

**İKİQAT HAPLOİD YUMŞAQ BUĞDALARDA QLIADİN EHTİYAT
ZÜLALLARININ GENETİK DƏYİŞKƏNLİKLƏRİNİN A-PAGE
ÜSULU İLƏ ÖYRƏNİLMƏSİ VƏ ONLARIN MORFOLOJİ
ƏLAMƏTLƏRLƏ ƏLAQƏSİ**

C.M.OCAQI*, E.M.AXUNDOVA*, H.B.SADIQOV, S.B.SADIQOVA**,
Ə.Y.KƏRİMOV**, S.C.SALAYEVA****

***Bakı Dövlət Universiteti, **Genetik Ehtiyatlar İnstitutu
javid_804@yahoo.com**

Tədqiqatın məqsədi CYMMİT-dən (Meksika) alınmış 102 ikiqat haploid yumşaq buğda xətti üzərində A-PAGE üsulu əsasında genetik müxtəlifliyin öyrənilməsidir. Bütün xətlər üzrə 48 spektr və 47 pattern aşkar olunmuşdur ki, onların əksəriyyətində polimorfizm müşahidə edilmişdir. ω - zonasında 18 spektr və 19 pattern aşkar edilmişdir. Bu, həmin zonada digər zonalara nisbətən daha çox spektrin olduğunu göstərir. γ - və β - zonalarda, uyğun olaraq, 12 və 9 spektr, həmçinin 19 və 12 pattern qeydə alınmışdır. α - zonasında spektrlərin birtərəfli elektroforezda (one dimension) yaxşı ayrılma bilməməsi səbəbindən pattern müxtəlifliyi az olmuşdur. Bu zonada 7 pattern və 9 spektr öyrənilmişdir. Nei düsturunun köməyiylə 4 zonanın- ω , γ , β və α - hər biri üçün genetik müxtəliflik indeksi hesablanmışdır. Aparılmış hesablamalara görə daha çox genetik müxtəliflik γ -zonasında ($H=0.872$), bir qədər az ω - ($H=0.767$) və β - ($H=0.714$) zonalarda, ən az isə α - zonasında ($H=0.646$) müşahidə olunmuşdur. Klaster analizi Nei və Li oxşarlıq indeksi əsasında genotipləri 9 qrupa bölmüşdür. Bunlara baxmayaraq bəzi xətlər oxşar valideynlərə malikdirlər. Həmin üsullar əsasında xətlər arasında çoxlu genetik müxtəliflik müşahidə olunmuşdur. Alınan nəticələrə əsaslanaraq qeyd etmək lazımdır ki, ehtiyat zülallarının elektroforez analizi ilə poliakrilamid gelində genotipləri qruplaşdırmaq çox əlverişlidir. Patternlərlə morfoloji əlamətlər arasında əlaqələrin öyrənilməsi nəticədə sünbülcükdəki dənin sayı ilə patternlər arasında korrelyasiyanın olduğunu göstərmişdir ki, bundan da bir marker kimi məhsuldarlığın artırılmasında istifadə edilməsi məsləhət görülür.

İkiqat haploid (Dabl haploid) yumşaq buğdalar homoziqot və saf olduqları üçün onlardan seleksiyada sort və ya hibridlərin alınmasında istifadə etmək mümkündür. Bu səbəbdən onların genetik müxtəliflik xüsusiyyətlərinin morfoloji, DNT və protein analizləri əsasında öyrənilməsi mühüm əhəmiyyət daşıyır. Qliadin və qlütenin proteinləri buğdanın ehtiyat zülallarının 80%-ni təşkil edir. Onların 40%-i qliadinlərdir. Qlütəninlər polimer proteinlər sayılır və onların monomer vahidləri iki hissəyə HMW (high molecular weight- yüksək molekulyar çəkili) və LMW-yə (low molecular weight- aşağı molekulyar çəkili) bölünür. Qliadinlər monomer proteinlərdir və Acid-PAGE üzərində hərəkətlilik xüsusiyyətləri əsasında 4 hissəyə- ω - γ - β - və α - ya ayrılırlar. Bir çox qliadin allellərinin

