006).

Ehtiyat zülalları qliadinlərin molekullarına və polipeptidlərin yüklü zərrəciklərinin gəldə hərəkətinə görə elektroforeqramını şərti olaraq 4 (α -, β -, γ -, ω -) zonaya ayırırlar (Hamaizu et.al., 1972; Созинов, 1985; Həsənova, 2015). Müxtəlif zonalarda yerləşən qliadin EF komponentləri bir-birindən aminturşu tərkibinə görə fərqlənilirlər. Belə ki, γ - qliadinlər α - və β - qliadinlərdən aspargin, prolin, metionin və triptofanın miqdarının çoxluğu, ω - qliadinlər isə digərlərindən tərkibində sisteinin olmaması və onların aminturşu tərkibinin 80%-dən çoxunu təşkil edən qlutamin (40-50%), prolin (20-30%) və fenilalaninin (7-9%) yüksək miqdarda olması ilə fərqlənilirlər (Созинов, 1985). Fiziki və kimyəvi xüsusiyyətlərinə görə qliadinləri iki qrupa ayırmaq olar. Birinci qrupa α -, β - və γ - qladınları aid etmək olar ki, onların molekullarında kükürlü amin turşular olduğundan, molekul daxili rabitələr hesabına üçüncülü quruluş əmələ gətirirlər. İkinci qrupa ω - qliadinlər daxildir ki, onlar da kükürlü amin turşular olan metionin və sisteindən məhrumdurlar (Созинов, 1985; Anderson, 1997). Ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən qliadin- və qlüteninkodlaşdıran lokusların allel komponentlər blokları universal zülal genetik markerlərdir. Buğda dənində ehtiyat zülallarının sintezləyən qliadin- və qlüteninkodlaşdıran lokusların elektroforetik komponentlərinin genetik determinə olunmuş əlamət kimi nəsil-dən-nəslə irsən keçməsi, torpaq-iqlim və becərmə şəraitindən asılı olmayaraq dəyişmədən sabit qalması, onlardan genetik müxtəlifliyin tədqiqi və seleksiya prosesinin sürətləndirilməsi prosesində universal genetik markerlər kimi istifadə edilməsi elmi-nəzəri və praktiki əhəmiyyətini saxlamaqdadır (Созинов, 1985; Мельникова, 2010; Фисенко и др, 2023; Садыгова и др. 2024). Bu zülal genetik markerləri ilə bərk buğdanın yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının (*T. durum* Desf.) və digər bərk buğda nümunələrinin dənələrində qliadinkodlaşdıran Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A, Gli 6B lokusların allellərinin polimorfizmi tədqiq edilmişdir.

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqat işində bərk buğdanın 24 sortu və 107 müxtəlif mənşəli nümunələrindən istifadə edilmişdir. Bu bərk buğda nümunələrinin dənələrində qliadin ehtiyat zülallarının qliadinkodlaşdıran lokuslarının elektroforetik analizi poliakrilamid gelində (A-PAGE) və qlisinasetat buferində (pH 3.1) W.Bushuk və R.R.Zilmanın (1978) metoduna əsasən F.A.Poperelyanın (1989) modifikasiya edilmiş metodu ilə aparılmışdır.

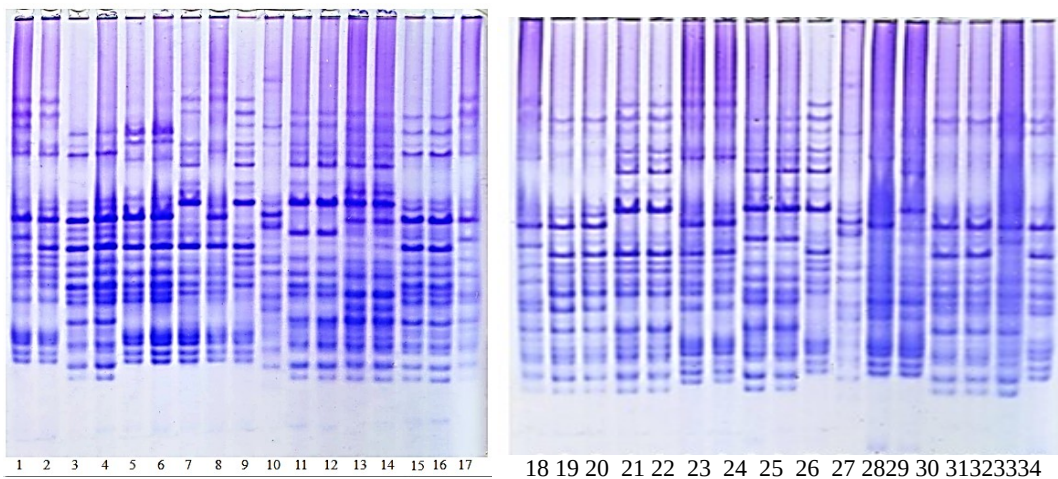
Dəndə qliadin ehtiyat zülallarının ekstraksiyası üçün 1 ədəd dən götürülərək döyülüb, 1.5 ml həcmli sınaq şüşəsinə əlavə edildikdən sonra üzərinə 250 ml 70%-li etanol sipirti tökülür. Mexaniki qarışdırıcı ilə sınaq şüşəsində olan ekstrakt qarışdırılır və otaq temperaturunda yarım saat saxlanılır. Həmin ekstraktdan qliadin ehtiyat zülallarını ayırmaq üçün 5 dəqiqə 2500 dövr sürət ilə sentrifugada çökdürülür. Ayrılan qladın ehtiyat zülalından avtomat pipet ilə 0.1 ml götürülərək yeni sınaq şüşəsinə töküldükdən sonra üzərinə 0.2 ml sidik cöhəri (9 mol.) əlavə edilir. Həmin zülal supertanantı bir sutkadan sonra şaquli elektroforez aparatında analiz edilir. Alınan gel Kummassi R-250 məhlulu ilə boyandıqdan sonra su ilə yuyulur və iki sutka su dəyişdirilməklə suda qalaraq tam yuyulur və skayner edilərək şəkilli çəkilir. Qliadin ehtiyat zülallarının poliakrilamid gelindən alınmış şəkil üzərində qliadin elektroforeqramlarının allel komponentlərinin müəyyən edilməsi və yeni rastgəlinən allellərin identifikasiyası həyata keçirilir.

NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ

Bərk buğdanın Arandəni, Bozax, Ağ buğda, Sarı buğda, Sirvan buğda, Qara buğda, Qaraqılçıq yerli, Mirbəşir 50, Sevinc, Qızılbuğda, Kəhrəba, Tərtər, Tərtər 2, Turan, Qaraqılçıq 2, Əlincə 84, Şiraslan 23, Mirvari, Vüqar 80, Muğan və Qarabağ yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının dənlərinin ehtiyat zülallarının elektroforetik analizinə əsasən qliadinkodlaşdıran və Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A və Gli 6B allel genlərinin nəzarət etdiyi allel komponentlər blokları identifikasiya edilmiş və alınan nəticələr Cədvəl 1-də və Şəkil 1-2-də öz əksini tapmışdır. Alınan nəticələrə nəzər saldıqda görürük ki, xalq və elmi seleksiya sortlarında qliadinkodlaşdıran lokusların allellərinin rastgəlmə tezliyi müxtəlifdir. Belə ki, xalq seleksiyası sortları arasında Gli 1A14, Gli 1A18, Gli 1B18 və Gli 1B19 lokuslarının allel komponentlər blokları az rast gəlinir. Digər qliadinkodlaşdıran lokusların Gli 6A və Gli 6B allel komponentlər blokları xalq və elmi seleksiya sortlarında eyni dərəcədə rast gəlinir. Bərk buğda sortlarında Gli 1A3, Gli 1A13 və Gli 1A15 qliadin allel komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyi digərlərinə nisbətən daha çoxdur. Qliadinkodlaşdıran 1B lokusunun daha çox rast gəlinən allel komponent blokları Gli1B9, Gli1B14 və Gli 1B17-dir. Alınan nəticələrin müqayisəsi onu göstərir ki, bərk buğdalarda qliadinkodlaşdıran lokusların elektroforeqramları və onları təşkil edən allel komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyi müxtəlifdir. Standart kimi götürülmüş Bərəkətli 95 və Langdon bərk buğda sortlarının qliadinkodlaşdıran lokuslarının allelləri bir-birindən kəskin fərqlənirlər. Bərəkətli 95 bərk buğda sortunda qliadin və qlütenin ehtiyat zülallarının sintezinə nəzarət edən genlər Gli 1A 3, Gli1B 14, Gli 6A 3, Gli 6B10 olmaqla, Langdon sortu – Gli A1^d c (Gld 1A3), Gli B1^d a (Gli 1B3), Gli A2^d o (Gli 6A1), Gli B2^d a (Gli 6B1) və Şərq sortu isə Gli 1A 12, Gli 1B12, Gli 6A5, Gli 6B2 allel komponentlər bloklarına malikdirlər. Bərk buğdanın Langdon sortunda Gld 6A3 allelinə də rast gəlinir ki, bu da sortun heterogenliyi ilə xarakterizə olunur.

Bərk buğda sortlarının digər Gli 6B qliadinkodlaşdıran lokusunun allel komponentlər blokları yeni identifikasiya olunmuş allel komponentlər bloklarıdır. Bu bərk buğda sort və nümunələri arasında Gli 6B1, Gli 6B3 və Gli 6B10 allel bloklarının rastgəlmə tezliyi digərlərinə nisbətən daha üstündür. Bərk buğda sortlarının dənələrində Gli 6A qliadinkodlaşdıran lokusunun allel komponentlər bloklarından ən çox rast gəlinənlər Gli 6A3, Gli 6A4 və Gli 6A5-dir.

Qarabağ bərk buğda sortu Gli 1A, Gli 1B və Gli 6A lokuslarının allellərinə görə heterogendir. Belə ki, Gli 1A12 ilə yanaşı Gli 1A18, Gli 1B12 ilə yanaşı Gli 1B 17 allel komponentlər blokuna rast gəlinir.



Şəkil 1-2. Bərk buğdanın yerli xalq və elmi seleksiya sortlarının dənələrinin qliadinkodlaşdıran lokuslarının elektroforeqramları: 1-2- Bərəkətli 95; 3-4- Sarı buğda; 5-6- Mirvari; 7-8- Vüqar 80; 9- Langdon (sort-marker); 10- Anza (*T. aestivum* L.); 11-12- Cəfəri; 13-14- Tərtər; 15-16- Qara buğda; 17-18-Kəhrəba., 19-20- Şirvan buğda; 21-22-- Qaraqılçıq 2; 23-24- Turan; 25-26- Şərq; 27- Langdon (sort-marker); 28- Anza (*T. aestivum* L.); 29-30- Qarabağ; 31-32- Bozax; 33-34- Sevinc.

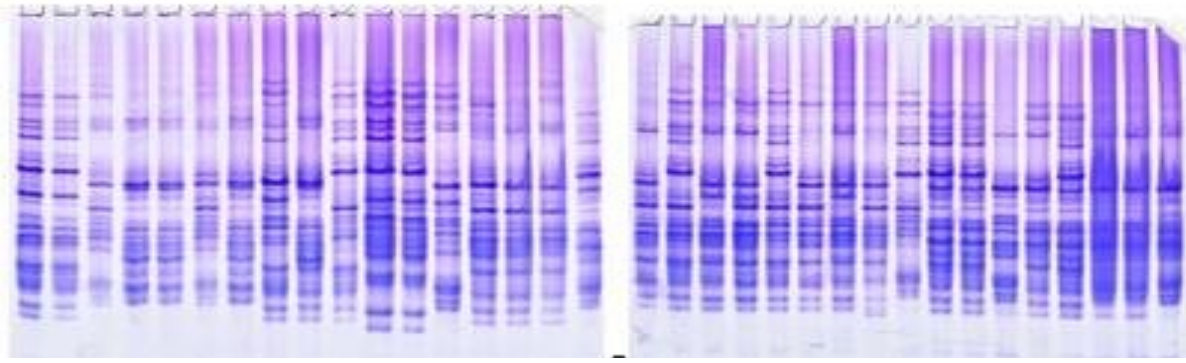
Cədvəl 1.

Bərk buğda sortlarının dənələrində qliadinkodlaşdıran lokuslarının allellik komponentlər blokları

Sıra №-si	Sortların adı və növmüxtəlifliyi	EF analizi edilmiş dənələrin sayı	1A, 1B, 6A, 6B homeoloji xromosomlarında qliadinkodlaşdıran lokusların (Gli) allelləri			
			1A	1B	6A	6B
1	Qarabağ (<i>v. provinciale</i>)	2	12+18	12+17	1+3	12
2	GR 8670 (<i>v. hordeiforme</i>)	2	13	14	4	4
3	Şiraslan 23 (<i>v. leucurum</i>)	2	3	17	3	2
4	Cəfəri (<i>v. horano-leucurum</i>)	2	12	12	5	2
5	Ağ buğda (<i>v. leucurum</i>)	2	15	16	3	11
6	Bərəkətli 95 (<i>v. hordeiforme</i>)	2	13	14	3	1
7	Mirvari (<i>v. leucurum</i>)	2	15	9	3	3
8	Sarı buğda (<i>v. leucurum</i>)	2	15	9	4	3
9	Langdon st. (<i>v. hordeiforme</i>)	2	3	3	1	1
10	Əlincə 84 (<i>v. leucurum</i>)	2	3	14	4	6
11	Şərq (<i>v. leucurum</i>)	2	12	12	5	2
12	Qaraqılçiq yerli (<i>v. melanopus</i>)	2	15	9	6	3
13	Qızılbuğda (<i>v. hordeiforme</i>)	2	13	15	3	9
14	Bozağ (<i>v. hordeiforme</i>)	2	16	18	1	4
15	Kəhraba (<i>v. leucurum</i>)	2	3	14	4	11
16	Şirvan buğda (<i>v. hordeiforme</i>)	2	16	9	1	10
17	Vüqar 80 (<i>v. leucurum</i>)	2	3	3	2	6
18	Tərtər 2 (<i>v. albo-provinciale</i>)	2	15	9	9	4
19	Arandəni (<i>v. apulicum</i>)	2	15	9	5	11
20	Tərtər (<i>v. provinciale</i>)	2	13	12	6	6
21	Muğan (<i>v. leucurum</i>)	2	3	17	4	2
22	Turan (<i>v. leucomelan</i>)	2	3	19	5	8
23	Mirbəşir 50 (<i>v. leucurum</i>)	2	14	17	4	10
24	Qaraqılçiq 2 (<i>v. apulicum</i>)	2	3	3	5	1

Bərk buğdanın yerli və müxtəlif mənşəli nümunələrinin dənələrində ehtiyat zülalı qliadinin sintezinə nəzarət edən lokusların yeni allellik komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyi müəyyən edilmişdir (Şəkil 3-4). Bu zülal markerlərindən bərk buğda nümunələrinin qliadinkodlaşdıran lokuslarının allellərinə görə polimorfizminin qiymətləndirilməsi, onlardan marker əsaslı seleksiyada istifadəni məqsədmüvafiq edir (Sadigov, 2015, Губарева и.др., 2015).

Bərk buğdanın 107 nümunəsinin dənələrinin endospermində ehtiyat zülallarının qliadinkodlaşdıran lokuslarının allellik komponentlərinin elektroforetik analizi aparılmış və bu nümunələrdə qliadinkodlaşdıran Gld1A, Gld1B, Gld6A, Gld 6B lokuslarının allellərinin rastgəlmə tezliyi öyrənilmişdir (Cədvəl 2). Müxtəlif mənşəli bərk buğdanın bu nümunələrinin dənələrində aparılan elektroforetik analiz nəticəsində qliadinkodlaşdıran lokusların – Gld 1A, Gld 1B, Gld 6A və Gld 6B allellərinin rastgəlmə tezliyi müəyyən edilmiş və yeni allellər identifikasiya olunmuşdur.



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34

Şəkil 3-4. Bərk buğdanın (*T. durum* Desf.) növmüxtəlifliklərinin dənələrinin qlidinkodlaşdıran lokuslarının elektroforeqramları: 1-12- *v. leucurum* (10 k-175, 10k-1, 10k-9, 10k-29, 10k-11, 10k-20, 10k-21, 09k-1, 09k-2, 10k-10, 09k-3, 10k-34);13- st. Bərəkətli 95; 14-15- *v. melanopus* (09k-51, 09k-52); 16- *v. leucomelan* (09k-39); 17- *v. boeufii*; 18-25- *v. apulicum* (09k-31, 10k-147, 09k-25, 09k-26, 09k-27, 09k-28, 09k-29, 10k-150); 26- st. Langdon; 27-29- *v. boeufii* (09k-77, 09k-75, 09k-76); 30- st. Tərtər; 31-34- *v. boeufii* (09k-78, 10k-158, 09sp-146, 09sp-147).

Ehtiyat zülallarının qlidinkodlaşdıran lokuslarının polimorfizminə əsasən identifikasiya edilmiş qlidin allel komponentlər blokları ilə eyni lokusda yerləşən bəzi kəmiyyət və keyfiyyət əlamətləri kodlaşdıran allellərin ilişikli olması, bu zülal markerləri ilə seleksiyada yeni məhsuldar və keyfiyyətli xətlərin və sortların alınmasını şərtləndirmiş olur.

Cədvəl 2.

Yerli və müxtəlif mənşəli bərk buğda nümunələrinin qlidinkodlaşdıran lokuslarının allelləri

Sıra №	Kataloq №-si	Mənşəyi	Növmüxtəlifliyi	Gli 1A	Gli 1B	Gli 6A	Gli6B
1	2	3	4	5	6	7	8
1	BBRFS 09k-175	Abşeron	<i>v.leucurum</i>	1	1	5	2
2	BBRFS 10k-1	Naxçıvan	<i>v.leucurum</i>	1	1	5	2
3	BBRFS 10k-9	Oğuz	<i>v.leucurum</i>	5	2	2	3
4	BBRFS 10k-29	Abşeron	<i>v.leucurum</i>	4	2	6	4
5	BBRFS 10k-11	Abşeron	<i>v.leucurum</i>	4	2	6	4
6	BBRFS 10k-20	Abşeron	<i>v.leucurum</i>	5	2	2	2
7	BBRFS 10k-21	Abşeron	<i>v.leucurum</i>	6	2	6	2
8	BBRFS 09k-1	Naxçıvan	<i>v.leucurum</i>	7	3	4	4
9	BBRFS 09k-2	Naxçıvan	<i>v.leucurum</i>	2	2	1	2
10	BBRFS 10k-10	Naxçıvan	<i>v.leucurum</i>	3	3	5	1
11	BBRFS 09k-3	Oğuz	<i>v.leucurum</i>	7	8	7	5
12	BBRFS 10k-34	Oğuz	<i>v.leucurum</i>	7	8	7	5
13	Qaraqılçiq2 st.	AETƏİ	<i>v.apulicum</i>	13	14	3	10
14	BBRFS 09k-51	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	9	4	4	9
15	BBRFS 09k-52	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	9	4	4	9
16	BBRFS 09k-39	Oğuz, Bayan k.	<i>v.leucomelan</i>	9	4	4	9
17	BBRFS 09k-53	Fransa	<i>v.boeufii</i>	11	1	3	8
18	BBRFS 09k-31	Dərbənd/İspaniya	<i>v.apulicum</i>	10	17	4	13
19	BBRFS 10k-147	Suriya	<i>v.apulicum</i>	3	8	5	13
20	BBRFS 09k-25	Abşeron	<i>v.apulicum</i>	12	6	10	13
21	BBRFS 09k-26	Portuqaliya	<i>v.apulicum</i>	10	6	10	15
22	BBRFS 09k-27	Yunanıstan	<i>v.apulicum</i>	3	8	5	13

23	BBRFS 09k-28	Portuqaliya	<i>v.apulicum</i>	9	6	4	16
24	BBRFS 09k-29	Şamaxı	<i>v.apulicum</i>	12	6	10	13
25	BBRFS 09k-150	Abşeron	<i>v.apulicum</i>	9	6	16	16
26	Langdon st.	ABŞ	<i>v.hordeiforme</i>	3	8	15	1
27	BBRFS 09k-77	Oğuz, Bucağ k.	<i>v.boeufii</i>	12	1	5	2
28	BBRFS 09k-75	Şabran	<i>v.boeufii</i>	12	1	5	2
29	BBRFS 09k-76	Dərbənd	<i>v.boeufii</i>	9	17	2	7
30	Tərtər st.	AETƏİ	<i>v.provinciale</i>	9	7	4	2
31	BBRFS 09k-78	Abşeron	<i>v.boeufii</i>	13	12	5	6
32	BBRFS 10k-158	Abşeron	<i>v.boeufii</i>	9	6	5	2
33	BBRFS 09k-46	Abşeron	<i>v.boeufii</i>	9	6	15	2
34	BBRFS 09k-47	Oğuz.	<i>v.boeufii</i>	9	6	3	1
35	BBRFS 10k-121	Qarayazı	<i>v.alboprovincial</i>	15	1	5	2
36	BBRFS 09k-95	Qarayazı	<i>v.alboprovincial</i>	15	1	5	2
37	BBRFS 10k-122	Tərtər	<i>v.alboprovincial</i>	15	1	5	2
38	BBRFS 09k-97	Tərtər	<i>v.alboprovincial</i>	15	1	5	2
39	BBRFS 09k- 85	Bərdə	<i>v.alboprovincial</i>	15	1	5	2
40	BBRFS 09k-99	Şəki	<i>v.alboprovincial</i> <i>e</i>	15	17	2	16
41	BBRFS 14k-94	Abşeron	<i>v.alboprovincial</i> <i>e</i>	3	8	7	5
42	BBRFS 14k-95	Abşeron	<i>v.alboprovincial</i> <i>e</i>	3	8	7	5
43	BBRFS 09k-124	Oğuz	<i>v.alboprovincial</i> <i>e</i>	5	19	2	1
44	Bərəkətli 95 st.	AETƏİ	<i>v.hordeiforme</i>	13	14	3	10
45	BBRFS 09k-101	Abşeron	<i>v.murciense</i>	8	2	2	16
46	BBRFS 10k-	Abşeron	<i>v.muticoerule</i> <i>s</i>	15	2	4	16
47	BBRFS 09k-123	Abşeron	<i>v.libycum</i>	14	1	3	19
48	BBRFS	Abşeron	<i>v.muticoaplicum</i>	16	1	3	19
49	BBRFS 09k-105	Abşeron	<i>v.obscurum</i>	12	12	5	2
50	BBRFS 13k-191	Abşeron	<i>v.obscurum</i>	17	1	4	11
51	BBRFS	Abşeron	<i>v.reichenbachii</i>	18	9	3	10
52	BBRFS 14k-80	Saray	<i>v.obscurum</i>	9	6	2	19
53	BBRFS 14k-101	Şamaxı	<i>v.alexandrinum</i>	4	10	15	17
54	BBRFS 14k-102	Dərbən	<i>v.alexandrinum</i>	5	10	3	8
55	BBRFS 14k-90	Abşeron	<i>v.alexandrinum</i>	16	12	6	15
56	BBRFS 14k-94	Abşeron	<i>v.alboprovincial</i> <i>e</i>	7	12	6	17
57	Şərq st.	AETƏİ	<i>v.leucurum</i>	12	12	5	12
58	BBRFS09k-83	Oğuz	<i>v.erythromelan</i>	5	10	2	10
59	BBRFS 09k-84	Abşeron	<i>v. erythromelan</i>	5	10	4	10
60	BBRFS 09k-85	Dərbənd/İtaliya	<i>v. erythromelan</i>	5	8	18	18
61	BBRFS 09k-86	Dərbənd/İtaliya	<i>v. erythromelan</i>	8	8	3	1
62	BBRFS 09k-87	Meksika	<i>v. erythromelan</i>	8	8	4	1
63	BBRFS 09k-88	Portuqaliya	<i>v. erythromelan</i>	5	14	4	10
64	BBRFS 09k-89	Şamaxı	<i>v. erythromelan</i>	7	8	16	15
65	BBRFS 09k-90	Şamaxı	<i>v. erythromelan</i>	7	8	16	15