6 əsas lokusu birinci və altıncı xromosomların üzərində yerləşib (4). Həmçinin, təsdiq olunmuşdur ki, çox az sayda olan minor lokuslar Gli-3, Gli-5 və Gli-6 bəzi qliadin spektrlərini kodlaşdırır (5). Habelə, qliadin patternlərində çoxlu polimorfizm təsdiq edilmişdir (9). Müxtəlif qliadin allellərinin komponentləri buğda genotiplərinin qruplaşdırılmasında əlverişlidir. Bundan əlavə, qliadin allelləri ilə qlüteninin möhkəmliyi (8), bitkilərin morfoloji əlamətləri və ətraf mühitə adaptasiyası arasında müsbət korrelyasiyanın varlığı təsdiqlənmişdir (2). Bu tədqiqat CYMMİT-dən (Meksika) alınmış 102 ikiqat haploid yumşaq buğda xətti üzərində genetik müxtəlifliyin A-PAGE metodu əsasında öyrənilməsi məqsədi ilə aparılmışdır.

Material və metodlar

Qliadin ehtiyat zülallarının elektroforezi Bushuk və Zilman metodunun modifikasiyası olan F.A.Poperelyanın (10) tədqiqat üsulu əsasında aparılmışdır. Qliadinin spektrlərinin tanınması üçün hər bir gəldə Anza genotipindən marker kimi istifadə edilmişdir. Patternlərin (spektrlərin hər bir genotipdə zonalar üzrə əmələ gətirdiyi struktura pattern deyilir) nömrələnməsi onların hər zonada bir-birilə müqayisə edilməsi, sonra isə təkrarlar nəzərə alınmadan bütün patternlərə nömrə verilməsi yolu ilə yerinə yetirilmişdir. Belə ki, müəyyən bir pattern genotiplərdə təkrar olunmuşsa, o patternə yeni bir rəqəm verilməmiş və bu qayda ilə bütün patternlər tanınmışdır (7). Genetik müxtəliflik aşağıda göstərilmiş Nei düsturu əsasında 4 zonanın hər biri üçün hesablanmışdır:

$$H = 1 - \sum P_i^2$$

H - genetik müxtəliflik indeksi; P_i - hər bir patternin zonalarda olan tezliyidir (3).

Klaster analizi Nei və Li oxşarlıq indeksilə UPGMA metodunu tətbiq etməklə qurulmuşdur. Oxşarlıq indeksi aşağıdakı formulla təyin edilmişdir:

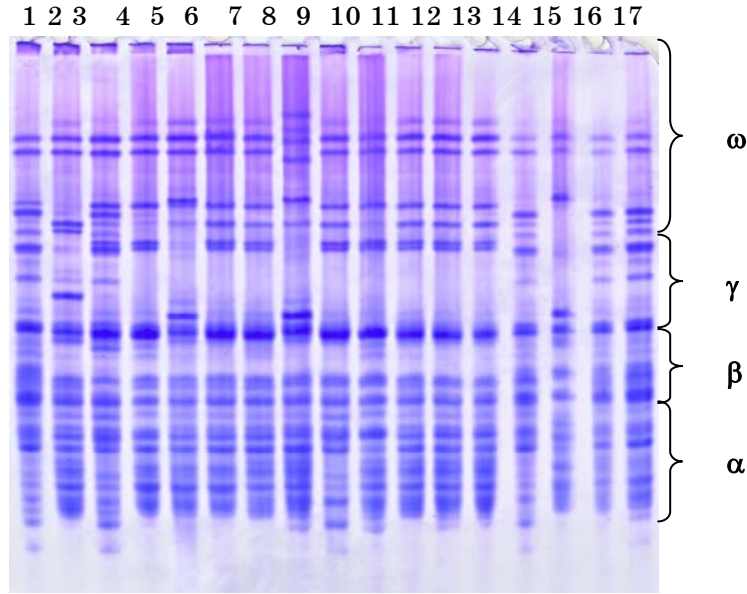
$$GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$$