66	BBRFS 09k-91	Abşeron	<i>v. erythromelan</i>	7	14	2	16
67	BBRFS 09k-	Abşeron	<i>v. erythromelan</i>	7	8	5	2
68	BBRFS 14k-98	Qarayazı	<i>v.alboprovinciale</i>	6	17	5	10
69	BBRFS 09k-50	Şamaxı	<i>v.hordeiforme</i>	13	10	2	4
70	BBRFS 09k-56	Abşeron	<i>v.hordeiforme</i>	8	8	4	1
71	BBRFS 09k-57	Masallı	<i>v.hordeiforme</i>	19	10	12	1
72	BBRFS 09k-51	Abşeron	<i>v.hordeiforme</i>	8	13	4	17
73	BBRFS 09k-52	Dərbənd	<i>v.hordeiforme</i>	8	13	3	17
74	BBRFS 09k-53	Dərbənd (ABŞ)	<i>v.hordeiforme</i>	8	8	2	1
75	BBRFS 09k-54	Dərbənd (Kanada)	<i>v.hordeiforme</i>	8	8	4	1
76	BBRFS 09k-55	Naxçıvan	<i>v.hordeiforme</i>	13	10	2	2
77	BBRFS 13k-39	Abşeron	<i>v.hordeiforme</i>	13	10	4	2
78	BBRFS 10k-44	Abşeron	<i>v.hordeiforme</i>	11	6	2	4
79	BBRFS 14k-68	Abşeron	<i>v.niloticum</i>	9	2	5	13
80	BBRFS 14k-98	Qusar	<i>v.niloticum</i>	9	2	5	13
81	BBRFS 09k-63	Bərdə	<i>v.niloticum</i>	1	2	3	15
82	BBRFS 09k-80	Abşeron	<i>v.niloticum</i>	1	2	4	4
83	BBRFS 09k-65	Abşeron	<i>v.coerulescens</i>	9	6	3	16
84	BBRFS 09k-66	Oğuz	<i>v.coerulescens</i>	9	6	3	16
85	BBRFS 09k-67	Dərbənd	<i>v.coerulescens</i>	9	6	3	16
86	BBRFS 09k-68	Dərbənd	<i>v.coerulescens</i>	13	12	5	6
87	BBRFS 09k-82	Oğuz	<i>v.erythromelan</i>	8	8	18	1
88	BBRFS 09k-39	Oğuz	<i>v.leucomelan</i>	8	17	2	4
89	BBRFS 09k-22	Abşeron	<i>v.boeufi</i>	1	12	4	4
90	BBRFS 09k-40	Tərtər	<i>v.leucomelan</i>	19	4	21	15
91	BBRFS 09k-41	Tərtər	<i>v.leucomelan</i>	19	4	21	15
92	BBRFS 09k-32	Dərbənd (İspaniya)	<i>v.leucomelan</i>	9	4	20	4
93	BBRFS 09k-33	Dərbənd (Kanada)	<i>v.leucomelan</i>	19	4	20	4
94	BBRFS 09k-34	Dərbənd (Argentina)	<i>v.leucomelan</i>	19	4	20	4
95	BBRFS 09k-35	Dərbənd (İtaliya)	<i>v.leucomelan</i>	15	8	22	2
96	BBRFS 09k-36	Dərbənd (İtaliya)	<i>v.leucomelan</i>	19	4	2	10
97	BBRFS 09k-48	Abşeron	<i>v.leucomelan</i>	19	4	4	4
98	BBRFS 09k-70	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	19	4	2	7
99	BBRFS 09k-50	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	18	4	2	3
100	BBRFS 09k-59	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	9	18	3	15
101	BBRFS 09k-60	Abşeron	<i>v.melanopus</i>	15	8	3	2
102	BBRFS 09k-61	Dərbənd (ABŞ)	<i>v.melanopus</i>	3	12	5	2
103	BBRFS 09k-62	Dərbənd (ABŞ)	<i>v.melanopus</i>	3	4	2	7
104	BBRFS 09k-63	Dərbənd (Kanada)	<i>v.melanopus</i>	3	4	2	7
105	BBRFS 09k-64	Dərbənd (Peru)	<i>v.melanopus</i>	3	8	3	10
106	BBRFS 09k-65	Dərbənd (Meksika)	<i>v.melanopus</i>	3	4	2	7
107	BBRFS 09k-66	Dərbənd (Abşeron)	<i>v.melanopus</i>	3	8	5	11

Bununla yanaşı genetik müxtəlifliyi daha geniş spektrdə müəyyən etmək üçün yerli və müxtəlif mənşəli bərk buğda nümunələrinin dənələrində qliadinkodlaşdırıcı lokusların elektroforeqramları müqayisə edilmişdir. Qliadinkodlaşdırıcı lokusların allellərinin rastgəlmə tezliyinə görə bərk buğda növmüxtəliflikləri arasında çox kəskin fərqlər müşahidə edilmişdir. Belə ki, bu nümunələrdə 1A xromosomunun qısa çiyində lokallaşan Gli1A lokusunun ən çox rast gəlinən allelləri-Gli 1A3, Gli1A9 (11.0- 13%), Gli 1A7, Gli 1A15, Gli1A8 (7.5%-8.4%-9.4%), Gli 1A19 (7.5%), Gli1A5 və Gli1A13 (6.5- 3.7%) və Gli1A1, Gli 1A12 (4,7%-5.6%) olmuşdur. Qliadinkodlaşdırıcı lokusun Gli1A9 allel komponentlər blokuna *v.boueffi*, *v.coerulescens*, *v.leucomelan*, *v.melanopus*, *v.apulicum*, *v.niloticum*, *v.provinciale* və *v.obscrum* nümunələrində rast gəlinmişdir. Həmin lokusun Gli 1A3 komponentlər blokuna *v.melanopus*, *v.alboprovinciale*, *v.apulicum*, *v.leucurum* və *v.hordeiforme* nümunələrində rast gəlinmişdir. Ehtiyat zülallarından qliadinin bu lokusun Gli 1A7 allelinə bərk buğdanın *v.erythromelan*, *v.leucurum* və *v.alboprovinciale*, Gli 1A8 komponentlər blokuna bərk buğdanın *v.hordeiforme* və *v.erythromelan* və *v.mursiense* növmüxtəlifliklərinə aid olan nümunələrdə rast gəlinmişdir. Bu qliadinkodlaşdırıcı lokusların genlərinin nəzarət etdiyi allel komponentlər bloklarından yerli bərk buğda genotiplərində Gli 1A15 alleli *v.alboprovinciale*, *v.leucomelan*, *v.muticocoerulescens*, Gli 1A19 alleli isə *v.leucomelan*, *v.melanopus* və *v.hordeiforme* nümunələrində identifikasiya edilmişdir. Qliadinin Gli 1A5 allelinə *v.erythromelan*, *v.alboprovinciale*, *v.leucurum* və *v.alexandrinum*, Gli 1A13 komponentlər blokuna *v.hordeiforme*, *v.boueffi*, *v.coerulescens*, *v.apulicum* və *v.melanopus*, və *v.obscrum*, Gli 1A1 allelinə *v.niloticum*, *v.leucurum* və *v.boueffi*, Gli 1A12 komponentlər blokuna *v.coerulescens*, *v.apulicum*, *v.boueffi*, *v.leucurum*, Gli 6A4 allelinə *v.leucurum*, *v.alexandrinum*, Gli 1A6 allelinə *v.leucurum*, *v.alboprovinciale*, Gli 1A11 allelinə isə *v.boueffi* və *v.hordeiforme*, Gli 1A16 *v.muticoapulicum*, *v.alexandrinum*, Gli 1A17 allelinə *v.obscrum*, Gli 1A18 allelinə isə *v.reichinbachii* və *v.melanopus* növmüxtəlifliklərində rast gəlinmişdir. Yerli bərk buğda nümunələrinin dənələrində digər qliadinkodlaşdırıcı Gli 1B lokusunun allellərinin rastgəlmə tezliyinə nəzər saldıqda Gli 1B8, Gli 1B4, Gli 1B1, Gli 1B2, Gli 1B10, Gli 1B12, Gli 1B17, Gli 1B14 və Gli 1B20 qliadin allel komponentlər bloklarının üstünlük təşkil etdiyi müşahidə edilmişdir. Bu bərk buğda nümunələri içərisində qliadin allellərindən ən çox rast gəlinən Gli1B8 allelidir ki, rastgəlmə tezliyi 16.8% olmaqla, *v.erythromelan*, *v.hordeiforme*, *v.melanopus*, *v.apulicum*, *v.alboprovinciale*, *v.leucurum*, *v.leucomelan* növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrdə aşkar edilmişdir. Gli 1B lokusunun digər Gli 1B4 allellərinə yerli bərk buğda nümunələrində (*v.melanopus* və *v.leucomelan*) rast gəlinmiş və tezliyi 14% olmuşdur. Qliadinin Gli 1B1 alleli və Gli 1B6 komponentlər blokuna (12.2% və 11.2%) *v.coerulescens*, *v.apulicum*, *v.boueffi*, *v.hordeiforme* və *v.obscrum* növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrdə rast gəlinmişdir. Gli 1B10 allel blokunun rastgəlmə tezliyi isə 7.5 % olmuşdur. Qliadinin elektroforeqramlarında Gli 1B2 allel blokuna *v.leucurum*, *v.niloticum*, *v.muticocoerulescens* və *v.mursiense* genotiplərində 6.4% və digər Gli 1B10 allelinə *v.hordeiforme*, *v.alexandrinum* və *v.erythromelan* nümunələrdə də rast gəlinmişdir. Gli 1B12 komponentlər blokuna *v.boueffi*, *v.alexandrinum*, *v.obscrum*, *v.leucurum*, *v.coerulescens*, *v.alboprovinciale* və *v.melanopus* növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrdə rast gəlinmiş və rastgəlmə tezliyi 7.5% olmuşdur. Gli 1B lokusu Gli 1B17 komponentlər blokuna malik olan nümunələr arasında nisbətən az rast gəlinən allellərindən olub, tezliyi 3.7% həddində olmuşdur. Belə ki, Gli 6A5 allel komponentlər blokuna *v.alboprovinciale*, *v.boueffi*, *v.leucurum*, *v.apulicum*, *v.melanopus*, *v.erythromelan*, *v.niloticum*, *v.obscrum*, *v.coerulescens* növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrdə daha çox rast gəlinməklə ümumilikdə 21.5% nümunələri əhatə etmişdir. Həmin lokusun digər Gli 6A2 alleli bu nümunələrin 18.7%-də aşkarlanmış və *v.melanopus*, *v.hordeiforme*, *v.leucurum*, *v.boueffi*, *v.erythromelan*, *v.leucomelan*, *v.alboprovinciale*, *v.obscrum*, və *v.mursiense* növmüxtəlifliklərinə aid olan nümunələrdə müəyyən edilmişdir ki, ümumi nümunələrdə rastgəlmə tezliyinə görə Gli 6A5 allelindən sonra ikinci sırada yer almışdır. Qliadinin Gli 6A3 allelinə yerli bərk buğdanın *v.coerulescens*,

v.melanopus, *v.boueffi*, *v.hordeiforme*, *v.muticoapulicum*, *v.alexandrinum*, *v.reichinbachii* və *v.lybicum* növmüxtəlifliklərinə aid nümunələrdə 9.4%-ni təşkil etmişdir. Qliadinin Gli 6A4 allel bloku rastgəlmə tezliyi 16.8% olmaqla, *v.hordeiforme*, *v.apulicum*, *v.erythromelan*, *v.leucomelan*, *v.melanopus*, *v.obscrum*, *v.provinciale*, *v.niloticum*, *v.muticocoerulescens*, *v.leucurum* və *v.boueffi* nümunələrində təsbit edilmişdir. Bu lokusun Gli 6A6 alleli *v.leucurum*, *v.alboprovinciale* və *v.alexandrinum* genotiplərdə müyyən edilmiş və tədqiq olunan nümunələrin 4.7%, Gli 6A7 alleli 3.7% olmaqla *v.leucurum*, *v.alboprovinciale*, Gli 6A10 alleli *v.apulicum* genotiplərində təsbit edilmişdir. Qliadinin Gli 6A15 komponentlər blokuna *v.hordeiforme*, *v.alexandrinum*, *v.boueffi*, Gli 6A16 allelinə *v.apulicum* və *v.erythromelan*, Gli 6A20, Gli 6A21 və Gli 1A22 allellərinə *v.leucomelan* növmüxtəlifliyinə aid genotiplərdə identifikasiya edilmişdir. Rast gəlinən allel komponentlər bloklardır. Qliadinkodlaşdıran lokusun Gli 6B2 alleli bu nümunələrin 19.6%-də rast gəlinməklə bu allellə bərk buğdanın *v.leucurum*, *v.alboprovinciale*, *v.boueffi*, *v.hordeiforme*, *v.melanopus*, *v.erythromelan*, *v.leucomelan* və *v.obscrum* nümunələrində aşkar edilmişdir. Digər Gli 6B4 alleli *v.leucomelan*, *v.leucurum*, *v.hordeiforme*, *v.boueffi* və *v.niloticum* bərk buğda növmüxtəlifliklərində 10.3% tezliklə rast gəlinmişdir. Bu lokusun Gli 6B1 allel komponentlər blokuna yerli bərk buğda növmüxtəlifliklərində *v.hordeiforme*, *v.erythromelan*, *v.leucurum*, *v.alboprovinciale* və *v.boueffi* rast gəlinmiş və rastgəlmə tezliyi 9.4% olmuşdur. Qliadinkodlaşdıran lokusun Gli 6B16 allel bloku 8.4% rastgəlmə tezliyi ilə bərk buğdanın *v.coerulescens*, *v.apulicum*, *v.alboprovinciale*, *v.muticocoerulescens*, *v.mursiense*, və *v.erythromelan* növmüxtəlifliklərinin genotiplərində aşkar edilmişdir. Digər Gli 6B10 allel komponentlərinə 7.5% olmaqla, *v.erythromelan*, *v.reichinbachii*, *v.hordeiforme*, *v.leucomelan*, *v.alboprovinciale*, *v.melanopus* növmüxtəlifliklərində, Gli 6B15 allelinə 6.5%-lə bərk buğda növmüxtəlifliklərinin *v.apulicum*, *v.leucomelan*, *v.erythromelan*, *v.melanopus* və *v.niloticum* nümunələrində rast gəlinmişdir. Qliadinin Gli 6B13 allel blokuna *v.apulicum* və *v.niloticum* növmüxtəlifliklərində tezliyi 6.5%, Gli 6B5 allelinə 3.7 %-lə *v.leucurum* növmüxtəlifliyinin genotipində aşkar edilmişdir. Qliadinin digər Gli 6B7 allel blokuna 3.7%-lə bərk buğdanın *v.melanopus* və *v.boueffi*, Gli 6B17 allelinə 3.7%-lə *v.hordeiforme*, *v.alboprovinciale* və *v.alexandrinum* və Gli 6B19 allelinə isə *v.lybicum*, *v.muticoapulicum* və *v.obscrum* genotiplərində rast gəlinmişdir.

Qliadinkodlaşdıran lokusların nadir allel komponentlər bloklarından olan Gli 1B3 allelinə *v.leucurum* və *v.melanopus*, Gli 6B6 allelinə *v.boueffi* və *v.coerulescens*, Gli 6B8 allelinə *v.alexandrinum* və *v.boueffi*, Gli 6B9 komponentlər blokuna *v.leucomelan* və *v.melanopus*, Gli 1B11 allelinə *v.melanopus* və *v.obscrum*, Gli 6B12 allelinə *v.leucurum* və Gli 6B18 allelinə isə *v.erythromelan* növmüxtəlifliklərində rast gəlinmişdir.

NƏTİCƏ

Yerli xalq və elmiseleksiya sortlarının dənələrində ehtiyat zülallarının elektroforetik analizinə əsasən qliadin Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A, Gli 6B allellərinin polimorfizmi və rastgəlmə tezliyi tədqiq edilmişdir. Xalq seleksiyası sortları arasında ən çox rastgəlinən Gli 1A3, Gli 1A13 və Gli 1A15 və ən az rastgəlinən isə Gli 1A14 və Gli 1A18, Gli 1B18 və Gli 1B19 allel komponentlər blokları olmuşdur.

Müxtəlif mənşəli bərk buğda nümunələrində Gld 1A lokusunun ən çox rast gəlinən allelləri Gli 1A9 (13%), Gli 1A3 (11%), Gli 1A7, Gli 1A8, Gli 1A15 (7.5%), Gli 1A19 (7.5%), Gli 1A5 (6.5%) və Gli 1A13 (3.7%), Gli 1A1 (4.7) və Gli 1A12 (5.6%) olmuşdur. Bu nümunələrdə qliadinkodlaşdıran lokusların allellərinin rastgəlmə tezliyində də kəskin polimorfizm aşkar edilmişdir. Qliadinkodlaşdıran Gli 1B lokusunun allellərinin rastgəlmə tezliyi (3.7-19.6%), Gli 6A lokusunda (2.8-21.5%) və Gli 6B lokusunda isə (3.7-19.6%) olmuşdur.

Alınan nəticələrin təhlil və müqayisəsi onu göstərir ki, bərk buğdalarda qliadinkodlaşdıran lokusların elektroforeqramlarının və allel komponentlər bloklarının rastgəlmə tezliyinin müxtəlif olması, onların marker əsaslı seleksiyada istifadəsini genetik cəhətdən şərtləndirmiş olur.

ƏDƏBİYYAT

- Əkrərov Z.İ.** Azərbaycanın bitki genetik ehtiyatları. Bakı, 2021;496. [Akperov.Z.I. Plant Genetic Resources of Azerbaijan. Bakı, 2021; 496. (in Azerbaijani)]
- Həsənova Q.M.** Yumşaq buğda sortlarının dən keyfiyyətinin formalaşmasının genetik əsasları və seleksiyada istifadəsi. Biologiya üzrə elmlər doktoru dissertasiyasının avtoreferatı. Bakı, 2015;38. [Hasanova. Q.M. Genetic Bases of Grain Quality Formation in Bread Wheat Varieties and Its Use in Breeding. Abstract of the Doctor of Biological Sciences dissertation. Bakı, 2015;38. (in Azerbaijani)]
- Kərimov Ə.Y., Sadıqov H.B., İbrahimova Ş.G.** Protein genetik markerləri əsasında yumşaq buğda (*T.aestivum* L.) sortlarının tədqiqi. AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri, Bakı 2025; XIV:108-119. [Karimov. A.Y., Sadigov. H.B., Ibrahimova. Sh.G. Investigation of Bread Wheat (*T. aestivum* L.) Varieties Based on Protein Genetic Markers. AR ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Asarlari = Scientific Works of the Institute of Genetic Resources of the Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan, Bakı, 2025; XIV: 108–119.(inAzerbaijani)]
- Алиев Д.А.** Селекция пшеницы в Азербайджане. Баку: Известия НАНА (биологическая наука), 2006; 3/4:3-32. [Aliyev D.A. Wheat breeding in Azerbaijan. Баку:) *Izvestiya NANA (biologicheskoye nauki) = News of ANAS (biological sciences)*, 2006; 3/4:3-32. (in Russian)]
- Вавилов Н.И.** Мировые растительные ресурсы и их использование в селекции. М.: Математика и естествознание в СССР., 1938;575-595. [Vavilov N.I. World plant resources and their use in breeding. Moscow: Matematika i yestestvoznaniye v SSSR = Mathematics and natural science in the USSR, 1938; 575-595. (in Russian)]
- Губарева Н.К., Гаврилюк И.П., Конарев А.В.** Идентификация сортов сельскохозяйственных культур по электрофоретическим спектрам запасных белков. Аграрная Россия, 2015;11:21-26. [Gubareva N.K., Gavrilyuk I.P., Konarev A.V. Identification of Agricultural Crop Varieties by Electrophoretic Spectra of Storage Proteins. *Agrarnaya Rossiya = Agrarian Russia*, 2015;11: 21–26. (in Russian)]
- Драгович А.Ю., Фисенко А.В., Митрофанова О.П.** Генетическое разнообразие местных сортов мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. По генам запасных белков (глиадинов). Труды прикладной ботаники, генетики и селекции, 2009;166:75-81. [Dragovich A. Yu., Fisenko A.V., Mitrofanova O.P. Genetic diversity of local varieties of common wheat *Triticum aestivum* L. by genes encoding storage proteins (gliadins). *Trudy po prikladnoy botanike, genetike i seleksii = Transactions on Applied Botany, Genetics and Breeding*, 2009;166:75–81.(inRussian)]
- Жуковский П.М.** Культурные растения и их сородичи. П.М.Жуковский. Л.: Колос, 1964;791. [Zhukovsky P.M. Cultivated plants and their relatives. P.M.Zhukovsky. L.: Kolos, 1964;791.(in Russian)]
- Каримов А.Я., Садыгов Г.Б., Ибрагимова Ш.Г., Садыгова С.Б., Поладова Г.Г.** Идентификация локусов, кодирующих проламин, у местных и интродуцированных сортов мягкой пшеницы (*T. aestivum* L.). Успехи современного естествознания 2025;9:8-15 [Karimov A.Ya., Sadygov G.B., Ibragimova Sh.G., Sadygova S.B., Poladova G.G. Identification of prolamin-encoding loci in local and introduced varieties of common wheat (*T. aestivum* L.). *Uspekhi i sovremennogo yestestvoznaniya = Advances in Modern Natural Science*, 2025; 9:8–15 (in Russian)]
- Кудрявцев А.М., Дедова Л.В., Мельник В.А.** [идр.]. Генетическое разнообразие современных Российских сортов яровой и озимой твердой пшеницы по глиадинкодирующим локусам. Генетика, 2014;50(5):554-559. [Kudryavtsev A.M., Dedova L.V., Melnik V.A. et al. Genetic diversity of modern Russian varieties of spring and winter durum wheat by gliadin-coding loci. *Genetika = Genetics*, 2014;(50)5:554-559. (in Russian)]

- Мельникова Н.В.** Мировое разнообразие твердой пшеницы (*T.durum* Desf.) по аллелям глиадинкодирующих локусов. Н.В.Мельникова, О.П.Митрофанова, О.А. Ляпунова и др. Генетика, 2010; (46)1:51-57. [Melnikova N.V. World diversity of durum wheat (*T. durum* Desf.) by alleles of gliadin-coding loci. N.V. Melnikova, O.P. Mitrofanova, O.A. Lyapunova et al. *Genetika = Genetics*, 2010;(46)1:51-57. (in Russian)]
- Мустафаев И.Д.** Материал по изучению пшениц, ржи, ячменя и эгилопсов Азербайджана. Баку:Изд-во АНАзербССР, 1961;98.[Mustafayev I.D. Material on the study of wheat, rye, barley and Aegilops of Azerbaijan. Baku: Publishing house of the Academy of Sciences of the Azerbaijan SSR, 1961; 98 (in Russian)]
- Попереля Ф.А.** Полиморфизм глиадина и его связь с качеством зерна, продуктивностью и адаптивными свойствами сортов мягкой озимой пшеницы. М., «Агропромиздат». 1989, с. 138-149.
- Садыгова С. Б., Садыгов Г. Б., Маммадова Г. А., Поладова Г. Г., Эюбова Н. Р.** Изучение показателей качества и генетического родства образцов твердой пшеницы (*T. durum* Desf.) по электрофоретическим спектрам глиадина. Бюллетень науки и практики. 2024;10 (9):127-136. [Sadygova S. B., Sadygov G. B., Mammadova G. A., Poladova G. G., Eyubova N. R. Study of quality indicators and genetic relationship of durum wheat (*T. durum* Desf.) samples by electrophoretic spectra of gliadin. *Bulletin of science and practice*. 2024;10(9):127-136. (in Russian)]
- Созинов А.А.** Полиморфизм белков и его значение для генетики и селекции. М.:Наука, 1985;272. [Sozinov A.A. Protein polymorphism and its significance for genetics and selection. М.: Nauka, 1985;272. (in Russian)]
- Фисенко А.В., Ляпунова О.А., Зуев Е.В., Новосельская-Драгович А.Ю.** Динамика распространения ржаных транслокаций в генотипах российских сортов мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. Генетика, Москва: 2023;(59)6:648--658. [Fisenko A.V., Lyapunova O.A., Zuev E.V., Novoselskaya-Dragovich A.Yu. Dynamics of the spread of rye translocations in the genotypes of Russian varieties of soft wheat *Triticum aestivum* L. *Genetics*, Moscow: 2023; (59) 6: 648--658.]
- Anderson O.D., Greene F.C.** The α -gliadin gene family. II. DNA and protein sequence variation, subfamily structure and origins of pseudogenes. *Theor Appl Genet*, 1997;95:59-65.
- Bushuk W., Zilman R.R.** Wheat Cultivar Identification by Gliadin Electrophoregrams. *J. Plant Sci., Can.*:1978;58:505-515.
- Hamauzu, Z., Arakwa. T., Yonezawa D.** Molecular weights of glutenin – and gliadin– polypeptides estimated by SDS–polyacrylamide gel electrophoresis. *Agr. Biol. Chem.*, 1972; (36)9:1829-1830.
- Rune J.** Marker-assisted selection as a tool for genetic improvement of crops, livestock, forestry and fish in developing countries: an overview of the issues. A in book *Marker- assisted selection Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish*. Rome, 2007;428-440.
- Sadigov H.B.** Gliadin and glutenin polymorphism in durum wheat landraces and breeding varieties of Azerbaijan. *Serbiya: Genetika*, 2015;(47)3:839-848.

ОЦЕНКА РАЗЛИЧНЫХ ОБРАЗЦОВ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ ПО ЧАСТОТЕ ВСТРЕЧАЕМОСТИ АЛЛЕЛЕЙ ГЛИАДИНКОДИРУЮЩИХ ЛОКУСОВ В ЗЕРНЕ

Гамлет Садыгов, Акбар Каримов, Севиль Садыгова, Гюльгаз Мамедова, Гюнель Тахирова
Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики

В исследовании было использовано 107 образцов твердой пшеницы различного происхождения, а также 24 местных сорта народной и научной селекционных. Целью исследования было изучение полиморфизма и частоты встречаемости аллелей глиадинкодирующих локусов Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A, Gli 6B на основе электрофоретического анализа запасных белков в зернах местных сортов твердой пшеницы (*T. durum* Desf.) Арандени, Бозак, Ак Бугда, Сары Бугда, Ширван Бугда, Гара Бугда, Гаракылчыг Местный, Мирбешир 50, Севиндж, Кызыл Бугда, Кехраба, Тертер, Тертер2, Туран, Каракылчыг2, Алинджа84, Шираслан23, Мирвари, Вюгар80, Мугань, Карабах. Среди сортов, народной селекции аллельные блоки глиадинкодирующих локусов Gli 1A14, Gli 1A18, Gli 1B18 и Gli 1B19 встречаются реже. Однако у сортов твердой пшеницы частота встречаемости аллельных блоков глиадин Gli 1A3, Gli 1A13 и Gli 1A15 выше, чем у других. Таким образом, в образцах твердой пшеницы наиболее распространенными аллелями глиадинкодирующего локуса Gld 1A, локализованного на коротком плече хромосомы 1A, считаются Gli 1A9 (13%), Gli 1A3 (11%), Gli 1A7(7.5%), Gli 1A8(9.4%), Gli 1A15 (8.4%), Gli 1A19 (7.5%), Gli 1A5(6.5%) и Gli 1A13 (3.7%), Gli 1A1(4.7%), Gli 1A12 (5.6%). Компонентный блок Gli 1A3 этого глиадинкодирующего локуса встречается в образцах *v.melanopus*, *v.alboprovinciale*, *v.apulicum*, *v.leucurum* и *v.hordeiforme*. Наиболее распространенными аллельными блоками компонентами, глиадинкодирующего локуса 1B, являются аллельные блок компоненты Gli 1B9, Gli 1B14 и Gli 1B17, которые входят в число основных маркеров признака качества зерна.

Сравнение полученных результатов показывает, что электрофореграммы глиадинкодирующих локусов и частота встречаемости составляющих их аллельных блоков компонентов у сортов твердых пшеницы различаются, что в свою очередь детерминирует их использование в маркерной селекции.

Ключевые слова: пшеница, зерно, локус, аллель, белок, глиадин, компонентный блок

EVALUATION OF DIFFERENT DURUM WHEAT SAMPLES BASED ON THE FREQUENCY OF ALLELES OF GLIADIN-ENCODING LOCI IN GRAIN

Hamlet Sadygov, Akbar Karimov, Sevil Sadygova, Gulgaz Mamedova, Gunel Takhirova
Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

The study involved 107 durum wheat samples of various origins, as well as 24 local landraces and breeding varieties. The aim of the study was to investigate the polymorphism and allele frequency of the gliadin-coding loci Gli 1A, Gli 1B, Gli 6A, Gli 6B based on electrophoretic analysis of storage proteins in the grains of local and selected durum wheat varieties (*T. durum* Desf.) Arandeni, Bozak, Ag Bugda, Sary Bugda, Shirvan Bugda, Gara Bugda, Garakylchyg Mestny, Mirbeshir 50, Sevinj, Kyzyl Bugda, Kehraba, Terter, Terter2, Turan, Garakylchyg 2, Alinja 84, Shiraslan 23, Mirvari, Vugar 80, Mugan, Garabagh.

Among local landraces, the allelic blocks of the gliadin-coding loci Gli 1A14, Gli 1A18, Gli 1B18, and Gli 1B19 are less common. However, in durum wheat varieties, the frequency of the gliadin allelic blocks Gli 1A3, Gli 1A13, and Gli 1A15 is higher than in other varieties.

Thus, in durum wheat accessions, the most common alleles of the gliadin-coding locus Gld 1A, localized on the short arm of chromosome 1A, are Gli 1A9 (13%), Gli 1A3 (11%), Gli 1A7(7.5%), Gli 1A8(9.4%), Gli 1A15 (8.4%), Gli 1A19 (7.5%), Gli 1A5(6.5%) and Gli 1A13 (3.7%), Gli 1A1(4.7%), Gli 1A12 (5.6%). The Gli 1A3 component block of this gliadin-coding locus is found in accessions of *v. melanopus*, *v. alboprovinciale*, *v. apulicum*, *v. leucurum* and *v. hordeiforme*. The most common allelic block components of the gliadin-coding locus 1B are the allelic block components Gli 1B9, Gli 1B14 and

Gli 1B17, which are among the main markers of the grain quality trait. A comparison of the obtained results shows that the electropherograms of gliadin-coding loci and the frequency of occurrence of the allelic blocks of components that comprise them differ in durum wheat varieties, which in turn determines their use in marker-associated selection.

Keywords: *wheat, grain, locus, allele, protein, gliadin, component block*

Çapa təqdim etmişdir: *Sevinc Mehti qızı Məmmədova, b.ü.f.d., dosent*

Redaksiyaya daxil olma tarixi: *24.02.2026*

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: *18.03.2026*

Çapa qəbul edilmə tarixi: *12.09.2025*

UDC 633.1:631.52

STUDY OF TECHNOLOGICAL AND BIOCHEMICAL INDICATORS OF DURUM WHEAT (*T.durum* Desf.) SAMPLES CULTIVATED IN ABSHERON CONDITIONS

HAMLET SADIGOV, GULGAZ MAMMADOVA*, SEVIL SADIGOVA

Genetic Resources Institute, Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan, Baku, AZ 1106, Azadliq ave., 155
gulgezmemmedova@gmail.com

Wheat grain quality indicators used in the final product are important aspects of breeding and processing. These indicators are highly valued in production. The key quality indicators are gluten, protein, and vitreousness, which indirectly determine the rheological properties of flour.

The goal of our research was to identify sources of economically valuable traits in winter durum wheat for subsequent use in the breeding process. The study used 35 varieties of durum wheat and the Maya variety (standard variety) grown on the experimental plot of the Institute of Genetic Resources (40.413010N east longitude and 49.833421E north latitude) of the Absheron Peninsula.

In terms of protein content, 44.4% of all samples showed results above the 3-year average, while the remaining 55.6% had values below the average. Sample No. 4 (*v. obscurum*) had a relatively high gluten content (35.0%) and the highest protein content (17.2%) among all samples. It was found that the largest proportion of samples (47.2%) had a 1000-kernel weight below the average, while 44.4% of samples were at the average level, and 8.3% significantly exceeded it. Results show that the high covariance observed among the variables is significantly explained by the first three components of the PCA, and the genotypes are separated into three main phenotypic clusters of high quality, medium quality, and low quality along these components. One of the main areas of durum wheat breeding is improving grain quality. A study of the quality characteristics of winter durum wheat varieties, including local and introduced accessions stored in the Institute of Genetic Resources' Genbank, resulted in the identification of seven accessions, along with the standard Maya variety: *v. niloticum*, *v. obscurum*, *v. melanopus*, *v. melanoleucurum*, *v. lyubicum*, *v. albo provinciale*, *v. provinciale*. These identified accessions are of interest for breeding durum wheat for high grain quality in our conditions.

Keywords: durum wheat, gluten, protein, vitreousness, quality, selection.

INTRODUCTION

Durum wheat is the tenth most important crop in the world, accounting for approximately 4-6% of the global wheat harvest, with an annual production of 35-40 million tons. Mediterranean countries are the largest producers of durum wheat and also the main consumers of grain products made from this crop.

Durum wheat is valued for its high grain quality. It surpasses soft wheat in protein, essential amino acids, starch, dextrans, sugars, vitamins B, E, PP, and minerals (Вьюшков и др., 2012).

The main areas of durum wheat breeding are further productivity improvement; adaptability and drought tolerance; grain quality (grain weight, vitreousness, protein and gluten content and quality); resistance to lodging and diseases (brown and stem rust, common and loose smut, powdery mildew); and lodging resistance. The breeding process includes key areas such as studying the source material, identifying sources and donors of economically valuable traits, targeted selection of parental forms for hybridization, selection of the best genotypes, and their evaluation based on a range of traits in breeding nurseries.

<https://doi.org/10.61642/202621>

6

The frequency of high-quality grain formation under various growing conditions is considered one of the main criteria determining the merit of a variety and its suitability for cultivation. This is especially important for durum wheat (Тихонов и др., 2005).

Durum wheat is prized for its high-quality grain. When producing the highest-quality pasta, durum wheat is the only raw material characterized by high strength, an amber-yellow color, low cooking time, minimal dry matter loss during cooking, a pleasant flavor, and nutritional value. The biological value of durum wheat pasta significantly exceeds that of soft wheat.

Durum wheat contains strong and high gluten content which provides necessary cooking characteristics for good quality pasta production. The quantity of protein and the quality of gluten in durum wheat is very important for the al dente (an Italian term that means "to the tooth" and refers to the ideal consistency for cooked pasta and rice) parameter of pasta production process (Shakir et al., 2025).

Durum wheat flour is used to produce premium grades of pasta, semolina, and the finest confectionery. It's important to remember that grain, with its high protein and carotenoid content, is the foundation of high-quality products. Durum wheat is prized for its large grain size and high glassiness, as well as its high protein and gluten content, which ensures excellent processing properties and nutritional value in pasta and results in a higher semolina yield. The genetic characteristics of the varieties significantly influence the quality of the finished product. Weather conditions, especially during grain filling and formation, diseases, pests (such as the scaly-sided bug), and the level of agricultural practices are also important factors (Meena et al., 2025).

Durum wheat is superior to common wheat in terms of protein, starch, dextrins, sugars, B vitamins, vitamin E, ribosomal protein acid, and mineral content. High-quality coarse-grained semolina (semola), used to produce high-quality semolina and wheat groats, is obtained from the glassy, amber-yellow grains of durum wheat with high protein content. It is important to note that genetic variability serves as the basis for selecting and using favorable alleles in breeding programs to improve grain quality.

Evaluation of genetic parameters such as the genotypic coefficient of variation (GCV), phenotypic coefficient of variation (PCV), heritability, and genetic progress as a percentage of the mean (GAM) helps breeders understand patterns of trait inheritance and develop effective selection strategies (Patel. *et al.*, 2023).

Durum wheat (*Tr.durum* Desf.) grain quality remains a key breeding objective for our republic. Durum wheat grain quality is known to be largely determined by the gluten protein complex, consisting of gliadins and glutenins. The gliadin-encoding loci Gli-1 and Gli-2 most often result in extensive allelic variation.

Glutenins are classified into high- and low-molecular-weight subunits (HMW-GS and LMW-GS), encoded primarily by the Glu-1 and Glu-3 loci, respectively. Both groups contribute to the strength and viscoelastic properties of gluten. It should be noted that their relative influence varies depending on the allelic composition and genetic background.

Utebayev M. and others note that the identification of gliadin, high-molecular-weight, and low-molecular-weight glutenin alleles in durum wheat revealed significant genetic diversity. Native and SDS-electrophoresis of prolamins remains an accessible and informative method for analyzing gluten protein composition (Utebayev et al., 2026).

To accelerate the creation of homogeneous populations with diverse traits, cell biotechnology methods needed to be further optimized and refined. Doubled haploid production technology, and possibly clonal micropropagation, could successfully preserve valuable genetic material from distant hybrids in breeding. Divashuk et al., in their research, found that high-throughput genotyping of polymorphisms yielded valuable information about the genetic structure of a durum wheat collection for genes influencing important agricultural traits (Дивашук и др., 2026).

The suitability of grain for the manufacture of food products, including bread, is mainly determined by its composition. The greatest focus of research in this context is the influence of the physicochemical properties of the constituents of gluteins and gliadins. These are proteins responsible for the rheological parameters of the dough, since they have the ability to trap air bubbles and form a porous structure of finished products, and also affect the elasticity of the dough (Poladova et al., 2024).

By using distantly related genotypes to increase genetic diversity, obtain new recombinant variants, and improve quantitative and qualitative indicators, the likelihood of heterosis increases, and as a result, the likelihood of offspring with new characteristics increases (Sadqova və b., 2024; Gregová et al., 2021).

Durum wheat is the second most widely produced and consumed grain crop in the world. However, in our republic, its average yield (5.2 t/ha) remains relatively low. Numerous factors contribute to this, including limited access to improved varieties, the prevalence of diseases, annual temperature regimes, uneven rainfall distribution, and suboptimal agricultural practices. Furthermore, farmers often have limited information on the performance of durum wheat genotypes under biotic and abiotic stress. For example, A.G. Lozhkin et al. note that, among cereals, the ideal type should include those plants that ensure the accumulation of the largest grain yield and its stability over the years under various weather conditions. In their research, they found that, the best formation of grain gluten was observed in agroclimatic conditions in 2015 and 2016 (Lozhkin A.G. et al., 2020).

A comprehensive approach to studying breeding material for the development of competitive domestic varieties, as well as improving existing varieties that combine high yield, technological qualities, and adaptive properties, is the primary goal of our geneticists and breeders.

The goal of our research was to identify sources of economically valuable traits in winter durum wheat for subsequent use in the breeding process.

MATERIALS AND METHODS

The study used 35 varieties of durum wheat and the Maya variety (standard variety) grown on the experimental plot of the Institute of Genetic Resources (40.413010N east longitude and 49.833421E north latitude) of the Absheron Peninsula. The Absheron Peninsula is located in eastern Azerbaijan and represents the southeastern end of the Greater Caucasus. It is bordered by the Caspian Sea to the north, south, and east and bounded by Gobustan to the west. The Absheron Peninsula is divided into two parts based on topography. The larger western part, consisting of hills, is located at an altitude of up to 350 meters above sea level, while the smaller eastern part, consisting of plains, is located at an altitude of up to 35 meters. Absheron has a dry subtropical climate, with very hot summers, sunny autumns, and mild winters. Absheron is characterized by abundant solar insolation. Winds are the main element of Absheron's climate. The strongest northerly wind here is Khazri. The average annual air temperature range on the peninsula is 22-23°C. According to long-term data, the average temperature in Absheron in January is 3.8°C, and the average temperature in July is 22.6°C.

No significant deviations from long-term temperature data were observed during the study years.

Annual precipitation in Absheron is 200-250 mm, with 60-70% of this precipitation falling during cold periods. Overall, the peninsula receives insufficient precipitation throughout the year, and the precipitation that does fall is unevenly distributed across the seasons. Air humidity in Absheron remains relatively constant throughout the year.

As part of the grain quality assessment, 1000-grain weight, percentage composition and fiber deformation measurement (FDM) and nitrogen content were determined. Grains were randomly selected, counted and weighed. An average sample weighing approximately 50 g was

taken to determine gluten content. The sample was cleaned of impurities: debris, husks, spoiled and immature grains before being crushed in a laboratory mill and passed through a series of sieves with holes of different diameters. The physical parameters of the grain in the samples – 1000-grain mass and vitreousness were determined by accepted methods (Ds-10842-64; 10987-64; 10840-64). The quantity and quality of raw and dry gluten (Ds-9404-060) were determined based on the standard method

Protein content was determined by the Kjeldahl method using a Kjeltec 8400 (FOSS, Denmark) automatic analyser (Методы, 1977).

A normalized matrix of mean feature values was used to construct a quality dendrogram. Distances between objects were calculated using the Euclidean metric, and clustering was performed using the UPGMA method in «Statistica 12». Correlations between quality parameters (protein content, gluten, and GSI) and parameters (thousand-kernel weight and vitreousness) were determined using the Pearson method at $p < 0.05$. All laboratory and field measurements were performed in triplicate. Data are presented as mean \pm standard error (\pm SE). The significance of differences between variants was tested ANOVA using R statistical (R version 4.5.1; R Core Team, 2024) and Duncan's test was used to rank mean values ($p < 0.05$).

RESULTS AND DISCUSSION

As can be seen from the table, 36.11% of the samples had 100% vitreousness, in addition, most of the samples showed a high result, being 98-99% vitreousness. However, 5.6% of the samples had an unsatisfactory vitreousness index. The vitreousness of the grains characterizes its consistency and serves as an indirect criterion for assessing the properties of wheat as a pasta-cereal crop (Table 1).

Table 1.

Average three-year quality indicators for durum wheat varieties 2022-2024.