burada N_i - i genotipində N_j - j genotipindəki spektrlər; N_{ij} - hər iki genotipdə müşahidə olunmuş spektrlərdir. Protein patternləri ilə morfoloji əlamətlər arasında əlaqənin öyrənilməsində «t test» üsulundan istifadə edilmişdir.

Nəticələr və onların müzakirəsi

Bütün genotiplər arasında cəmi 48 spektr və 47 pattern aşkar edilmişdir və onların əksəriyyətində polimorfizm müşahidə olunmuşdur. ω -zonasında 18 spektr və 19 müxtəlif pattern öyrənilmişdir. Spektrlər arasında ω -12 və ω -15, uyğun olaraq, 99.01 % və 98.03 % tezlik təşkil etmiş, ω -18 isə 0.98 % olmaqla yalnız bir genotipdə müşahidə olunmuşdur. Bu zonada ω -5 patterni 44 genotipdə 43.13 %, ω -1 patterni 17 genotipdə 16.66 % və ω -11 patterni 13 genotipdə 12.74 % aşkar edilmişdir. γ -zonasında cəmi 12 spektr təyin olunmuşdur; γ -4 92.15 %, γ -7 85.29 % tezlik təşkil etmişdir. Bu zonada 19 pattern öyrənilmişdir; γ -4 və γ -6 patternləri, müvafiq olaraq, 19.6 % və 18.62 % tezliklə qeydə alındıqları halda, γ -2, γ -8, γ -9, γ -15, γ -16, γ -17, γ -18 və γ -19 patternlərinin hər biri yalnız bir genotipdə müəyyən edilmişlər.

β - zonasında 9 spektr təyin edilmişdir; β -2 və β -5 spektrlərinin hər biri 99 %, β -6 və β -7 spektrlərinin hər biri isə 97.05 % tezliyə malik olmuşlar. Bu zonada cəmi 12 pattern aşkar edilmişdir. Yüksək tezlik β -4 patternində 44.11 % olmaqla 45 genotipdə, bir qədər az 25.49 % olmaqla β -5 patternində 26 genotipdə öyrənilmişdir. Aşağı tezlik isə β -6, β -8, β -9, β -11 və β -12 patternlərində müşahidə olunmuşdur. Patternlərin zəif müxtəlifliyi α - zonasında spektrlərin birtərəfli elektroforezdə (one dimension) tam ayrılma bilməməsi ilə əlaqədar izlənilmişdir (6).



Şəkil 1. İkiqat haploid yumşaq buğdaların qliadin spektrləri:
14= Anza 15= Bezostaya.

Burada müxtəlifliyin azlığının səbəbi bir spektr əvəzinə bir neçə spektrin müşahidə edilməsi ehtimalı ola bilər. Bu zonada cəmi 7 pattern müəyyən edilmişdir. α -2, α -3 və α -1 patternləri yüksək tezliyə malik olmuşlar. α - zonasında 9 spektr aşkar olunmuşdur. Nei düsturunu tətbiq etməklə hər 4 zona üçün genetik müxtəliflik hesablanmışdır. Hesablamalar nəticəsində γ - ($H= 0.872$) böyük, ω - ($H= 0.767$) və β - zonaları ($H= 0.714$) isə nisbətən az müxtəlifliyə malik olmuşlar. α - zonasında ($H= 0.646$) isə ən aşağı müxtəliflik müşahidə olunmuşdur.

Klaster analizi bütün genotipləri 0.828 əmsalında 9 qrupa bölmüşdür (şəkil.2). Qruplar daxilində genotiplər genetik oxşarlıq əsasında daha yaxın olduqları halda, qruplar arasında onlar bu göstərici üzrə birbirlərindən daha uzaqdırlar. Bu nəticə əsasında heterozisə nail olmaq üçün uzaq qruplardan istifadə etmək mümkündür.