S. numb	Samples	Protein %	Physical properties		Gluten %	GDI d.i.
			vitreousness %	weight of 1000 grains gr.		
1	<i>v. leucomelan</i>	12,4	99	44,0	35,0	110
2	<i>v. hordeiforme</i>	15,6	100	42,0	42,0	95
3	<i>v. niloticum</i>	15,7	56	54,0	37,0	100
4	<i>v. obscurum</i>	17,2	86	43,2	35,0	105
5	<i>v. albo provinciale</i>	15,1	98	49,2	35,2	105
6	<i>v. provinciale</i>	12,1	100	44,0	34,0	105
7	<i>v. hordeiforme</i>	12,5	100	30,4	34,0	115
8	<i>v. hordeiforme</i>	14,6	99	40,4	39,0	95
9	<i>v. affine</i>	12,5	97	44,8	29,0	100
10	<i>v. murciense</i>	13,7	100	46,4	38,0	95
11	<i>v. melanopus</i>	13,0	96	47,6	34,0	100
12	<i>v. aegepteacum</i>	14,6	99	49,2	29,6	105
13	<i>v. murciense</i>	16,0	100	40,0	46,0	95
14	<i>v. obscurum</i>	16,4	100	42,0	44,0	80
15	<i>v. niloticum</i>	16,4	97	40,0	40,0	110
16	<i>v. melanopus</i>	16,3	100	48,0	42,0	120
17	<i>v. mut. apulicum</i>	16,5	100	42,4	47,0	115
18	<i>v. lyubicum</i>	14,6	99	44,0	46,0	95
19	<i>v. albo provinciale</i>	15,5	100	42,4	40,0	90
20	<i>v. aegepteacum</i>	14,5	98	34,4	38,0	100

21	<i>v.melanoleucurum</i>	13,9	99	47,2	30,0	115
22	<i>v.affine</i>	14,3	100	47,2	31,0	100
23	<i>v.murciense</i>	12,6	97	33,6	33,0	100
24	<i>v.murciense</i>	10,5	93	44,8	11,0	120
25	<i>v.murciense</i>	11,5	98	39,2	19,0	115
26	<i>v.melanopus</i>	12,5	97	33,2	23,0	120
27	<i>v.erytromelan</i>	13,1	98	40,0	24,0	120
28	<i>v.mut.hordeiforme</i>	13,1	97	41,6	24,0	110
29	<i>v. leucomelan</i>	11,1	96	48,0	26,0	115
30	<i>v. hordeiforme</i>	14,7	100	45,2	33,0	100
31	<i>v.erytromelan</i>	12,5	100	44,4	31,0	110
32	<i>v.courulescens</i>	11,4	99	47,6	30,0	120
33	<i>v.melanopus</i>	13,0	98	38,4	37,0	105
34	<i>v.mut. melanopus</i>	14,7	100	46,8	38,0	100
35	<i>v. leucomelan</i>	11,8	99	56,4	21,0	110
36	St.Maya	14,9	99	50,4	32,0	105

Durum winter wheat grain, with its high vitreousness, absorbs 15-20% more water and germinates somewhat more slowly than the poorly vitreous and floury grain of winter soft wheat. Therefore, durum wheat is very sensitive to soil moisture deficiency. It does not tolerate drought well in the autumn (Власова, 2013).

In terms of protein content, 44.4% of all samples showed results above the 3-year average, while the remaining 55.6% had values below the average. Sample No. 4 (*v. obscurum*) had a relatively high gluten content (35.0%) and the highest protein content (17.2%) among all samples. It was found that the largest proportion of samples (47.2%) had a 1000-kernel weight below the average, while 44.4% of samples were at the average level, and 8.3% significantly exceeded it. However, this sample's vitreousness was 86%, which is considered unsatisfactory for durum wheat in general. As a result, unfortunately, the gluten deformation index (105 on the apparatus) for this sample left much to be desired.

The protein content of wheat grains varies significantly depending on various factors, such as soil and climate conditions, the length of the growing season, and others. Despite these fluctuations, winter durum wheat has an important nutritional composition and, along with spring wheat, plays a significant role in the food industry, particularly in the production of pasta and groats (Kibkalo, 2022).

The average gluten content of winter durum wheat samples was consistently high and ranged from 11.0% (*v.murciense*) to 47.0% (*v.mut.apulicum*). High values ($\leq 40.0\%$) were noted in 8 winter durum wheat samples: (№ 2, № 13, № 14, № 15, № 16, № 17, №18, № 19).

An analysis of long-term grain production data shows that the causes of low protein and gluten content in wheat grain are related to poor crop cultivation practices, insufficient mineral nutrition, primarily nitrogen, especially during high yields, and errors in nitrogen fertilizer application. Such problems are often exacerbated by meteorological factors.

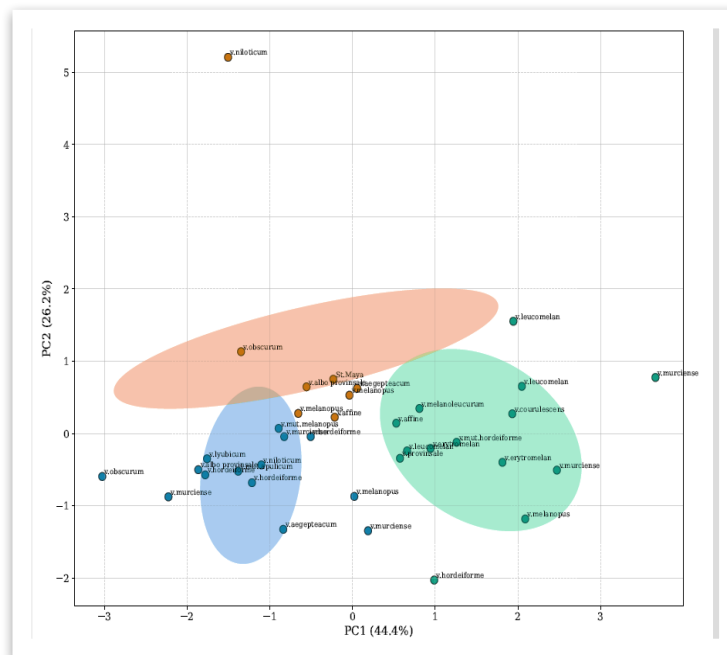
Therefore, when growing food wheat, it is important to plant it among the best predecessor crops, use optimal fertilizer types, rates, and timing, and implement a comprehensive set of protective measures (Гладышева, 2018).

Thousand-grain weight is a multifaceted indicator that determines the productivity of an ear or plant and characterizes a variety's response to drought conditions. It also relates to grain quality and influences the yield of flour or semolina. Typically, seeds with a high thousand-grain weight possess sufficient nutrient reserves and exhibit high sowing and yield properties. Grain size is significantly dependent on growing conditions. The same genotype exhibits variable behavior in different environmental conditions; from this perspective, its response can be understood as a change in phenotype under the influence of environmental factors.

The 1000-grain weight of several accessions: *v. niloticum* (54.0 g), *v. leucomelan* (56.4 g) and the standard variety Maya (respectively No. 3, No. 35, No. 36 (st.variety)), was relatively high. In total, the average weight of 1000 grains was 43.7 grams, and against this background, according to the table, we found that the largest proportion of samples (47.2%) are characterized by a weight of 1000 grains below the average value, while 44.4% of samples are at the level of the average, and 8.3% significantly exceed it.

As we know, the quality of gluten is more important than its quantity, and the GDI indicator is one of the main indicators in durum wheat. Usually, a negative correlation is shown between high gluten content and GDI indicator, but exceptions are possible here too. Examples of such examples include *v. obscurum* and *v. albo provinciale*, since in the *v. obscurum* sample, as we mentioned above, the gluten content was 44.0%, and the GDI indicator was 80 d.i., in the *v. albo provinciale* sample these indicators were 40.0% and 90 d.i.(respectively). Of the samples, *v. hordeiforme* №2 (42.0% gluten), *v. hordeiforme* №8 (39.0% gluten), *v. lyubicum* (46.0% gluten) can also be considered satisfactory in terms of GDI indicators. The *v.murciense* sample was the weakest sample with a low gluten content (11.0%) and a low GDI indicator (120 d.i.). Among the samples with a high gluten content and an unsatisfactory GDI indicator (120 d.i.), it is worth noting *v.melanopus* (gluten content 42.0%) and *v.courulescens* (gluten content 30.0%) among the samples with a high gluten content and an unsatisfactory GDI indicator. The gluten content was also low in the other samples with an unsatisfactory GIS indicator (*v.melanopus* (23.0%) and *v.erythromelan* (24.0%)). This, in turn, once again demonstrates that quality indicators depend on various factors.

The method of principal component analysis (PCA) applied in this study is aimed at



systematization of the multidimensional phenotypic diversity of 36 varieties of durum wheat on the basis of their biochemical, technological and physical properties, as well as at the identification of patterns of clustering.

Figure 2. Principal Component Analysis Based on Quality Indicators Durum Wheat Varieties of 36

The analysis results show that the high covariance observed among the variables is significantly explained by the first three components of the PCA, and the genotypes are separated into three main phenotypic clusters of high quality, medium quality, and low quality along these components (Figure1).

1. PC1 (blue) – Principal Component of Technological Quality Parameters;

The first component of the PCA (PC1; 44.4%) explains the main part of the total biochemical and technological diversity observed between genotypes. The biological contribution profile of PC1 shows that the component is formed mainly depending on: protein content, functional strength of the gluten complex, rheological properties of flour, water absorption capacity during technological processes. The wide variation in PC1 indicates that genotypes are divided into high-quality, medium-quality and poor-quality groups. Genotypes located in the positive direction of PC1 are rich in protein and gluten, rheological stable and have high technological quality. These genotypes form a high-quality cluster and are considered superior donor material in breeding programs.

Genotypes included in this cluster: *v. niloticum*, *v. obscurum*, *v. melanopus*, *v. melanoleucurum*, *v. lyubicum*, *v. albo provinciale*, *v. provinciale*, St. Maya.

2. PC2 (green) – Phytotypic Effect Component of Grain Physical Structure and Morphological Characteristics

The second component of PCA (PC2) explains the variation in physical-morphological characteristics between varieties. PC2 is mainly formed by the influence of variables related to:

Grain structure, physical integrity, mechanical stability, water absorption dynamics. Genotypes located in the negative zone along PC2 are morphologically weak, have unstable physical structure and exhibit variable behavior in technological processes. These genotypes form a cluster of low physical quality.

Genotypes included in this cluster: *v. murciense*, *v. aegeteacum*, *v. erythromelan*, *v. mut. melanopus*, and the poorly performing *v. hordeiforme* and *v. melanopus sub-variants*.

3. PC3 (orange) – Phenotypic Zone Component of Intermediate Forms

The third component of PCA (PC3) reflects finer phenotypic variation and distinguishes genotypes with intermediate biochemical and morphological characteristics. PC3 is mainly formed by: relative variability in gluten subfractions, moderate stability of protein structure, moderate forms of rheological behavior, balanced distribution of physical characteristics. This component defines a medium-quality cluster that stands in a transitional position between high and low extreme phenotypes, but maintains internal stability. These genotypes are used as complementary and stable base material in selection processes.

The genotypes included in this cluster are: *v. affine*, *v. hordeiforme*, *v. mut. apulicum*, *v. leucomelan*, *v. mut. hordeiforme*, *v. courulescens*.

PCA results show that the observed phenotypic diversity among wheat genotypes is driven by the combined effects of biochemical (protein and gluten), rheological (KDE and Glassiness) and morphological (grain structure) parameters. These multidimensional correlations lead to the natural separation of genotypes into three stable clusters. In short, high-tech genotypes are considered superior on PC1, medium-level and balanced genotypes are considered stable on PC3, and genotypes with low physical performance are considered weak on PC2.

These results form a reliable biostatistical basis for the purposes of selection, improvement, and agronomic evaluation of wheat genetic resources and play an important role in identifying superior traits across genotypes.

As a result of all these analyses, genotypic phenotypic variation was performed on five main quality parameters.

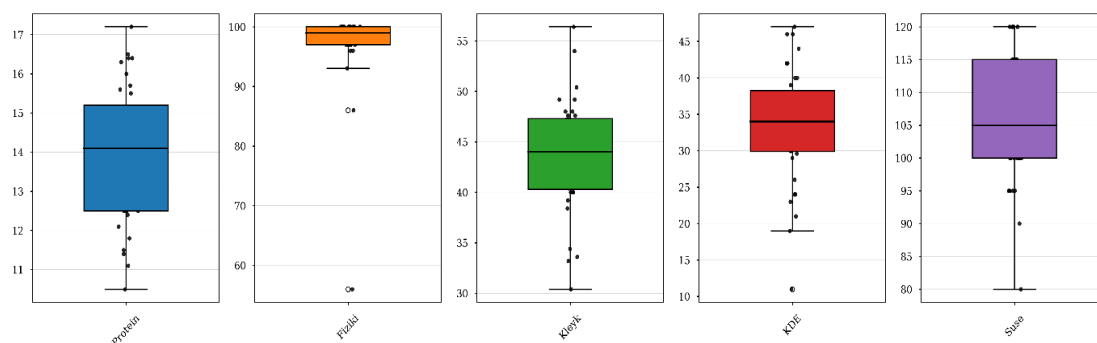


Figure 3. Multidimensional variation dynamics of protein, physical, gluten, GSI and vitreousness indicators across wheat genotypes.

The presented boxplot panel demonstrates the variation structure of the 36 studied wheat genotypes in five main technological and biochemical parameters (protein, physical, gluten, GDI and vitreousness). Each parameter plays the role of a critical functional indicator that determines the baking quality, rheological behavior and technological performance of the genotypes (Figure 2).

Protein

As is known, protein content varies moderately between genotypes. Genotypes with high protein levels form a high gluten network during the baking process and are technologically superior.

The boxplot of the physical parameter shows that most of the genotypes are concentrated in the high value interval. However, some extreme values confirm the heterogeneity of the grain structure and the difference in mechanical strength between the genotypes.

Gluten (Gluten index): The gluten parameter reflects the functional strength of the gluten complex. The wide dispersion here indicates significant phenotypic diversity between the genotypes in terms of both the quality and structural stability of gluten.

GIS (Glutenin/Gliadin balance): The boxplot of the GDI indicator demonstrates one of the largest variations. Since this variable plays a key role in the formation of the viscoelastic properties of the dough, the dispersion creates a wide functional basis for selection.

Vitrility (Water absorption capacity): The vitreousness index indicates the ability of the genotypes to absorb water. This parameter affects both the stable formation of the dough during baking and the correct control of technological processes. The wide variation observed confirms that this trait has strong variability at the genetic and biochemical levels.

CONCLUSION

The figure clearly shows that the genotypic diversity is high for each of the five main indicators. As a result, this diversity reflects the formation of the main structure in the PCA cluster. The obtained numerical results play an important role in the selection of genotypes with high, medium and poor technological indicators and allow the formation of a biostatistical basis for breeding programs.

One of the main areas of durum wheat breeding is improving grain quality. A study of the quality characteristics of winter durum wheat varieties, including local and introduced accessions stored in the Institute of Genetic Resources' Genbank, resulted in the identification of seven accessions, along with the standard Maya variety: *v. niloticum*, *v. obscurum*, *v. melanopus*, *v. melanoleucurum*, *v. lyubicum*, *v. albo provinciale*, *v. provinciale*.

These identified accessions are of interest for breeding durum wheat for high grain quality in our conditions.

REFERENCES

- Sadiqova S., Məmmədova G., Poladova G., Eyyubova N.** Bərk buğda (*T. durum* Desf.) Genotiplərinin fiziki və genetik xüsusiyyətlərinin tədqiqi. *ETN Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri*, 2024;XIII:130-137 [Sadiqova S., Mammadova G., Poladova G., Eyyubova N. Study of physical and genetic characteristics of durum wheat (*T. durum* Desf.) genotypes. *ETN Genetic Ehtiyatlar Institutunun Elmi Asarlari= Scientific Works of the Institute of Genetic Resources of the ETN*, 2024;XIII:130-137 (in Azerbaijani)]
- Власова Л. М.** Урожай и качество зерна озимой твердой пшеницы в лесостепи ЦЧР в зависимости от нормы высева семян и листовых подкормок// Диссертация на кандидата наук. 2013;155 [Vlasova, L. M. Yield and grain quality of winter durum wheat in the forest-steppe of the Central Black Earth Region depending on the seeding rate and foliar application// Dissertation for a candidate of science. 2013;155 (in Russian)]
- Вьюшков А.А., Мальчиков П.Н., Сюков В.В., Шевченко С.Н.** Селекционно-генетическое улучшение яровой пшеницы. Самара. Самарский научный центр РАН, 2012;266. [Vyushkov A.A., Mal'chikov P.N., Syukov V.V., Shevchenko S.N. Breeding and genetic improvement of spring wheat. Samara Samara Scientific Center of the Russian Academy of Sciences, 2012;266. (in Russian)]
- Гладышева О.В.** Современные сорта пшеницы озимой и яровой в Рязанской области: продуктивность и качество зерна. *Аграрная наука*. 2018;(4):35-37. [Gladysheva O.V. Modern varieties of winter and spring wheat in the Ryazan region, productivity and quality of grain. *Agrarian science*.2018;(4):35-37. (in Russian)].
- Дивашук М.Г., Коробкова В.А., Ермолаев А.С., Крупина А.Ю., Крупин П.Ю., Беспалова Л.А., Яновский А.С., Кочешкова А.А., Блинков А.О., Воропаева А.Д., Архипов А.В., Мудрова А.А., Карлов Г.И.** Результаты применения прикладных генетических технологий в селекции твердой пшеницы: что можно успеть за три года?. Сборник Материалов Конференции “Твёрдая пшеница: генетика, биотехнология, селекция и семеноводство, технологии выращивания и переработки” Москва 2023;20-21 [Divashuk M.G., Korobkova V.A., Ermolaev A.S., Krupina A.Yu., Krupin P.Yu., Bespalova L.A., Yanovsky A.S., Kocheshkova A.A., Blinkov A.O., Voropaeva A.D., Arkhipov A.V., Mudrova A.A., Karlov G.I. Results of the application of applied genetic technologies in durum wheat breeding: what can be achieved in three years? Collection of Proceedings of the Conference “Durum Wheat: Genetics, Biotechnology, Breeding and Seed Production, Cultivation and Processing Technologies” Moscow 2023;20-21 (in Russian)]
- Методические рекомендации по оценке качества зерна.** ВАСХИНИЛ, М., 1977;172 [Methodological recommendations on the evaluation of grain qualities, VASKHINIL = LAUAAS, 1977:172 (in Russian)]
- Тихонов В.Е., Долгалева М.П., Митрофанов К.В.** “Влияние погодных факторов на формирование качества зерна твердой пшеницы в природных зонах Оренбургского Приуралья”. Вестник ОГУ 2005;9:155-158. [Tikhonov V.E., Dolgalev M.P., Mitrofanov K.V. “The influence of weather factors on the formation of the quality of durum wheat grain in the natural zones of the Orenburg Urals” Bulletin of OSU 2005;9:155-158. (in Russian)]
- Gregová E., Medvecká E., Jómová K., Šliková S.** Characterization of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) quality from gliadin and glutenin protein composition. *Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*,: 2021;610-615.
- Kibkalo I.** Effectiveness of and Perspectives for the Sedimentation Analysis Method in Grain Quality Evaluation in Various Cereal Crops for Breeding Purposes. *Plants*. 2022;11(13), Article number: 1640.
- Lozhkin A.G., Makushev A.E., Vasiliev O.A., Shashkarov L.G., Pushkarenko N.N., Malchikov P.N.** (2020). Evaluation of spring durum wheat varieties by yield, structure and grain quality. В сборнике: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. International AgroScience Conference, AgroScience.– 2019. — С. 012045.
- Lynch J.M., Barbano D.M.** Kjeldahl nitrogen analysis as a reference method for protein determination in dairy products. *Journal of AOAC International*, 1999;82(6):1389-1398. <https://doi.org/10.1093/jaoac/82.6.1389>.
- Meena V.K., Meena V.S., Kumar S., Shekhawat H.S., Choudhary K., Sharma J.K., Kumawat S.** Integrating multi-traits mixed model and multivariate statistics for genetic diversity assessment in mungbean (*Vigna radiata* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2025;72(8):10489-10511. <https://doi.org/10.1007/s10722-025-02573-y>.

- Patel M.K., Singh D., Sharma V., Tiwari D., Ola M. P., Kumar S., Saroj R. Stability analysis in sesame (*Sesamum indicum* L.) under different Doses of Fertilizers. *Biological Forum – An International Journal*, 2023;15(2), 365-370.
- Poladova G.H., kzy Gasanova G.M., Mammedova S.M., Ibrahimova Sh.G. Molecular and genetic basis for improving the quality of soft wheat grain. *Scientific Horizons*, 2024;27(3):53-63. <https://doi.org/10.48077/scihor3.2024.53>
- Shakir S., Ahmad S., Sibte-Abbas M. et al. Quality mapping of durum wheat germplasm as a tool for development of high quality pasta varieties. 2025. *Sci Rep* <https://doi.org/10.1038/s41598-025-33790-1>.
- Utebayev M., Dashkevich S., Kradetskaya O., Chilimova I., Zhylykbaev R., Zhigula T., Shelayeva T., Khassanova G., Bulatova K., Tsygankov V. et al. Genetic Diversity of Prolamin Loci Related to Grain Quality in Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.) in Kazakhstan. *Life* 2026;16:157. <https://doi.org/10.3390/life16010157>

ABŞERON ŞƏRAİTİNDƏ BECƏRİLƏN BƏRK BUĞDA (*T.durum* Desf.) NÜMUNƏLƏRİNİN TEKNOLOJİ VƏ BİOKİMYƏVİ GÖSTƏRİCİLƏRİNİN ÖYRƏNİLMƏSİ

Hamlet Sadıqov, Gülgəz Məmmədova*, Sevil Sadıqova

Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu

Buğda dənin keyfiyyət göstəriciləri seleksiya və emalın vacib aspektlərindəndir. Dənin əsas keyfiyyət göstəricilərinə onun reoloji xüsusiyyətlərini dolayı yolla müəyyən edən qlüten, zülal və şüşəvarilik daxildir. Tədqiqatımızın məqsədi payızlıq bərk buğdanın təsərrüfat əhəmiyyətli xüsusiyyətlərinin mənbələrini müəyyən etmək və gələcək seleksiyada istifadə etməkdir. Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Abşeron yarımadasında yerləşən təcrübə sahəsində (40.413010Ş şərq uzunluğu və 49.833421Ş şimal enliyi) becərilən 35 bərk buğda nümunəsi və standart kimi götürülmüş Maya sortu tədqiqatda istifadə olunmuşdur. Zülal tərkibi baxımından bütün nümunələrin 44,4%-i 3 illik orta göstəricidən yuxarı, qalan 55,6%-i isə orta göstəricidən aşağı nəticələr nümayiş etdirmişdir. 4 nömrəli nümunə (*v. obscurum*) nisbətən yüksək qlüten tərkibinə (35,0%) və bütün nümunələr arasında ən yüksək zülal tərkibinə (17,2%) malik olmuşdur. Məlum olmuşdur ki, 1000 dənin kütləsinə görə orta qiymət 43,7qr - dir. Bu nəticədən daha yüksək göstəriciyə malik nümunələr 8,3%, bu nəticəyə yaxın olan nümunələr 44,4%, aşağı olanlar isə 47,2% təşkil etmişdir. Nəticələr göstərir ki, dəyişənlər arasında müşahidə olunan yüksək kovarians PCA – nın ilk üç komponenti ilə əhəmiyyətli dərəcədə izah olunur və genotiplər bu komponentlərə görə üç əsas fenotipik qrupa bölünür: yüksək, orta və aşağı keyfiyyətli. Bərk buğda seleksiyasının əsas istiqamətlərindən biri də dənin keyfiyyətinin yaxşılaşdırılmasıdır. Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Genbankında saxlanılan yerli və introduksiya olunmuş payızlıq bərk buğda nümunələri və standart Maya sortunun keyfiyyət göstəricilərinin analizi nəticəsində bütün əlamətlərə görə yüksək göstəriciyə malik yeddi nümunə seçilmişdir: *v. niloticum*, *v. obscurum*, *v. melanopus*, *v. melanoleucum*, *v. lyubicum*, *v. albo provinciale* və *v. provinciale*. Müəyyən edilmiş bu nümunələrdən bizim şəraitdə yüksək keyfiyyətli dən məhsulu almaq üçün gələcək seleksiyada istifadə etmək məqsəduyğundur.

Açar sözlər: bərk buğda, qlüten, zülal, şüşəvarilik, keyfiyyət, seleksiya

ИССЛЕДОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ И БИОХИМИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ОБРАЗЦОВ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ (*T.durum* Desf.), ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА

Гамлет Садыгов, Гюльгяз Мамедова*, Севиль Садыгова

Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования
Азербайджанской Республики

Показатели качества зерна пшеницы, используемые в конечном продукте, являются важными аспектами селекции и переработки. Ключевыми показателями качества зерна являются клейковина, белок и стекловидность, которые косвенно определяют реологические свойства муки. Целью нашего исследования было выявление источников хозяйственно-ценных признаков у озимой твердой пшеницы для последующего использования в процессе селекции. В исследовании использовались 35 сортов твердой пшеницы и сорт Майя (стандартный сорт), выращенные на экспериментальном участке Института генетических ресурсов (40.413010N восточной долготы и 49.833421E северной широты) Апшеронского полуострова. По содержанию белка 44,4% всех образцов показали результаты выше среднего значения за 3 года, у остальных 55,6% образцов результаты были ниже среднего. Образец № 4 (*v. obscurum*) имел относительно высокое содержание клейковины (35,0%) и самое высокое содержание белка (17,2%) среди всех образцов. Было установлено, что наибольшая доля образцов (47,2%) имела массу 1000 зерен ниже среднего уровня, в то время как 44,4% образцов находились на среднем уровне, а 8,3% значительно его превышали. Результаты показывают, что высокая ковариация, наблюдаемая между переменными, значительно объясняется первыми тремя компонентами PCA, а генотипы разделяются на три основных фенотипических кластера: высокого, среднего и низкого качества, в соответствии с этими компонентами. Одним из основных направлений селекции твердой пшеницы является улучшение качества зерна. Исследование качественных характеристик сортов озимой твердой пшеницы, включая местные и интродуцированные образцы, хранящиеся в Генбанке Института генетических ресурсов, позволило идентифицировать семь образцов наряду со стандартным сортом Майя: *v. niloticum*, *v. obscurum*, *v. melanopus*, *v. melanoleucurum*, *v. lyubicum*, *v. albo provinciale*, *v. provinsale*. Выявленные образцы представляют интерес для селекции твердой пшеницы с целью получения зерна высокого качества в наших условиях.

Ключевые слова: твердая пшеница, клейковина, белок, стекловидность, качество, селекция.

Çapa təqdim etmişdir: Qətibə Həsənova, a.e.d., dosent

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 11.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 10.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 10.04.2026

UOT 631.531.1:633.11

DƏN ÖLÇÜSÜNƏ GÖRƏ QRUPLAŞDIRILMIŞ BUĞDA GENOTIPLƏRİNDƏ KEYFİYYƏT GÖSTƏRİCİLƏRİNİN ÖYRƏNİLMƏSİ

LEYLA HƏSƏNOVA*, AYSEL LABAZANOVA

*Kənd Təsərrüfatı Nazirliyi Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutu, Bakı ş., Pirşağı qəs., Sovxoz №2
leylahesenova214@gmail.com*

Tədqiqat, müxtəlif ölçülü ələklərdən (2.2 mm, 2.5 mm, 2.8 mm) keçirilmiş buğda toxumlarının keyfiyyət göstəricilərinə çeşidləmə prosesinin təsirini müəyyən etməyi hədəfləyir. Statistik analizlər aydın şəkildə göstərir ki, toxum ölçüsü artdıqca cücərmə qabiliyyəti ($F(2,27)=18.78$, $p<0.001$) və zülalın miqdarı ($F(2,27)=6.41$, $p=0.005$) statistik cəhətdən əhəmiyyətli dərəcədə artır. Ən iri toxum fraksiyası (2.8 mm) ən yüksək cücərmə faizinə (94.29%) və zülal miqdarına (14.71%) malik olmuşdur. Tədqiqatın nəticələri göstərdi ki, buğda toxumlarının ölçü fraksiyalarına görə çeşidlənməsi onların əsas keyfiyyət göstəricilərinə statistik cəhətdən əhəmiyyətli dərəcədə təsir edir. Sortimat-Pfeuffer avadanlığı vasitəsilə aparılan dəqiq çeşidləmə nəticəsində müəyyən edilmişdir ki, iri fraksiyalı (2.8 mm) toxumlar daha yüksək 1000 dən kütləsi, yüksək cücərmə qabiliyyəti və optimal zülal tərkibinə malikdir. Əsas toxum kütləsinin 2.8 mm və 2.5 mm ələklər üzərində toplanması, daha böyük və sağlam toxumların seçildiyini təsdiq edir. Bu çeşidləmə prosesi əkin zamanı vahid cücərməni təmin edir, zəif və qüsurlu toxumların ayrılmasına imkan yaradır, enerji və gübrə sərfiyyatını optimallaşdırır. Nəticədə, çeşidlənmiş toxumlarla yetişdirilən bitkilər daha vahid ölçü və keyfiyyətdə olur, bu da bazar dəyərini artırır. Xüsusilə Xəzri (superelit) çeşidində iri fraksiyalı toxumların kütləsinin kiçik fraksiyalarla müqayisədə 0.3 qram daha çox olması müşahidə edilmişdir ki, bu da yüksək keyfiyyətli toxumların daha az qüsurlu olduğunu göstərir. Games-Howell post-hoc testi ən kiçik (2.2 mm) və ən iri (2.8 mm) fraksiyalar arasında statistik cəhətdən əhəmiyyətli fərq olduğunu təsdiq etmişdir ($p<0.01$). Nəticələr göstərir ki, Sortimat-Pfeuffer avadanlığı ilə aparılan çeşidləmə effektiv olaraq yüksək keyfiyyətli toxumları seçə bilər. Əkin üçün 2.5 mm və 2.8 mm fraksiyaların seçilməsi daha yüksək cücərmə, vahid cücərti çıxışı və nəticədə daha yüksək məhsuldarlıq təmin edəcəkdir. Bu tədqiqat, müasir çeşidləmə texnologiyalarının toxum keyfiyyətinin yaxşılaşdırılmasındakı əhəmiyyətini empirik olaraq təsdiq edir. Tədqiqat nəticələri yüksək keyfiyyətli toxum istehsalı strategiyalarının formalaşdırılması, seleksiya proqramlarının effektivliyinin artırılması və ölkənin qida təhlükəsizliyinin gücləndirilməsi üçün elmi əsas ola bilər.

Açar sözlər: cücərmə, dispersiya təhlili (ANOVA), toxum çeşidlənməsi, toxum gücü, zülal tərkibi

GİRİŞ

Arxeoloji tapıntılar Azərbaycan və ümumən regionun ən qədim mədəniyyət mərkəzlərindən biri olduğunu təsdiq edir. Qazıntılar zamanı aşkar edilən saxsı qablar, məişət əşyaları və xüsusilə də buğda və digər taxıl bitkilərinin toxum qalıqları bu ərazidə əkinçilik mədəniyyətinin çox qədim dövrlərə aid olduğunu sübut edir. Bu tapıntılar təkcə qədim əkinçilik ənənələrinin davamlılığını nümayiş etdirmir, həm də toxum keyfiyyəti və seçiminin ən qədim kənd təsərrüfatı cəmiyyətlərində belə əsas rol oynadığını göstərir (Fuller et al., 2014).

Bu tarixi davamlılıq kontekstində, müasir dövrdə qida təhlükəsizliyinin təmini və davamlı kənd təsərrüfatının inkişafı üçün toxum keyfiyyətinin optimallaşdırılması ən vacib prioritet amillərdən birinə çevrilmişdir. Xüsusilə buğda kimi strateji əhəmiyyətli taxıl bitkilərində toxumun biomorfoloji xüsusiyyətləri –o cümlədən dən ölçüsü, cücərmə qabiliyyəti, həyat

<https://doi.org/10.61642/202621>

qüvvəsi və biokimyəvi tərkibi – birbaşa məhsuldarlığı və məhsulun keyfiyyətini müəyyən edir (Гасанова, 2018). Buğda keyfiyyəti üç əsas amildən asılıdır: taxıl sərtliyi (endosperm teksturası), zülal miqdarı və glutenin gücü. Bunlardan ən önəmlisi taxıl sərtliyidir." (Pasha I, 2010) Buğdanın tərkibindəki zülallar – *qlüteninlər* və *gliadinlər* – bişirmə keyfiyyətinə əhəmiyyətli dərəcədə təsir edir (Panozzo, Eagles, 2000). Laboratoriya şəraitində cücərmə testləri (ISTA standartlarına uyğun) və keyfiyyət göstəricilərinin ölçülməsi müasir kənd təsərrüfatının tələblərinə cavab verən yüksək keyfiyyətli toxum istehsalına imkan yaradır.

Toxum keyfiyyətinin müəyyən edilməsi seleksiya və toxumçuluq işinin əsasını təşkil edir (İbrahimov, Qurabnov, 2012). Toxum istehsalının idarə edilməsi və keyfiyyətinin təmin edilməsi müasir kənd təsərrüfatının əsasını təşkil edir. Buğda becərilməsində toxumla bağlı ən önəmli məqam onun ölçüyə görə çeşidlənməsi (kalibrasiyası), optimal şəraitdə saxlanması və yüksək cücərmə qabiliyyətini təmin edəcək şəkildə əkinə hazırlanmasıdır. Temperatur (10-15°C), rütubət (8-10%) və işıq rejiminin idarə edilməsi toxumun metabolik fəaliyyətinin azaldılması və cücərmə qabiliyyətinin qorunması üçün vacibdir. Müasir Sortimat-Pfeuffer kimi avadanlıqlar vasitəsilə aparılan fraksiyalara ayırma (2.2 mm, 2.5 mm, 2.8 mm) toxumların homojenliyini təmin edir. Elmi tədqiqatlar göstərir ki, iri fraksiyalı toxumlar daha yüksək cücərmə qabiliyyətinə və məhsuldarlığa malikdir.

Tədqiqatın əsas məqsədi, müxtəlif ölçülü ələk fraksiyalarına (2.2 mm, 2.5 mm, 2.8 mm) görə çeşidlənmiş buğda (*Triticum aestivum* L.) toxumlarının əsas keyfiyyət göstəriciləri – cücərmə qabiliyyəti, 1000 dənin kütləsi və zülal tərkibi – arasındakı əlaqəni müəyyən etmək və qiymətləndirməkdir (Həsənova, 2018). Sortimat-Pfeuffer avadanlığı ilə aparılan dəqiq çeşidləmə prosesi və statistik təhlil üsulları (bir faktorlu dispersiya təhlili - ANOVA, Games-Howell post-hoc testi) vasitəsilə iri fraksiyalı toxumların aqronomik üstünlükləri elmi cəhətdən əsaslandırılır.

Tədqiqatın nəticələri yüksək keyfiyyətli toxum istehsalı strategiyalarının formalaşdırılması, seleksiya proqramlarının effektivliyinin artırılması və nəticədə regionun qida təhlükəsizliyinin gücləndirilməsi üçün elmi əsas təşkil edir.

Becərmə üsulları buğdanın texnoloji keyfiyyətinə təsir göstərə bilər. Üzvi üsulla yetişdirilən buğdanın zülal miqdarı adi üsulla yetişdirilənə nisbətən bir qədər **yüksək** olsa da, zülalın keyfiyyət göstəriciləri olan xəmirin gücü və çörəyin həcmi adi üsulla istehsal olunan buğdadə **daha** yüksək olmuşdur. Bu vəziyyət, buğdanın texnoloji keyfiyyətinin müəyyən edilməsində zülalın miqdarı qədər onun keyfiyyətinin də həlledici rol oynadığını ortaya qoyur (Annett, 2007).

MATERIAL VƏ METODLAR

Tədqiqatın materialını 2023-cü ildə Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Zaqatala Bölgə Təcrübə Stansiyasında becərilmiş 5 yumşaq buğda (*Triticum aestivum* L.) genotipi təşkil etmişdir. Sortlar institut tərəfindən yaradılmış, rayonlaşdırılmış, patentləşdirilmiş və Bitki Sortlarının Dövlət Reyestrinə daxil edilmişdir: Xəzri (superelit), Xəzri (elit), Ləyaqətli-80, Mətin və Şəfəq-2 (elit). Toxumlar Sortimat-Pfeuffer avadanlığından istifadə etməklə müxtəlif ölçülü ələklərdən (2.2 mm, 2.5 mm, 2.8 mm) keçirilərək üç fraksiyaya ayrılmışdır. **Keyfiyyət göstəricilərinin təyini:** Toxumların keyfiyyət göstəriciləri Beynəlxalq Toxum Sınağı Assosiasiyasının (ISTA) standart metodlarına əsasən müəyyən edilmişdir:

- **1000 dənin kütləsi** DÜST 10839-64. 1000 toxumun kütləsinin təyini metodu standartına uyğun olaraq analitik tərəzidə təyin edilmişdir.
- **Cücərmə qabiliyyəti** AZS 134-2005 standartına uyğun olaraq müəyyən edilmişdir.
- **Zülal tərkibi** yaxın infraqırmızı (NIR) spektroskopiyasının qeyri-destruktiv metodu ilə, Infratec 1241 analizatorunda (Foss Analytical, Danimarka) ölçülmüşdür. Ölçmələr cihazın daxili kalibrasiya modeli əsasında və istehsalçının protokoluna uyğun olaraq həyata keçirilmişdir.

Tədqiqatdan əldə edilən bütün kəmiyyət məlumatların statistik işlənməsi IBM SPSS Statistics 28 (IBM Corp., Armonk, NY, ABŞ) proqram paketində aparılmışdır. Müxtəlif ələk

fraksiyaları arasında cücərmə qabiliyyəti, 1000 toxum kütləsi və zülal tərkibi baxımından statistik əhəmiyyətli fərqlərin müəyyən edilməsi üçün bir faktorlu dispersiya təhlili (one-way ANOVA) tətbiq edilmişdir. ANOVA təhlilinə keçməzdən əvvəl Levene testi ilə variansların homogenliyi yoxlanılmışdır. Testin nəticələrinə əsasən, cücərmə qabiliyyəti ($p < 0.001$) və 1000 dənin kütləsi ($p = 0.048$) üçün variansların homogen olmadığı, zülal tərkibi ($p = 0.617$) üçün isə homogen olduğu müəyyən edilmişdir.

Əhəmiyyətli fərqlər aşkar edildikdə ($p < 0.05$), qruplar arasındakı müqayisələr variansların vəziyyətinə uyğun post-hoc testlərlə aparılmışdır: variansları qeyri-bərabər olan cücərmə qabiliyyəti və 1000 dənin kütləsi üçün Games-Howell testi, variansları bərabər olan zülal tərkibi üçün isə Tukey HSD (Əsl Əhəmiyyətli Fərq) testi istifadə edilmişdir. Təsirin gücünü və praktiki əhəmiyyətini qiymətləndirmək üçün hissəvi eta kvadrat (η^2) effekt ölçüsü hesablanmışdır. Bütün statistik testlərdə I tip xəta səviyyəsi $\alpha = 0.05$ olaraq təyin edilmiş və $p < 0.05$ dəyərləri statistik cəhətdən əhəmiyyətli hesab edilmişdir. Məlumatlar orta \pm standart xəta (S.E.) şəklində təqdim olunmuşdur.

NƏTİCƏLƏR VƏ MÜZAKİRƏLƏR

Bu tədqiqatın əsas məqsədi müxtəlif ölçülü ələklərdən keçirilmiş buğda toxumlarının cücərmə qabiliyyəti, kütləsi və zülal tərkibi kimi əsas keyfiyyət göstəricilərinə çeşidləmə amilinin təsirini qiymətləndirmək idi. Əldə edilən nəticələr aydın şəkildə göstərir ki, toxumların ölçüsü onların keyfiyyət göstəricilərinə statistik cəhətdən əhəmiyyətli dərəcədə təsir göstərir. Sortimat-Pfeuffer cihazı vasitəsilə toxumlar çeşidlənmişdir. Eyni ölçüyə malik toxumlar seçilərək qruplaşdırılmış və öyrənilmişdir. Bu prosesin təşkilində məqsəd əkin zamanı vahid cücərmə əldə etməkdir. Nisbətən kiçik, qüsurlu və zədələnmiş toxumlar ayrıldığı üçün sağlam toxumlar seçilir. Əkin zamanı keyfiyyətli toxumlar istifadə olunduqda, daha çox və sağlam bitkilər cücərir ki, cücərmə qabiliyyətinin faiz göstəricisi yüksəlmiş olur. Bir-birinə yaxın kütləyə malik toxumlar eyni vaxtda və bərabər inkişaf edir, bu da məhsul yığımını daha asan edir. Əkin vaxtı çeşidlənmə aparılmış toxumlardan istifadə edildikdə yalnız keyfiyyətli toxumların əkilməsinə nail olunur, zəif toxumlara enerji və gübrə sərf edilmir. Sağlam toxumlar torpaqdan maksimum məhsuldarlıq götürməyə imkan verir. Çeşidlənmiş toxumlarla yetişdirilən bitkilər daha vahid ölçü və keyfiyyətdə olur, bu da bazarda məhsulun daha yüksək qiymətə satılmasına şərait yaradır. Avadanlığın üstünlüyü odur ki, toxumların kateqoriyasına uyğun olaraq, müxtəlif ölçülərdə dəqiq çeşidlənməni təmin edir. Bu da əkin üçün ən uyğun və sağlam toxumları seçməyə kömək edir.

Aydındır ki, avadanlıq 3 fərqli-2.2 mm, 2.5 mm və 2.8 mm ölçüyə malik ələkdən ibarətdir. Müxtəlif ölçüyə malik ələklər vasitəsilə çeşidlənmiş toxumların kütləsi (Cədvəl 1) verilmişdir. Kiçik ölçülü toxumların kütləsi daha az olmuşdur (Cədvəl 1), xüsusilə "Xəzri" (super elit) çeşidində bu, 0.3 qramdır. Bu, yüksək keyfiyyətli toxumların daha az qüsurlu olmasını göstərir. Əsas toxum kütləsi 2.8 və 2.5 mm ələklərin üzərində toplanmışdır, bu isə daha böyük və sağlam toxumların seçildiyini göstərir.

Cədvəl 1.

Müxtəlif ölçüyə malik ələklər vasitəsilə çeşidlənmiş toxumların kütləsi

Sortun adı	Toxumun kateqoriyası	Ələklərin ölçüsü, mm			
		2,2	2,5	2,8	2,8+2,5
Ləyaqətli-80	elit	2,1	16,7	80,6	97,3
Xəzri	super elit	0,3	9,6	89,7	99,3
Xəzri	elit	1,0	15,1	83,6	98,7
Mətin	elit	0,4	18,7	80,4	99,1
Şəfəq-2	elit	0,4	14,8	82,8	97,6

Ümumi nəticəyə əsasən, Xəzri (super elit)" ən yüksək göstəriciyə (99.3 qr) malikdir. Ləyaqətli-80 və Xəzri (elit) sortlarında bu göstəricilər oxşar səviyyədədir, lakin Xəzri (super elit) ən yüksək göstəriciyə sahibdir. Mətin və Şəfəq-2 arasında 2.5 mm ölçüsündə kiçik fərqlər var, lakin toplam keyfiyyətdə ciddi fərq yoxdur. 1000 dənin kütləsi ilə toxum partiyalarının ölçü və keyfiyyət baxımından nə qədər bərabər olduğunu müəyyən etmək mümkündür. Müxtəlif sortların 1000 dən kütləsini müqayisə etməklə, daha məhsuldar və sağlam sortları müəyyən etmək mümkündür. 1000 dən kütləsini öyrənmək yalnız sortların müqayisəsi üçün deyil, həm də toxum istehsalı, əkin planlaması üçün vacibdir. Analiz apardığımız nümunələrin 1000 dən kütləsi öz əksini tapmışdır (Cədvəl 2). Aydın olur ki (Cədvəl 2), 2,2 mm ələk üzərində qalan nümunələrdən 1000 dən kütləsi ən yüksək Xəzri (super elit) 29,9 qram, ən aşağı Şəfəq-2 26,0 qram olmuşdur. 2,5 mm ələk üzərində qalan nümunələrdə isə 1000 dən kütləsi ən yüksək Xəzri (super elit) 40.1 qram, ən aşağı Şəfəq-2 sortunda 35,5 qram olmuşdur. 2.8 mm ələk üzərində qalan nümunələrdə isə 1000 dən kütləsi ən yüksək Xəzri (super elit) 48,4 qram, ən aşağı Şəfəq-2 sortunda isə 40,6 qram olmuşdur.

Cədvəl 2.

Çeşidlənmiş nümunələrdə 1000 dənin kütləsinin qramla ifadəsi

Sortun adı	Toxumun kateqoriyası	Ələklərin ölçüsünə görə kütləsi, qram			Orta rəqəm
		2,2 mm	2,5 mm	2,8 mm	
Ləyaqətli-80	elit	26,5	36,4	41,4	34,7
Xəzri	Super elit	29,9	40,1	48,4	39,4
Xəzri	elit	28,7	38,0	44,2	36,9
Şəfəq-2	elit	26,0	35,5	40,6	34,0
Mətin	elit	26,5	37,7	41,0	35,1

Stataistik analiz kütlə göstəriciləri təhlilində əldə edilən nəticələr ($F(2,27)=2496.94$, $p<0.001$, $\eta^2=0.995$) gözlənilən kimi, hər bir ələk fraksiyasının kütlə baxımından kəskin şəkildə fərqləndiyini təsdiq etdi. Bu nəticə praktiki baxımdan son dərəcə əhəmiyyətlidir, çünki 1000 dənin kütləsi birbaşa olaraq onun məhsuldarlığı ilə əlaqədardır. Bizim tədqiqatımızda ən iri fraksiyada (2.8 mm) 1000 dənin kütləsinin 48.4 qr-a qədər artması bu əlaqəni aydın şəkildə nümayiş etdirir. İri və dolğun dənələrdən əldə edilən onun çörəkbişirmə keyfiyyəti daha yüksək olur.

Yüksək cücərmə qabiliyyətinə malik toxumlar məhsulun optimal sıxlıqda olmasını təmin edir. Aşağı cücərmə faizi olan toxumlar daha az cücərir, bu isə məhsuldarlığın azalmasına səbəb olur. Əkin materialının düzgün istifadəsi: Cücərmə və cücərmə enerjisi haqda göstəricilər məlumdursa, əkin üçün nə qədər toxum səpilməsi aydın olduğundan, toxum və gübrə kimi resurslar səmərəli istifadə olunur. Müxtəlif sortların cücərmə faizi müqayisə edildikdə, hansı sortun əkin aparmaq üçün daha əlverişli olduğu aydınlaşır, itki riski azalır, toxum və gübrə kimi resurslar səmərəli istifadə edilir (İbrahimov, 2012). (Cədvəl 3) müxtəlif ölçülü toxumların cücərmə qabiliyyətini müqayisə etməyə imkan verir. Buradan aydın olur ki, kiçik ölçülü toxumların cücərmə qabiliyyəti, xüsusilə "Ləyaqətli-80" və "Mətin" sortlarında daha aşağıdır (78%-80.3%), iri toxumlarda bu göstərici (2.8 mm) daha sabit və yüksək nəticələr əldə edilmişdir (92%-94%). Bu, kiçik toxumların cücərmə qabiliyyətinin daha zəif olduğunu göstərir. 2.5 mm və 2.8 mm ölçülü ələklər üzərində qalan toxumların cücərmə qabiliyyəti daha yüksək olmuşdur, xüsusilə 2.8 mm- ölçülü ələk üzərində qalan nümunələrdə. Bu, iri toxumların daha sağlam və güclü olduğunu sübut edir. Xəzri (super elit) sortunda cücərmə qabiliyyəti hər ölçüdə ən yüksəkdir (91%-96%), bu da onun toxum keyfiyyətinin üstün olduğunu göstərir. Şəfəq-2 (elit) 2.2 mm ölçüyə malik ələk üzərində qalan nümunələrin yüksək cücərmə qabiliyyətinə (91%) sahibdir, bu isə elit sortlar arasında yaxşı nəticədir. Super elit toxumlar (Xəzri) hər ölçüdə

elit kateqoriyalı toxumlardan daha yaxşı nəticə göstərir. Bu da super elit kateqoriyalı toxumların seçilməsi üçün əsas verir. İri ölçülü toxumlar (2.8 mm) cücərmə qabiliyyətində daha sabit və yüksək nəticələr göstərir. Əkin üçün əsasən bu ölçüdə toxumların istifadə olunması tövsiyə olunur.

Cədvəl 3.

Çeşidlənmiş toxumların cücərmə qabiliyyəti

Sortun adı	Toxumun kateqoriyası	Cücərmə qabiliyyəti (müxtəlif ölçülü ələklərdə çeşidlənməyə görə),%		
		2,2 mm	2,5 mm	2.8 mm
Ləyaqətli-80	elit	78,0	90,2	92,0
Xəzri	Super elit	91,0	95,0	96,0
Xəzri	elit	83,6	90,0	93,4
Şəfəq	elit	91,0	91,2	96,0
Mətin	elit	80,3	94,0	94,0

Tədqiqatımızın ən əhəmiyyətli nəticələrindən biri odur ki, ələk ölçüsü artdıqca (toxumun ölçüsü böyüdükcə) cücərmə qabiliyyətinin də etibarlı şəkildə artdığı müşahidə olunmuşdur ($F(2,27)=18.78$, $p<0.001$, $\eta^2=0.582$). Xüsusilə, ən iri toxum fraksiyasında (2.8 mm) orta cücərmə qabiliyyətinin 94.29% təşkil etməsi, bu fraksiyanın əkin üçün ən perspektivli material olduğunu göstərir. Bu nəticə bizim ilkin hipotezimizi təsdiq edir və Annett və h. (2007)-nin organic və konvensional buğda növlərində oxşar əlaqəni qeyd etdiyi tədqiqatı ilə uyğundur. Onlar da qeyd etmişdirlər ki, daha dolğun və iri toxumlar daha yüksək həyat qüvvəsi və cücərmə enerjisi nümayiş etdirir. Bu fenomeni əsasən iri toxumların daha zəngin endospermə və nəticədə daha çox qida ehtiyatına malik olması ilə izah etmək olar. Bu, cücərtinin ilkin inkişaf mərhələlərində kritik rol oynayır və bitkinin stres amillərinə daha yaxşı davamlı olmasını təmin edir.

Cədvəl 4.

Games-Hovel modeli

(I) ələklərin ölçüsü	(J) ələklərin ölçüsü	Ortalama Fərq (I-J)	Standart xəta	Sig. (P dəyəri)	Etibarlılıq səviyyəsi 95%	
					ən aşağı hədd	ən yuxarı hədd
2,2 mm	2,5 mm	-7,3010*	1,91954	0,007	-12,4489	-2,1531
	2.8 mm	-9,5000*	1,86703	0,001	-14,5796	-4,4204
2,5 mm	2,2 mm	7,3010*	1,91954	0,007	2,1531	12,4489
	2.8 mm	-2,1990	,85612	0,050	-4,3981	0,0001
2.8 mm	2,2 mm	9,5000*	1,86703	0,001	4,4204	14,5796
	2,5 mm	2,1990	,85612	0,050	-0,0001	4,3981

Ortalama fərqi 0.05 səviyyəsində əhəmiyyətlidir.

Nəticələrə əsasən demək olar ki (Cədvəl 4), 2.2 mm ilə 2.5 mm qrupları arasındakı 7.3%-lik fərq statistik cəhətdən əhəmiyyətlidir ($p = 0.007$), 2.2 mm ilə 2.8 mm ələk qrupları arasındakı 9.5%-lik fərq statistik cəhətdən daha da güclü və əhəmiyyətlidir ($p = 0.001$). 2.5 mm ilə 2.8 mm qrupları arasındakı 2.2%-lik fərq isə $p=0.050$ dəyəri ilə statistik əhəmiyyət həddindədir (*marginally significant*). Etibarlılıq intervalının sıfırı (0) ehtiva etməməsi (məsələn, -0.0001 ilə 4.3981) bu fərqi praktiki baxımdan nəzərə alına biləcəyini göstərir. Games-Howell post-hoc testinin nəticələri aydın şəkildə göstərir ki, ən kiçik toxum fraksiyası (2.2 mm) olan qrup, həm orta (2.5 mm), həm də ən iri (2.8 mm) fraksiyalı qruplardan statistiki cəhətdən əhəmiyyətli dərəcədə aşağı cücərmə qabiliyyətinə malikdir. Orta və iri fraksiyalar arasındakı

fərq isə statistik əhəmiyyət həddindədir. Bu nəticələr, toxum ölçüsü artdıqca cücərmə qabiliyyətinin etibarlı şəkildə yüksəldiyini təsdiq edir və əkin üçün ən azı 2.5 mm və daha böyük fraksiyaların seçilməsinin üstünlüyünü nümayiş etdirir.

Məlumdur ki, sortların genetik xüsusiyyətləri ilə yanaşı, temperatur, illik yağıntı miqdarı, yağıntının aylıq bölgüsü, yetişdirmə şəraiti, aqrotexniki tədbirlər və s. zərərvericilər protein miqdarı və keyfiyyətinə təsir göstərir. (Cədvəl 5) toxumun müxtəlif ələklərdən keçməsi əsasında zülal tərkibinin dəyişməsinə göstərir. Analizlərin nəticəsində əldə olunan göstəricilərə əsasən əsas dəyişiklikləri və zülal tərkibinin dəyişiminin mümkün səbəblərini araşdıraraq. Bu tədqiqatda müxtəlif buğda sortlarında ümumi protein miqdarının orta göstəricisi 14.0% olmuşdur. Ən yüksək protein miqdarı isə Ləyaqətli-80 (14.6%) sortunda qeydə alınmışdır. 2.5 mm ələk üstündə qalan sortlar arasında ən aşağı protein miqdarı Mətin sortunda (14.0 %), ən yüksək protein miqdarı isə Xəzri (super elit) və Ləyaqətli-80 sortlarında (14,6 %) müəyyən edilmişdir. Tədqiqat nəticələrinə görə, dənin ölçüsü artdıqca protein miqdarı azalmışdır. Bunun səbəbi dən ölçüsü artdıqda nişasta miqdarının yüksəlməsi, protein miqdarının isə nisbi olaraq azalması ilə izah edilə bilər.

Cədvəl 5.

Çeşidlənmiş toxumlarda zülal miqdarı,%

Sortun adı	Toxumun kateqoriyası	Ələklərin ölçüsünə görə, %			Ortalama, %
		2,2 mm	2,5 mm	2,8 mm	
Ləyaqətli-80	elit	14,6	14,8	15,0	14,8
Xəzri	Super elit	14,0	14,8	15,0	14,6
Xəzri	elit	14,5	14,6	14,7	14,6
Mətin	elit	13,8	14,0	14,2	14,0
Şəfəq-2	elit	14,1	14,1	14,3	14,1

Məlumdur ki, buğdanın zülal miqdarı və keyfiyyəti təkcə genetik xüsusiyyətlərdən deyil, həm də temperatur, yağıntı miqdarı və rejimi, yetişdirmə şəraiti, aqrotexniki tədbirlər və zərərvericilər kimi mühit amillərindən güclü şəkildə təsirlənir. (Cədvəl 5) müxtəlif ələk fraksiyalarına görə çeşidlənmiş toxumların zülal tərkibindəki dəyişiklikləri göstərir. Tədqiqatımızın nəticələrinə əsasən, müxtəlif buğda sortlarında ümumi orta zülal miqdarı 14.0% olaraq müəyyən edilmişdir. Sortlar arasında ən yüksək orta zülal miqdarı Ləyaqətli-80 (14.8%) və Xəzri (super elit və elit, hər ikisi 14.6%) sortlarında, ən aşağı miqdar isə Şəfəq-2 (14.1%) və Mətin (14.0%) sortlarında qeydə alınmışdır. Bu, genotipin zülal tərkibinə olan əsas təsirini aydın şəkildə nümayiş etdirir.

Maraqlıdır ki, ələk ölçüsü artdıqca (yəni toxum ölçüsü böyüdükcə) ümumi trend zülal miqdarının artması istiqamətində olmuşdur. Statistik təhlil bu artımın statistik cəhətdən əhəmiyyətli olduğunu təsdiq etmişdir ($F(2,27)=6.41$, $p=0.005$). Lakin, buradakı təsir digər göstəricilərə (məsələn, cücərmə) nisbətən nisbətən zəifdir ($\eta^2=0.322$). Statistik əhəmiyyətli fərqlin əsasən ən kiçik (2.2 mm) və ən iri (2.8 mm) fraksiyalar arasında aşkar edilməsi göstərir ki, zülalın sintezi və toplanması mürəkkəb bir prosesdir və təkcə dən ölçüsündən deyil, həm də genotip və ətraf mühit amillərindən güclü şəkildə təsirlənir.

Bu, birinci baxışda əvvəlki fikirlə ziddiyyət kimi görünə bilər, çünki adətən iri dənlərdə nişasta miqdarının artdığı və nisbi olaraq zülal faizinin azaldığı gözlənilir. Lakin, bizim nəticələrimiz əksini göstərir. Bunun izahı ola bilər ki, iri və dolğun dənələr üçün tələb olunan artıq qida ehtiyatı (karbonhidratlar və zülallar) daha səmərəli şəkildə sintez və köçürülə bilər. Nəticədə, həm nişasta, həm də ümumi zülalın mütləq miqdarı artır. Bizim müşahidəmiz, iri toxumların həm də daha yüksək zülal potensialına malik ola biləcəyini düşündürür.

Bu qismən Panozzo və Eagles (2000)-nin apardığı tədqiqatın nəticələri ilə uyğun gəlir; onlar qeyd etmişdirlər ki, zülalın miqdarı və keyfiyyəti əsasən genetik amillər və yetişdirmə şəraiti ilə müəyyən edilir. Lakin, bizim tədqiqatımız göstərir ki, çeşidləmə yolu ilə iri toxumların

seçilməsi, artım miqdarına birbaşa təsir etməsə belə, ümumi zülal miqdarını artırmaq üçün dolayı bir strategiya ola bilər. Nəticə etibarilə, tədqiqatımız göstərir ki, dən ölçüsünə görə çeşidləmə, ümumi zülal miqdarını artırmaq üçün effektiv bir üsul ola bilər. Xüsusilə yüksək zülal potensialına malik genotiplərdə (məsələn, Ləyaqətli-80 və Xəzri) iri toxum fraksiyalarının seçilməsi, həm yüksək məhsuldarlıq, həm də yüksək keyfiyyətli məhsul əldə etmək baxımından əhəmiyyətli bir strategiya təşkil edir.

Buğda endosperminin protein keyfiyyəti çörəyin bişirmə keyfiyyətini müəyyən edən ən vacib amildir. Ümumi protein miqdarı eyni olan buğda dənələrindən əldə edilən unlar, qlüten proteinlərinin keyfiyyətindəki fərqliliklər səbəbindən bişirmə zamanı çox fərqli nəticələr göstərə bilər. (Aydoğan və b., 2014)

Maraqlıdır ki, zülalın miqdarı göstəricisində də oxşar bir tendensiya müşahidə olunmuşdur. Ələk ölçüsü artdıqca orta zülal miqdarının da artma meyli aşkar edilmişdir ($F(2,27)=6.41$, $p=0.005$, $\eta^2=0.322$). Lakin, buradakı təsir digər göstəricilərə nisbətən nisbətən zəifdir ($\eta^2=0.322$). Statistik əhəmiyyətli fərqin yalnız ən kiçik (2.2 mm) və ən iri (2.8 mm) fraksiyalar arasında aşkar edilməsi göstərir ki, zülalın sintezi və toplanması nisbətən mürəkkəb bir prosesdir və təkcə dən ölçüsündən deyil, həm də genotip və ətraf mühit amillərindən güclü şəkildə təsirlənir. Zülalın miqdarı və keyfiyyəti əsasən genetik amillər və yetişdirmə şəraiti ilə müəyyən edilir. Lakin, bizim tədqiqatımız iri toxumların həm də daha yüksək zülal potensialına malik ola biləcəyini düşündürən mühüm bir məqamı ortaya qoyur (Panozzo, Eagles, 2000).

NƏTİCƏLƏR

1. Apardığımız tədqiqata əsasən bu nəticəyə gəlirik ki, toxumların təmizliyini və cücərmə qabiliyyətini yüksəltmək üçün başlıca tədbir onları təmizləmək və çeşidlərə ayırmaqdır. 1000 dən kütləsi yüksək olan toxumların tərkibində daha çox qidalandırıcı maddə olması və daha güclü endospermə malik olması səbəbiylə birinci ildə daha yaxşı cücərmə qabiliyyətinin olması və ətraf mühitin stress faktorlarına daha dayanıqlı olması ilə müşahidə olunurlar.

2. Toxumun tərkibindəki zülalın miqdarı və keyfiyyəti buğda unun istifadə məqsədini təyin edən önəmli bir faktordur. Tədqiqat zamanı müəyyən olunmuşdur ki, 2,2 mm ələk üzərində qalan nümunələrdə zülalın faizlə nisbəti daha aşağı göstəriciyə malik olmuşdur. Bunun səbəbi dən ölçüsü artdıqca onun tərkibində proteinin miqdarının azalması, nişastanın miqdarının artmasıdır.

3. Buğda toxumlarında üstünlük təşkil edən qlüten zülalları (prolaminlər) onun çörəkçilik keyfiyyətini təyin edir, soya kimi bitkilərdə isə əsas zülal növü depo zülalları olan globulinlərdir.

4. Yüksək zülal miqdarı toxumun cücərmə qabiliyyətini artırsa da, toxumda nişasta miqdarının artması ilə zülalın (proteinin) azalması arasında təbii bir əlaqə mövcuddur. Bu, əsasən, bitkinin məhdud karbon və azot resurslarını enerji (nişasta) və struktur zülalları arasında bölüşdürməsi ilə əlaqədardır. Nəticədə, toxum daha çox enerji ehtiyatı (nişasta) toplayaraq kütləsini artırır, lakin bu, azotun zülal sintezinə yönəldilməsinin məhdudlaşması hesabına baş verir.

5. Buğda toxumlarının ölçüsünə görə çeşidlənməsi onların keyfiyyət göstəricilərinə əhəmiyyətli dərəcədə təsir göstərir. İri toxumlar daha yüksək cücərmə qabiliyyəti, kütlə və zülal miqdarı ilə xarakterizə olunur. Bu nəticələr əkin üçün yüksək keyfiyyətli toxum materialının seçilməsi prosesində çeşidləmə texnologiyalarının tətbiinin elmi əsasını təşkil edir və praktiki kənd təsərrüfatı istehsalında məhsuldarlığın artırılması üçün tövsiyə edilə bilər.

ƏDƏBİYYAT

Həsənova L.Ü. Müxtəlif aqroekoloji şəraitdə becərilən buğda genotiplərində yığımdan sonra saxlanma müddətinin dən və toxum keyfiyyətinə təsiri. *Əkinçilik Elmi-Tədqiqat İnstitutunun Elmi Əsərləri Məcmuəsi*, 2018;XXIX:302. [Hasanova L.U. (2018). Effect of post-harvest storage period on grain and seed quality of wheat genotypes grown in different agro-ecological

- conditions. *Akhinchilik Elmi-Tadqiqat Institutunun Elmi Asarlari Macmuasi =Proceedings of the Research Institute of Crop Husbandry*, 2018;XXIX:302. (in Azerbaijani)]
- İbrahimov A., Qurbanov F.** *Seleksiya və toxumçuluq (laborator-praktikum)*. Bakı, 2012;383. [Ibrahimov A., Gurbanov F. *Selection and seed production (laboratory-practical)*. Baku, 2012;383 . (in Azerbaijani)]
- Гасанова Г.М., Талаи Дж.М., Маммедова С.М., Гасанова Л.У.** Изменение содержания и качества клейковины в зависимости от срока хранения зерна. *Сборник научных трудов*, 2018;XXVIII:233. [Gasanova G.M., Talai J.M., Mammadova S.M., Hasanova L.U. Changes in the content and quality of gluten depending on the grain storage period. *Collection of Scientific Papers*, 2018;XXVIII:233. (in Russian)]
- Annett L.E., Spaner D., Wismer W.V.** Sensory profiles of bread made from paired samples of organic and conventionally grown wheat grain. *Journal of Food Science*, 2007;72(4), 254-260.
- Fuller D., Denham T., Arroyo-Kalin M., Lucas L., Stevens Ch., Qin L., Allaby R., Purugganan M.** Convergent evolution and parallelism in plant domestication revealed by an expanding archaeological record. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*.2014, 111. DOI: 10.1073/pnas.1308937110.
- Pasha I, Anjum F.M., Morris C.F.** Grain Hardness: A Major Determinant of Wheat Quality. *Food Science and Technology International*, 2010;16(6):511-522. DOI: 10.1177/1082013210379691.
- Panozzo J.F., Eagles H.A.** Cultivar and environmental effects on quality characters in wheat. II. Protein. *Australian Journal of Agricultural Research*, 2000;51: 629-636.

STUDY OF QUALITY INDICATORS IN WHEAT GENOTYPES GROUPED BY GRAIN SIZE

Leyla Hasanova*, Aysel Labazanova.

Research Institute of Crop Husbandry, Ministry of Agriculture of the Republic of Azerbaijan

The study aimed to determine the impact of the sorting process on the quality indicators of wheat seeds passed through sieves of different sizes (2.2 mm, 2.5 mm, 2.8 mm). Statistical analyses clearly show that as seed size increases, germination capacity ($F(2,27)=18.78$, $p<0.001$) and protein content ($F(2,27)=6.41$, $p=0.005$) increase at a statistically significant level. The largest seed fraction (2.8 mm) exhibited the highest germination rate (94.29%) and protein content (14.71%). The research results demonstrated that sorting wheat seeds by size fractions has a statistically significant effect on their main quality indicators. Precise sorting conducted using Sortimat-Pfeuffer equipment revealed that large-fraction (2.8 mm) seeds possess higher thousand-kernel weight, higher germination capacity, and optimal protein content. The accumulation of the main seed mass on 2.8 mm and 2.5 mm sieves confirms that larger and healthier seeds are selected. This sorting process ensures uniform germination during sowing, allows for the separation of weak and defective seeds, and optimizes energy and fertilizer consumption. Consequently, plants grown from sorted seeds exhibit more uniform size and quality, which increases their market value. Particularly in the Khazri (superelite) variety, it was observed that the mass of large-fraction seeds was 0.3 grams higher compared to small-fraction seeds, indicating that high-quality seeds have fewer defects. The Games-Howell post-hoc test confirmed a statistically significant difference between the smallest (2.2 mm) and largest (2.8 mm) fractions ($p<0.01$). The results indicate that sorting with Sortimat-Pfeuffer equipment can effectively select high-quality seeds. Selecting the 2.5 mm and 2.8 mm fractions for sowing will ensure higher germination, uniform seedling emergence, and consequently higher productivity. This study empirically confirms the importance of modern sorting technologies in improving seed quality. The research findings can serve as a scientific basis for formulating high-quality seed production strategies, increasing the effectiveness of breeding programs, and strengthening the country's food security.

Keywords: *germination, analysis of variance (ANOVA), seed vigor, protein content*

ИЗУЧЕНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ КАЧЕСТВА У ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ, СГРУППИРОВАННЫХ ПО РАЗМЕРУ ЗЕРНА

Лейла Гасанова*, Айсель Лабазанова

Научно-исследовательский институт земледелия Министерства сельского хозяйства
Азербайджанской Республики

Исследование было направлено на определение влияния процесса сортировки на показатели качества семян пшеницы, пропущенных через сита разных размеров (2.2 мм, 2.5 мм, 2.8 мм). Статистический анализ наглядно показывает, что с увеличением размера семян всхожесть ($F(2,27)=18.78$, $p<0.001$) и содержание белка ($F(2,27)=6.41$, $p=0.005$) статистически значимо возрастают. Самая крупная фракция семян (2.8 мм) имела наивысший процент всхожести (94.29%) и содержание белка (14.71%). Результаты исследования показали, что сортировка семян пшеницы по размерным фракциям оказывает статистически значимое влияние на их основные показатели качества. Точная сортировка, проведенная с использованием оборудования Sortimat-Pfeuffer, выявила, что семена крупной фракции (2.8 мм) обладают более высокой массой 1000 зерен, высокой всхожестью и оптимальным содержанием белка. Накопление основной массы семян на ситах 2.8 мм и 2.5 мм подтверждает, что отбираются более крупные и здоровые семена. Этот процесс сортировки обеспечивает равномерное прорастание при посеве, позволяет отделить слабые и дефектные семена, оптимизирует расход энергии и удобрений. Следовательно, растения, выращенные из отсортированных семян, имеют более однородный размер и качество, что повышает их рыночную стоимость. В частности, у сорта Хазри (суперэлита) было отмечено, что масса семян крупной фракции была на 0.3 грамма выше по сравнению с семенами мелкой фракции, что указывает на меньшее количество дефектов у высококачественных семян. Пост-хок тест Геймса-Хауэлла подтвердил статистически значимую разницу между самой мелкой (2.2 мм) и самой крупной (2.8 мм) фракциями ($p<0.01$). Результаты показывают, что сортировка с помощью оборудования Sortimat-Pfeuffer позволяет эффективно отбирать высококачественные семена. Отбор фракций 2.5 мм и 2.8 мм для посева обеспечит более высокую всхожесть, равномерное появление всходов и, следовательно, более высокую продуктивность. Данное исследование эмпирически подтверждает важность современных технологий сортировки в улучшении качества семян. Результаты исследования могут служить научной основой для формирования стратегий производства высококачественных семян, повышения эффективности селекционных программ и укрепления продовольственной безопасности страны.

Ключевые слова: процент всхожести, дисперсионный анализ (ANOVA), сортировка семян, сила роста семян, содержание белка

Çapa təqdim etmişdir: redaktor Hamlet Bəykişi oğlu Sadiqov, b.e.d., dosent

Redaksiyaya daxil olma tarixi: 24.02.2026

Təkrar işlənməyə göndərilmə tarixi: 25.03.2026

Çapa qəbul edilmə tarixi: 20.04.2026

DÜZƏLİŞLƏR | CORRECTIONS

**Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi
Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri
jurnalında çapa təqdim edilən məqalələrə qoyulan**

TƏLƏBLƏR VƏ TƏRTİBAT QAYDALARI

Azərbaycanın ilk elmi jurnalı olaraq BMT-nin Ərzaq və Kənd Təsərrüfatı Təşkilatının (FAO) Aqrar Elm və Texnologiya üzrə Beynəlxalq Sistemində (AGRIS) 25.03.2022-ci il tarixində indeksləşdirilmiş və xüsusi identifikasiya kodu (ISSN 2223-5817, Online - 2790-7988) almış Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutunun Elmi Əsərləri jurnalında genetik və genomika, bioloji ehtiyatlar və seleksiya, biokimiya və fiziologiya və yaxın elmlərin müxtəlif sahələrinə aid orijinal, fənnlərarası tədqiqatların nəticələrini əks etdirən, əvvəllər dərc edilməyən, tezis istisna olmaqla, digər jurnal və kitaba dərc edilmək üçün təqdim edilmə mərhələsində olmayan yüksək keyfiyyətli məqalələr çap edilir.

Müəlliflərinin mövqeyi redaksiyanın mövqeyi ilə üst-üstə düşməyən və eləcə də seriya məqalələr dərc edilmir.

Jurnalda çap edilmək üçün bu Qaydalara uyğun olaraq *Azərbaycan, ingilis və rus dilində* yazılan məqalələr qəbul edilir.

Elmi tədqiqat xarakterli məqalənin həcmi uyğun olaraq 4-8 səhifədə və icmal xarakterli məqalə isə 8-10 səhifədən çox olmamaqla tərtib olunmalıdır. Azərbaycan dilində təqdim olunan məqalənin sonunda ingilis və rus dillərində, ingilis dilində təqdim olunan məqalənin sonunda Azərbaycan və rus dillərində, rus dilində təqdim olunan məqalənin sonunda isə Azərbaycan və ingilis dillərində eyni məzmunlu xülasələr verilməlidir. Məqalədə açar sözlər və UOT indeksi göstərməlidir (UOT indeksinin dəqiqliyinə redaksiya heyəti məsuliyyət daşımır). Məqalənin başlığı qısa olmalı, məzmunu əks etdirməli və 100 işarədən artıq olmamalıdır.

1. Məqalələrin quruluşu:

1.1. Elmi tədqiqat xarakterli məqalələr bu Qaydalara uyğun olaraq tərtib edilir:

- **GİRİŞ;**
- **MATERIAL VƏ METODLAR;**
- **NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ;**
- **YEKUN** (icmal xarakterli məqalələr üçün məcburi deyil);
- **ƏDƏBİYYAT.**

İcmal xarakterli məqalələrdə başlıqların bölgüsü müəlliflərin ixtiyarına buraxılır.

1.2. **GİRİŞ** bölməsində tədqiqata dair son dövrlərdə görülən işlərin qısa icmalı verilir və tədqiqatın aktuallığı əsaslandırılır;

1.3. **MATERIAL VƏ METODLAR** bölməsində tədqiqatın material(lar)ı, yerinə yetirildiyi metodik üsullar və aparılmasında istifadə olunan cihazların markası (istehsal edildiyi ölkənin adı) göstərilir;

1.4. **NƏTİCƏLƏR VƏ ONLARIN MÜZAKİRƏSİ** bölməsində tədqiqatın gedişi, alınan nəticələr və onların müzakirəsi elmi tədqiqata uyğun olaraq şərh edilməklə verilir. Tədqiqatın nəticələrinin təqdimində cədvəl, diaqram, qrafik, sxem, şəkil, histoqram, kimyəvi və riyazi formullardan istifadə oluna bilər;

1.5. **YEKUN** bölməsində tədqiqatın nəticələri xülasə olaraq verilir;

1.6. **ƏDƏBİYYAT** bölməsindən əvvəl, zərurət yarandığı hallarda tədqiqatın yerinə yetirilməsində fəaliyyəti olan şəxslərə və ya elmi müəssisələrə 2-3 cümlədən çox olmamaqla təşəkkür etmək üçün **MİNNƏTDARLIQ** bölməsinin verilməsi istisna olunmur.

2. Məqalələrin tərtibi qaydaları:

- 2.1. MS Office Word proqramında (versiya 97-2003 və yuxarı) yığılır;
- 2.2. Format A4. Səhifənin kənarları: yuxarıdan - 2,5 sm, aşağıdan - 2,5, soldan - 3 sm, sağdan -1,5 sm;
- 2.3. UOT indeks göstərilməli (hərflərin şrifti - yağlı, sola düzlənmiş, ölçü- 12);
- 2.4. məqalənin adı (hərflərin şrifti - yağlı və böyük hərflərlə, sola düzlənmiş ,ölçü- 14);
- 2.5. müəllif(lər)in adı və soyadı böyük hərflərlə, əsas müəllifin adı isə ulduzla işarələnəli (şrifti - yağlı, sola düzlənmiş, ölçü-11);
- 2.6. müəllif(lər)in tədqiqat apardığı və ya fəaliyyət göstərdiyi elmi müəssisənin tam adı, ünvanı və əsas müəllifin elektron poçt ünvanı (şrift - adi kursiv, sola düzlənmiş, ölçüsü- 11, "E-mail" və ya "E-poçt "sözləri yazılmamaqla);
- 2.7. məqalənin annotasiyası məqalənin yazıldığı dildə - 250 sözdən az olmamaqla (şrift - yağlı, adi, kənarlara düzlənmiş, ölçü- 11);
- 2.8. açar sözlər (sayı 7-dən çox olmamaqla) annotasiyadan sonra verilir (şrift - yağlı kursiv, ölçü-11);
- 2.9. məqalənin əsas mətni: şrift - Times New Roman, adi, kənarlara düzlənmiş, ölçüsü- 12, interval- 1, əsas mətnin abzas ölçüsü - 0,75 sm (girinti daxilə);
- 2.10. bölmələrin başlıqları: şrift – yağlı, böyük hərflərlə, ölçü-12;
- 2.11. məqalənin sonunda ("ƏDƏBİYYAT" başlığından sonra) məqalənin yazıldığı dildən başqa iki dildə də (Azərbaycan dilində yazılan məqalələr üçün rus və ingilis dillərində, rus dilində yazılan məqalələr üçün Azərbaycan və ingilis dillərində, ingilis dilində yazılan məqalələr üçün isə Azərbaycan və rus dillərində 250 sözdən ibarət) xülasə (annotasiya) və açar sözlər verilir ("XÜLASƏ", "SUMMARY" və ya "PE3IOME" başlıqları yazılmır);
- 2.12. məqalənin adı ortada yazılır, şrift - yağlı, böyük hərflərlə, ölçü-11);
- 2.13. müəlliflərin adı və soyadı ortada yazılır, : şrift – yağlı , ölçü-11);
- 2.14. işin yerinə yetirildiyi və ya müəllif(lər)in fəaliyyət -göstərdiyi elmi müəssisənin adı (şrift - kursiv, ortada, ölçü-11);
- 2.15. xülasənin mətni : şrift – adi, ölçü-11;
- 2.16. açar sözlər (şrift –yağlı , ölçü- 11).

3. İllüstrativ materiallar, formul və cədvəllər

- 3.1. Cədvəllərin eni 17,0 sm-dən çox olmamalı, mətnə cədvəllərə verilən istinadlar: (Cədvəl 1), (Cədvəl 2), yaxud (Cədvəl 1, 2) və s., Cədvəlin adı cədvəlin başında yazılır. Cədvəl 1 (şrift - yağlı, ölçü-11). Cədvəlin adı (şrift - adi, ölçü-11). Göstəricinin adı (şrift - yağlı, ölçü-11; rəqəmlər (şrift - adi, ölçü- 11);
- 3.2. Şəkillərə, sxemlərə, qrafiklərə mətnə istinad Şəkil sözü altında birləşdirilir((Şəkil 1), (Şəkil 2) və ya (Şəkil 1, 2) və s. Şəkillərin eni isə 17,0 sm-dən çox olmamalıdır. Şəkil 1 (şrift - yağlı), şəkilin adı şəkilin altında yazılır;
- 3.3. Şəkilin adı (şrift - yağlı, ölçü-11). Şəkilaltı izahat (şrift - adi), absis, ordinat oxlarının adları, şərti işarələri və digər legendlər (şrift - yağlı), absis və ordinat oxlarının göstəriciləri və ya rəqəmləri (şrift - adi) verilir;
- 3.4. Qrafiklər uyğun qrafik proqramlarla ("MS Excel", "Siqma Plot", "Origin" və s.) tərtib olunur;
- 3.5. Kimyəvi formullar müvafiq proqramlar – "SymyxDraw", "ChemDraw", "ChemOffice" və s., riyazi formullar isə "MS Equation", "MathType" və s. formul redaktorlarından istifadə edilməklə yığılır. Riyazi formulların sayı 1-dən artıq olduqda onlar nömrələnərək, kimyəvi formulların isə altında və ya yanında adı yazılmaqla mənsubluğu bildirilir;

3.6. Şəkillər müvafiq fotoredaktorlarla işlənərək mətndə yerləşdirilməlidir. Ayrıca təqdim olunan şəkillər “jpeg”, “tiff”, “bmp”, “pdf” və s. kimi formatlarda keyfiyyəti 300 point/düym-dən az olmamalı.

4. **Ədəbiyyatlara istinad və ədəbiyyat siyahısının tərtibi**

- 4.1. Ədəbiyyat siyahısında abzas ölçüsü - 0,25 sm (girinti xaricə);
- 4.2. Məqalədə əsasən son 5-10 ilin elmi məqalələrinə, monoqrafiyalara və digər etibarlı mənbələrə üstünlük verilir;
- 4.3. Ədəbiyyatlara istinad edilmə mətndə dairəvi mötərizədə (mənbə nişanı, yaxud müəllifin adı) göstərilməklə verilir. İstinad ilk müəllifin soyadını, məqalənin (mənbənin) nəşr olunduğu ili özündə ehtiva edir;
- 4.4. Özünə istinad 2-dən çox olmamalıdır;
- 4.5. Ədəbiyyat siyahısında mənbələr əlifba sırasıyla, əvvəl Azərbaycan, sonra rus (slavyan), daha sonra ingilis dili də daxil olmaqla latın əlifbalı digər xarici dillərdə olanlar da düzülür;
- 4.6. Ədəbiyyatlar mənbənin çap olunduğu orijinal dildə və ardınca transliterasiyası verilir;

Məs.: **Məqaləyə istinad**

Əliyev D.R. NaCl duzunun müxtəlif qatılıqlarının buğda (*T.durum* Desf.) genotiplərinin bəzi morfoloji göstəricilərinə, malondialdehidin miqdarında və kataloza fermentinin fəallığına təsiri. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri)*. 2015;70 (3):12-18. [Aliyev D.R. The influence of NaCl salt concentration on some morphological indicators, malondialdehyde quantity and activity of catalase enzyme. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri) = Proceedings of ANAS (Biological and Medicinal Sciences)*. 2015;70 (3):12-18 (in Azerbaijani)]

Хютти А.В., Антонова О.Ю., Мироненко Н.В., Гавриленко Т.А., Афанасенко О.С. Устойчивость картофеля к карантинным болезням. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(1): 51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. [Khiutti A.V., Antonova O.Yu., Mironenko N.V., Gavrilenko T.A., Afanasenko O.S. Potato resistance to quarantine diseases. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(1):51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. (in Russian)]

Berry H.M., Rickett D.V., Baxter C.J., Enfissi E.M.A., Fraser P.D. Carotenoid biosynthesis and sequestration in red chilli pepper fruit and its impact on colour intensity traits. *J. Exp. Bot.* 2019;70(10):2637- 2650. DOI 10.1093/jxb/erz086.

Konfrans materialına istinad

Əsgərov A. Qarabağın florası, bitki örtüyü və bitki ehtiyatlarının tədqiqinin əsas istiqamətləri. “Qarabağın biomüxtəlifliyi, torpaq və su ehtiyatları: keçmişi, bugünü və gələcəyi” mövzusunda onlayn konfransın materialları, 20-21 may 2021-ci il. Bakı, 2021;39. [Asgerov A. The main directions for the study of flora, plant cover and plant genetic resources of Garabagh. In: Proceedings of online conf. “The biodiversity, land and water resources of Garabagh: past, current and future prospects”, 20-21 May 2021. Baku, Azerbaijan, 2021;39. (in Azerbaijani)]

Курина А.Б., Артемьева А.М. Признаковая коллекция *Raphanus sativus* L. ВИР. В: Сб. тезисов междунар. конф. «125 лет прикладной ботаники в России», 25–28 нояб. 2019 г. СПб., 2019;155. DOI 10.30901/978-5-907145-39-9. [Kurina A.B.,Artemyeva A.M. Trait-specific collection of *Raphanus sativus* L. at VIR. In: Book of abstracts of Int. conf. “125 Years of Applied Botany in Russia”, 25–28 Nov. 2019. St. Petersburg, Russia, 2019;155. DOI 10.30901/978-5- 907145-39-9. (in Russian)]

Ronin Y., Minkov D., Mester D., Akhunov E., Korol A. Building ultradense genetic maps in the presence of genotyping errors and missing data. In: *Advances in Wheat Genetics: from Genome to Field: Proc. of the 12th Int. Wheat Genetics Symposium*. Springer Nature, 2015;127-133. DOI 10.1007/978-4-431-55675-6.

Kitaba istinad

Musayev Ə.C., Hüseynov H.S., Məmmədov Z.A. Dənli-taxıl bitkilərinin seleksiyası sahəsində tədqiqat işlərinə dair tarla təcrübələrinin metodikası. Bakı :”Müəllim nəşriyatı”, 2008. [Musayev A.J., Huseynov H.S., Mammadov Z.A. Methods for field experiments related with research works on breeding of cereal plants. Baku, 2008. (in Azerbaijani)]

Вавилов Н.И. Иммунитет растений к инфекционным заболеваниям. М., 1919. [Vavilov N.I. Plant Immunity to Infectious Diseases. Moscow, 1919. (in Russian)]

Kühn U. Chenopodiaceae. In: Kubitzki K., Rohwer J.G., Bittrich V. (Eds.). The Families and Genera of Vascular Plants. II. Flowering Plants: Dicotyledons, Magnoliid, Hamamelid and Caryophyllid families. Berlin; Heidelberg; New York: Springer, 1993;253-280.

4.7. Ədəbiyyat mənbələrinin verilmə ardıcılığı: məqalənin müəllifləri (şrift-yağlı), mötərizədə məqalənin çıxdığı il, məqalənin adı, dərc olunduğu dərgi, dərginin cildi, nömrəsi və səhifələr (şrift- adi).

5. Çap üçün məqalələr müəlliflər tərəfindən genresjournal@gmail.com elektron poçtuna, www.genresjournal.az saytında "Electronic submission for GRI" başlığı altında göndərilir.
6. Məqalələr anonim rəyçilərin müsbət rəylərindən irəli gələn redaksiya heyətinin qərarı ilə çapa göndərilir.
7. Redaksiyanın ünvanı: **Azərbaycan Respublikası Elm və Təhsil Nazirliyi Genetik Ehtiyatlar İnstitutu**, Azərbaycan, Bakı, AZ 1106, Azadlıq pr., 155
8. E-mail:genresjournal@gmail.com Tel.: (+99412) 562-99-28

QEYD: Jurnal ildə iki dəfə nəşr edilir. Bu Qaydalara uyğun tərtib olunmayan məqalələr çap edilmir.

ТРЕБОВАНИЯ И ПРАВИЛА

оформления статей, представленных к публикации в журнале Труды Института генетических ресурсов Министерства науки и образования Азербайджанской Республики

Труды Института генетических ресурсов первый научный журнал Азербайджана, проиндексированный Продовольственной и сельскохозяйственной организацией ООН (ФАО) и Международной информационной системой сельскохозяйственных наук и технологий (AGRIS) в 25.03.2022, имеющий специальный идентификационный код (ISSN 2223-5817, Online - 2790- 7988), принимает качественные, отражающие результаты оригинальных, междисциплинарных исследований, ранее не опубликованных (за исключением тезисов) и не представленных для публикации в другие журналы и книги статьи по генетике и геномике, биологическим ресурсам и селекции, биохимии и физиологии, а также по различным областям смежных наук. Статьи, представленные для публикации в журнале Труды Института, должны соответствовать «требованиям и правилам оформления статей».

Серийные статьи не публикуются. Позиции авторов и редакции должны совпадать.

Принимаются статьи, написанные на одном из трех языков: *азербайджанский, русский и английский*. Объем исследовательских статей должен составлять 4-8 страниц соответственно, а обзорные статьи не должны превышать 8-10 страниц. В конце статей, представленных на азербайджанском языке, должны содержаться аннотации на английском и русском языках, соответствующих содержанию, в конце статей, представленных на английском языке - на азербайджанском и русском языках, а в конце статей, представленных на русском языке - на азербайджанском и английском языках. Ключевые слова и индекс УДК должны быть указаны в статье (редакция не несет ответственности за достоверность индекса УДК). Название статьи должно быть кратким, отражать содержание и не превышать 100 символов.

1. Структура статей:

1.1. Статьи исследовательского характера должны включать следующие разделы:

- **ВВЕДЕНИЕ**
- **МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ**
- **РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ**
- **ЗАКЛЮЧЕНИЕ (необязательно для статей обзорного характера);**
- **СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ**

В особых случаях также принимается *раздел БЛАГОДАРНОСТЬ* (не более 2-3 предложений) размещенный до **СПИСКА ЛИТЕРАТУРЫ**, с выражением благодарности лицам или научным организациям, имеющим отношение к выполнению работы.

В обзорных статьях разделение заголовков оставлено на усмотрение автора.

1.2 В разделе **ВВЕДЕНИЕ** приводится краткий обзор исследований в данной области за последние годы и обосновывается актуальность проведенного исследования;

1.3 В разделе **МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ** должны быть ясно описаны используемые в качестве объектов исследования материалы и методы проводимых исследований. Для используемой аппаратуры и оборудования должны быть указаны марка и страна производителя;

1.4 В разделе **РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ** должны быть отражены ход проведения исследования, полученные результаты и их обсуждение. При оформлении

результатов

можно использовать таблицы, графики, схемы, фотографии, химические и математические формулы.

1.5 В разделе **ЗАКЛЮЧЕНИЕ** приводится обобщение результатов исследования.

1.6 Перед разделом **ЛИТЕРАТУРА** при необходимости допускается добавление раздела **БЛАГОДАРНОСТИ** для благодарности лицам или научным учреждениям, участвовавшим в исследованиях, не более чем в 2-3 предложениях.

2. Правила оформления статей:

2.1 Статьи представляются в формате MS Office Word (версии 97-2003 и выше);

2.2. Формат А4. Поля страницы: верхнее - 2,5 см, нижнее - 2,5, левое - 3 см, правое - 1,5 см;

2.3 Указывать индексы УДК (шрифт - жирный, с выравниванием по левому краю. Размер: 12)

2.4 Название статьи (шрифт - жирный, заглавными буквами, выравнивание - по левому краю. Размер: 14);

2.5 Имя и фамилия автора (авторов) заглавными буквами, должны быть указаны учёная степень и научное звание, основной автор указывается звездочкой (шрифт - полужирный, выравнивание по левому краю. Размер: 11);

2.6 Полное название и адрес научного учреждения, в котором работает(ю)т или веде(у)т свою научную деятельность автор(ы), а также адрес электронной почты основного автора (шрифт-обычный курсив, выравнивание по левому краю. Размер:11). (Слова e-mail или «электронная почта» не прописываются);

2.7 Аннотация статьи - на языке оформления статьи - не более 250 слов (шрифт - жирный, простой, выровненный. Размер: 11);

2.8 Ключевые слова (не более 7-и слов) - ставятся после аннотации (шрифт - жирный курсив. Размер: 11);

2.9 Основной текст статьи: шрифт - Times New Roman, обычный, выравнивание - по ширине. Размер шрифта: 12. Интервал: 1. Размер абзаца основного текста - 0,75 см (отступ внутри);

2.10 Заглавие разделов: шрифт - жирный, заглавными буквами. Размер: 12.

2.11 В конце статьи (после ЛИТЕРАТУРЫ) приводится аннотация (250 слов) и ключевые слова (заголовки АННОТАЦИЯ, SUMMARY или РЕЗЮМЕ не прописываются) на двух языках, отличных от языка статьи (для статей на азербайджанском языке на русском и английском языках, для статей на русском языке на азербайджанском и английском языках и для статей на английском на азербайджанском и русском языках).

2.12. Название Статьи (Шрифт - Жирный Заглавный, Выравнивание - по центру, Размер: 11).

2.13. Инициалы и фамилии авторов (Шрифт - жирный, выравнивание - по середине, размер: 11).

2.14. Название и адрес научного учреждения, где выполнена работа или работают авторы статьи, выравнивание - по середине. Шрифт- обычный. Размер шрифта: 11.

2.15. Текст аннотации (Шрифт - обычный, размер: 11);

2.16. Ключевые слова (Шрифт - обычный, размер: 11).

3. Иллюстративные материалы, формулы и таблицы:

3.1. Ширина таблиц не должна превышать 17,0 см, ссылки на таблицы в тексте должны быть следующими: (Таблица 1), (Таблица 2) или (Таблица 1, 2) и так далее. Название таблицы пишется в начале таблицы. Таблица 1 (шрифт - жирный. Размер: 11). Название таблицы (Шрифт - обычный. Размер: 11). Название индикатора (Шрифт - жирный, Размер: 11), значения (Шрифт - обычный. Размер: 11).

3.2. В статье фотографии, графики и схемы объединяются под единым названием -

рисунок. Ссылка на рисунки в тексте приводится следующим образом: (Рис. 1), (Рис. 2.) либо (Рис. 1, 2) и т.д. Ширина рисунков 17,0 см. Рис. 1 (Шрифт - жирный), название рисунка пишется под ним.

3.3. Название рисунка (Шрифт - жирный, размер 11). Подрисуночный текст (шрифт - обычный); Название осей абсциссы, ординаты, условные знаки и легенды (шрифт - жирный), значения или номера (шрифт - обычный) приводятся.

3.4. Графики должны быть составлены соответствующими программами (MS Excel, SigmaPlot, Origin и т.д.).

3.5. Химические формулы набираются с использованием соответствующих редакторов химических формул - SymyxDraw, ChemDraw, ChemOffice и т.д., математические формулы - MS Equation, MathType и др. редакторов математических формул. В случае представления более одной математической формулы, проводится последовательная нумерация. Название или разъяснение приводится либо рядом, либо под формулой.

3.6. Фотографии должны быть обработаны соответствующими фоторедакторами. Фотографии могут быть отдельно представлены в формате jpeg, tiff, bmp, pdf и др. в качестве не менее 300 точек/дюйм.

4. Литературные ссылки и составление списка литературы:

4.1. Размер абзаца списка литературы - 0,25 см (отступ снаружи);

4.2. В статье следует отдавать предпочтение научным статьям, монографиям и другим достоверным источникам последних 5-10 лет;

4.3. Литературные ссылки в тексте даются в круглых скобках. Ссылка представляется в виде фамилии первого автора и года издания литературного источника;

4.4. Не более 2 ссылок на свои труды

4.5. В списке литературы источники приводятся по алфавитному порядку. Сначала на азербайджанском, затем на русском (славянском), и в конце на других иностранных языках с латинским алфавитом, включая английский;

4.6. Литература должна быть представлена на оригинальном языке опубликования источника, с последующей транслитерацией.

Ссылка на статью

Əliyev D.R. NaCl duzunun müxtəlif qatılıqlarının buğda (*T.durum* Desf.) genotiplərinin bəzi morfoloji göstəricilərinə, malondialdehidin miqdarında və kataloza fermentinin fəallığına təsiri. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri)*. 2015;70 (3):12-18. [Aliyev D.R. The influence of NaCl salt concentration on some morphological indicators, malondialdehyde quantity and activity of catalase enzyme. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri) = Proceedings of ANAS (Biological and Medicinal Sciences)*. 2015;70 (3):12-18 (in Azerbaijani)]

Хютти А.В., Антонова О.Ю., Мироненко Н.В., Гавриленко Т.А., Афанасенко О.С. Устойчивость картофеля к карантинным болезням. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(1): 51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. [Khiutti A.V., Antonova O.Yu., Mironenko N.V.,

Gavrilenko T.A., Afanasenko O.S. Potato resistance to quarantine diseases. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(1):51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. (in Russian)]

Berry H.M., Rickett D.V., Baxter C.J., Enfissi E.M.A., Fraser P.D. Carotenoid biosynthesis and sequestration in red chilli pepper fruit and its impact on colour intensity traits. *J. Exp. Bot.* 2019;70(10):2637- 2650. DOI 10.1093/jxb/erz086.

Ссылка на материал конференции

Əsgərov A. Qarabağın florası, bitki örtüyü və bitki ehtiyatlarının tədqiqinin əsas istiqamətləri.

“Qarabağın biomüxtəlifliyi, torpaq və su ehtiyatları: keçmiş, bugünü və gələcəyi” mövzusunda onlayn konfransın materialları, 20-21 may 2021-ci il. Bakı, 2021;39. [Asgerov A. The main directions for the study of flora, plant cover and plant genetic resources of Garabagh. In: Proceedings of online conf. “The biodiversity, land and water resources of Garabagh: past, current and future prospects”, 20-21 May 2021. Baku, Azerbaijan, 2021;39. (in Azerbaijani)]

Курина А.Б., Артемьева А.М. Признаковая коллекция *Raphanus sativus* L. ВИР. В: Сб. тезисов междунар. конф. «125 лет прикладной ботаники в России», 25–28 нояб. 2019 г. СПб., 2019;155. DOI 10.30901/978-5-907145-39-9. [Kurina A.B., Artemyeva A.M. Trait-specific collection of *Raphanus sativus* L. at VIR. In: Book of abstracts of Int. conf. “125 Years of Applied Botany in Russia”, 25–28 Nov. 2019. St. Petersburg, Russia, 2019;155. DOI 10.30901/978-5-907145-39-9. (in Russian)]

Ronin Y., Minkov D., Mester D., Akhunov E., Korol A. Building ultradense genetic maps in the presence of genotyping errors and missing data. In: Advances in Wheat Genetics: from Genome to Field: Proc. of the 12th Int. Wheat Genetics Symposium. Springer Nature, 2015;127-133. DOI 10.1007/978-4-431-55675-6.

Ссылка на книгу

Musayev Ə.C., Hüseynov H.S., Məmmədov Z.A. Dənli-taxıl bitkilərinin seleksiyası sahəsində tədqiqat işlərinə dair tarla təcrübələrinin metodikası. Bakı :”Müəllim nəşriyatı”, 2008. [Musayev A.J., Huseynov H.S., Mammadov Z.A. Methods for field experiments related with research works on breeding of cereal plants. Baku, 2008. (in Azerbaijani)]

Вавилов Н.И. Иммуитет растений к инфекционным заболеваниям. М., 1919. [Vavilov N.I. Plant Immunity to Infectious Diseases. Moscow, 1919. (in Russian)]

Kühn U. Chenopodiaceae. In: Kubitzki K., Rohwer J.G., Bittrich V. (Eds.). The Families and Genera of Vascular Plants. II. Flowering Plants: Dicotyledons, Magnoliid, Hamamelid and Caryophyllid families. Berlin; Heidelberg; New York: Springer, 1993;253-280.

4.7. Порядок последовательности литературных источников: авторы статьи (шрифт - жирный), год издания в круглой скобке (шрифт - обычный), название статьи, название периодического издания - журнал, сборник, том, номер издания (журнала, сборника, книги), номер или количество страниц (шрифт - обычный).

5. Статьи должны быть отправлены по электронной почте по адресу **genresjournal@gmail.com**, сайт - **www.genresjournal.az** под заголовком “Electronic submission for GRI”.

6. Статьи будут отправлены в печать по решению редакционной коллегии на основании положительных отзывов анонимных рецензентов.

7. Адрес редакции: **Институт генетических ресурсов Министерства науки и образования Азербайджанской Республики**, Азербайджан, Баку, AZ1106, пр. Азадлыг, 155

8. Электронная почта: **genresjournal@gmail.com**; Тел.: (+99412) 562-99-28

ПРИМЕЧАНИЕ: журнал выходит два раза в год. Статьи, составленные не в соответствии с требованиями журнала, не публикуются.

REQUIREMENTS AND GUIDELINES

for manuscripts submitted to publish in the journal Proceedings of the Genetic Resources Institute Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan

The Proceedings of the Genetic Resources Institute Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan is the first scientific journal of Azerbaijan, indexed in the International System of Agricultural Sciences and Technologies (AGRIS) of the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) on March 25, 2022, having a special identification code (ISSN 2223-5817, Online - 2790-7988) and publishes the results of original, interdisciplinary researches previously unpublished except for the thesis, other high-quality articles that are not at the submission stage for publication in journals and books on genetics and genomics, biological resources and breeding, biochemistry and physiology, as well as in various fields of related sciences.

Serial articles are not published. The positions of the authors and the editorial board must coincide.

The article may be published in one of three languages: *Azerbaijani, Russian or English*.

The volume of a manuscript should not exceed 4-8 pages, respectively, and review articles should not exceed 8-10 pages.

At the end of the article presented in the Azerbaijani language, an abstract with the same content should be given in English and Russian, the end of the article presented in the English language in Azerbaijani and Russian languages, and at the end of the article presented in the Russian language in Azerbaijani and English languages. Keywords and the UDC index should be indicated in the article (the editorial board is not responsible for the accuracy of the UDC index). The title of the article should be short, reflect the content and not exceed 100 characters.

1. Structure of manuscripts:

1.1. Research articles should include the following sections:

- **INTRODUCTION**
- **MATERIALS AND METHODS**
- **RESULTS AND DISCUSSION**
- **CONCLUSION** (optional for review articles)
- **REFERENCES**

In special cases, the **ACKNOWLEDGMENTS** section is also accepted (no more than 2-3 sentences) and placed before the **REFERENCES**, with the expression of gratitude to persons or scientific organizations related to the work.

In review articles, the division of sections is left to the discretion of the author.

1.2. The **INTRODUCTION** section provides a brief overview of research in this area in recent years and justifies the relevance of the study;

1.3. The **MATERIALS AND METHODS** section, clearly describes the materials, used methods and implementation of research, the used equipment and facilities with the brand and country of the manufacturer.

1.4. The section **RESULTS AND DISCUSSION** should reflect the progress of the study, the obtained results and their discussion. For manipulating data, tables, graphs, diagrams, photographs, and chemical and mathematical formulas can be used.

1.5. The **CONCLUSION** section summarizes the results of the study.

1.6. In special cases, the **ACKNOWLEDGMENTS** section (no more than 2-3 sentences) placed before the **REFERENCES** section, expressing gratitude to individuals or scientific organizations related to the work, is also accepted.

2. Guidelines for the preparation of manuscripts:

- 2.1. Manuscripts should be submitted in MS Office Word format (versions 97- 2003 and higher);
- 2.2. A4 format. Page margins: top - 2.5 cm, bottom - 2.5, left - 3 cm, right - 1.5 cm.
- 2.3. Indicate UDC indices (font - bold, left aligned. Size: 12);
- 2.4. Title of the manuscript (font - bold, in capital letters, alignment - to the left. Size: 14);
- 2.5. The name and surname of the author(s) in capital letters, academic degree and scientific title should be indicated, and the name of the corresponding author required to be marked by an asterisk (font - bold, left alignment. Size: 11);
- 2.6. Full name and address of the scientific institution in which the author(s) work, as well as the e- mail address of the corresponding author (font - regular italics, left justification. Size: 11). (The word e-mail or "electronic mail" is not recorded);
- 2.7. The abstract of the manuscript should be in the language of the manuscript - no more than 250 words (font - bold, simple, aligned. Size: 11);
- 2.8. Keywords (no more than 7 words) - placed after the abstract (font - bold italic. Size: 11);
- 2.9. The main text of the manuscript: font - Times New Roman, normal, alignment - in width. Font size: 12. Spacing: 1. The size of a paragraph of the main text - 0.75 cm (indent inside);
- 2.10. Heading of sections: font - bold, in capital letters. Size: 12.
- 2.11. At the end of the manuscript (after the REFERENCES), an abstract (250 words) and keywords (titles with the words ABSTRACT or SUMMARY should not be written) in two languages different from the language of the manuscript should be provided (in Russian and English for manuscripts in Azerbaijani, in Azerbaijani and English for manuscripts in Russian and in Azerbaijani and Russian for articles in English).
- 2.12. The Title of the manuscript (Font - Bold Capital, Alignment - Center, Size: 11).
- 2.13. Initials and surnames of the authors (Font - bold, alignment - in the middle, size: 11).
- 2.14. The name and address of the scientific institution where the work was done or the authors of the article are working, alignment - in the middle. The font is normal. Font size: 11.
- 2.15. Abstract text (Font - regular, size: 11);
- 2.16. Keywords (Font - regular, size: 11).

3. Illustrative materials, formulas and tables:

- 3.1 The width of tables should not exceed 17.0 cm, references to tables in the text should be as follows: (Table 1), (Table 2) or (Table 1, 2) and so on. The table title should be placed at the top of the table. The word Table 1. (font - bold. Size: 11). The table title (Font - regular. Size: 11). Indicator name (Font - bold, Size: 11), values (Font - regular. Size: 11).
- 3.2 In the manuscript the images, graphs and diagrams are combined under a single name - figures. References to figures in the text should be given as follows: (Fig. 1), (Fig. 2.) or (Fig. 1, 2), etc. The width of the figures is 17.0 cm. 1 (Font - bold), and the title of the figure is written below it.
- 3.3 The title of the figure (Font - bold, size 11). Figure description text (font - normal); The names of the abscissa, ordinate and legend axes (font - bold), values (font - normal) should be given.
- 3.4 Graphs should be drawn up by appropriate programs (MS Excel, SigmaPlot, Origin, etc.).
- 3.5 Chemical formulas are typed using the appropriate editors of chemical formulas - SymyxDraw, ChemDraw, ChemOffice, etc., mathematical formulas - MS Equation, MathType and other editors of mathematical formulas. Sequential numbering is carried out if more than one mathematical formula is presented. The name or explanation is given either

beside or below the formula.

3.6 Images should be processed by appropriate photo editors. Images should be submitted separately in jpeg, tiff, bmp, pdf, etc. format at least with a resolution of 300 dpi.

4. Guidelines for the preparation of references:

4.1. The size of a paragraph of the list of references - 0.25 cm (indentation outside);

4.2. In the article, preference should be given to manuscripts, monographs and other reliable sources of the last 5-10 years;

4.3. Literature references in the text of the manuscript should be given in parentheses. The link is presented in the form of the first author's surname and the publication year of the literature source;

4.4. The literature sources should be listed in alphabetical order. For the first in Azerbaijani, then in Russian (Slavic), and finally in other languages with the Latin alphabet, including English.

4.5. Literature source should be listed in the original language of its publication and then indicated in transliteration;

4.6. The used reference sources are presented in the following order: the authors of the article (font - bold), year of publication in parentheses (font - normal), the title of the article, name of the periodical - journal, collection, volume, edition number (journal, collection, and book), number of the pages (font - normal).

Citing a journal article

Əliyev D.R. NaCl duzunun müxtəlif qatılıqlarının buğda (*T.durum* Desf.) genotiplərinin bəzi morfoloji göstəricilərinə, malondialdehidin miqdarında və kataloza fermentinin fəallığına təsiri. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri)*. 2015;70 (3):12-18. [Aliyev D.R. The influence of NaCl salt concentration on some morphological indicators, malondialdehyde quantity and activity of catalase enzyme. *AMEA-nın Xəbərləri (Biologiya və Tibb elmləri) = Proceedings of ANAS (Biological and Medicinal Sciences)*. 2015;70 (3):12-18 (in Azerbaijani)]

Хютти А.В., Антонова О.Ю., Мироненко Н.В., Гавриленко Т.А., Афанасенко О.С. Устойчивость картофеля к карантинным болезням. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(1): 51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. [Khiutti A.V., Antonova O.Yu., Mironenko N.V.,

Gavrilenko T.A., Afanasenko O.S. Potato resistance to quarantine diseases. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(1):51-61. DOI 10.18699/VJ17.223. (in Russian)]

Berry H.M., Rickett D.V., Baxter C.J., Enfissi E.M.A., Fraser P.D. Carotenoid biosynthesis and sequestration in red chilli pepper fruit and its impact on colour intensity traits. *J. Exp. Bot.* 2019;70(10):2637- 2650. DOI 10.1093/jxb/erz086.

Reference to the conference proceedings

Əsgərov A. Qarabağın florası, bitki örtüyü və bitki ehtiyatlarının tədqiqinin əsas istiqamətləri. "Qarabağın biomüxtəlifliyi, torpaq və su ehtiyatları: keçmişi, bugünü və gələcəyi" mövzusunda onlayn konfransın materialları, 20-21 may 2021-ci il. Bakı, 2021;39. [Asgerov A. The main directions for the study of flora, plant cover and plant genetic resources of Garabagh. In: Proceedings of online conf. "The biodiversity, land and water resources of Garabagh: past, current and future prospects", 20-21 May 2021. Baku, Azerbaijan, 2021;39. (in Azerbaijani)]

Курина А.Б., Артемьева А.М. Признаковая коллекция *Raphanus sativus* L. ВИР. В: Сб. тезисов междунар. конф. «125 лет прикладной ботаники в России», 25–28 нояб. 2019 г. СПб., 2019;155. DOI 10.30901/978-5-907145-39-9. [Kurina A.B., Artemyeva A.M. Trait-specific collection of *Raphanus sativus* L. at VIR. In: Book of abstracts of Int. conf. "125 Years of Applied Botany in Russia", 25–28 Nov. 2019. St. Petersburg, Russia,

2019;155. DOI 10.30901/978-5-907145-39-9. (in Russian)]

Ronin Y., Minkov D., Mester D., Akhunov E., Korol A. Building ultradense genetic maps in the presence of genotyping errors and missing data. In: *Advances in Wheat Genetics: from Genome to Field: Proc. of the 12th Int. Wheat Genetics Symposium*. Springer Nature, 2015;127-133. DOI 10.1007/978-4-431-55675-6.

Reference to the book

Musayev Ə.C., Hüseynov H.S., Məmmədov Z.A. Dənli-taxıl bitkilərinin seleksiyası sahəsində tədqiqat işlərinə dair tarla təcrübələrinin metodikası. Bakı :”Müəllim nəşriyatı”, 2008. [Musayev A.J., Huseynov H.S., Mammadov Z.A. Methods for field experiments related with research works on breeding of cereal plants. Baku, 2008. (in Azerbaijani)]

Вавилов Н.И. Иммуниет растений к инфекционным заболеваниям. М., 1919. [Vavilov N.I. Plant Immunity to Infectious Diseases. Moscow, 1919. (in Russian)]

Kühn U. Chenopodiaceae. In: Kubitzki K., Rohwer J.G., Bittrich V. (Eds.). *The Families and Genera of Vascular Plants. II. Flowering Plants: Dicotyledons, Magnoliid, Hamamelid and Caryophyllid families*. Berlin; Heidelberg; New York: Springer, 1993;253-280.

5. Manuscripts should be sent by e-mail to genresjournal@gmail.com under the heading “Electronic submission for GRI” available at www.genresjournal.az.
6. Manuscripts will be sent to the print by the decision of the editorial board based on positive feedback from anonymous reviewers.
7. Editorial office address: 155, Azadlig ave., AZ1106, Baku, Azerbaijan, **Genetic Resources Institute Ministry of Science and Education of the Republic of Azerbaijan**
8. E-mail: genresjournal@gmail.com; Tel.: (+99412) 562-99-28

NOTE: The Journal is published twice a year. Manuscripts not compiled in accordance with the requirements of the journal will not be accepted for publication.

Nəşriyyatın direktoru: Ş.M.Şəfizadə

“Müəllim” nəşriyyatında çap olunmuşdur.
E-mail: muallim.mmc@gmail.com

Çapa imzalanmışdır 2026 Sifariş 88.
Kağız formatı 60×84^{1/8}. 24,5 ç.v. Sayı 100.