Baxmayaraq ki, bəzi xətlər oxşar valideynlərə malikdir, yuxarıda göstərilən metodların tətbiqi ilə xətlər arasında zəngin genetik müxtəliflik aşkar olunmuşdur. Patternlərlə morfoloji əlamətlər arasında əlaqələrin öyrənilməsi nəticəsində sünbülcükdəki dənələrin sayı ilə patternlər arasında korrelyasiya müəyyən olunmuşdur. Mövcud korrelyasiyadan bir

markər kimi məhsuldarlığın artırılmasında istifadə etmək olar. Genotipləri yüksək səviyyədə qruplaşdırmaq qabiliyyətinə malik olması, həmçinin ətraf mühit təsirlərinə məruz qalmaması qliadin patternlərindən buğdanın genetik müxtəlifliyinin tədqiqində çox geniş istifadə edilməsinə imkan verir. Hou (1) A-PAGE metodunun buğdanın rüşeym plazmasının tədqiqində və onun təyində istifadə olunmasını tövsiyə edib.

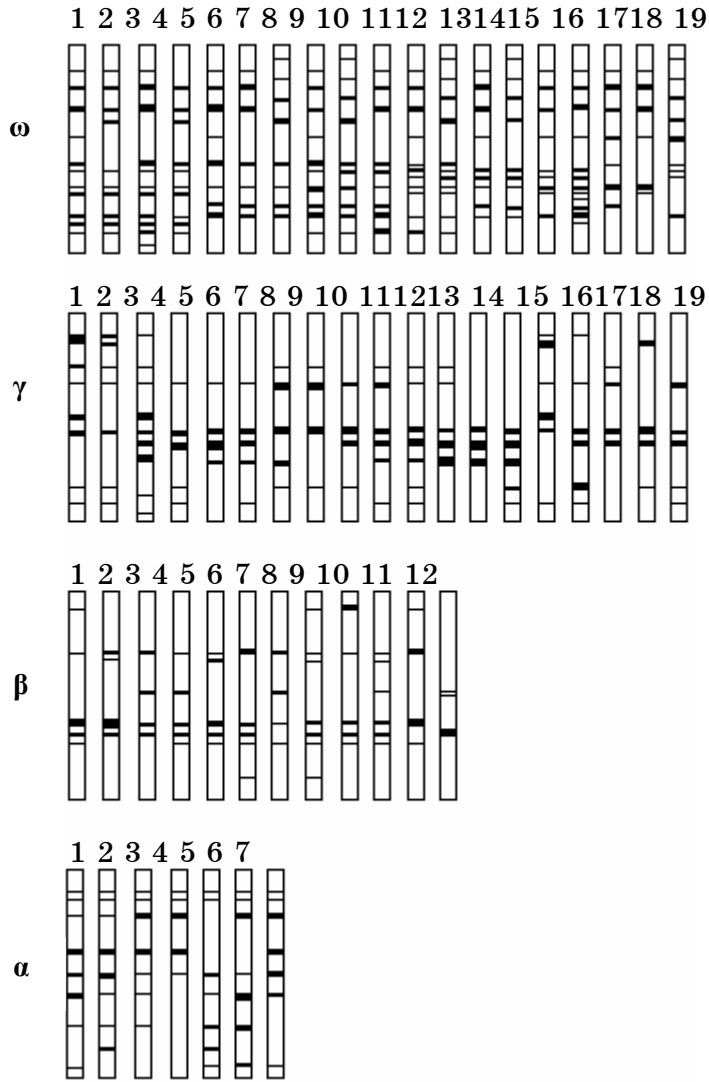
Cədvəl 1

Şəcərələr və bütün genotiplərdə öyrənilən qliadin patternləri

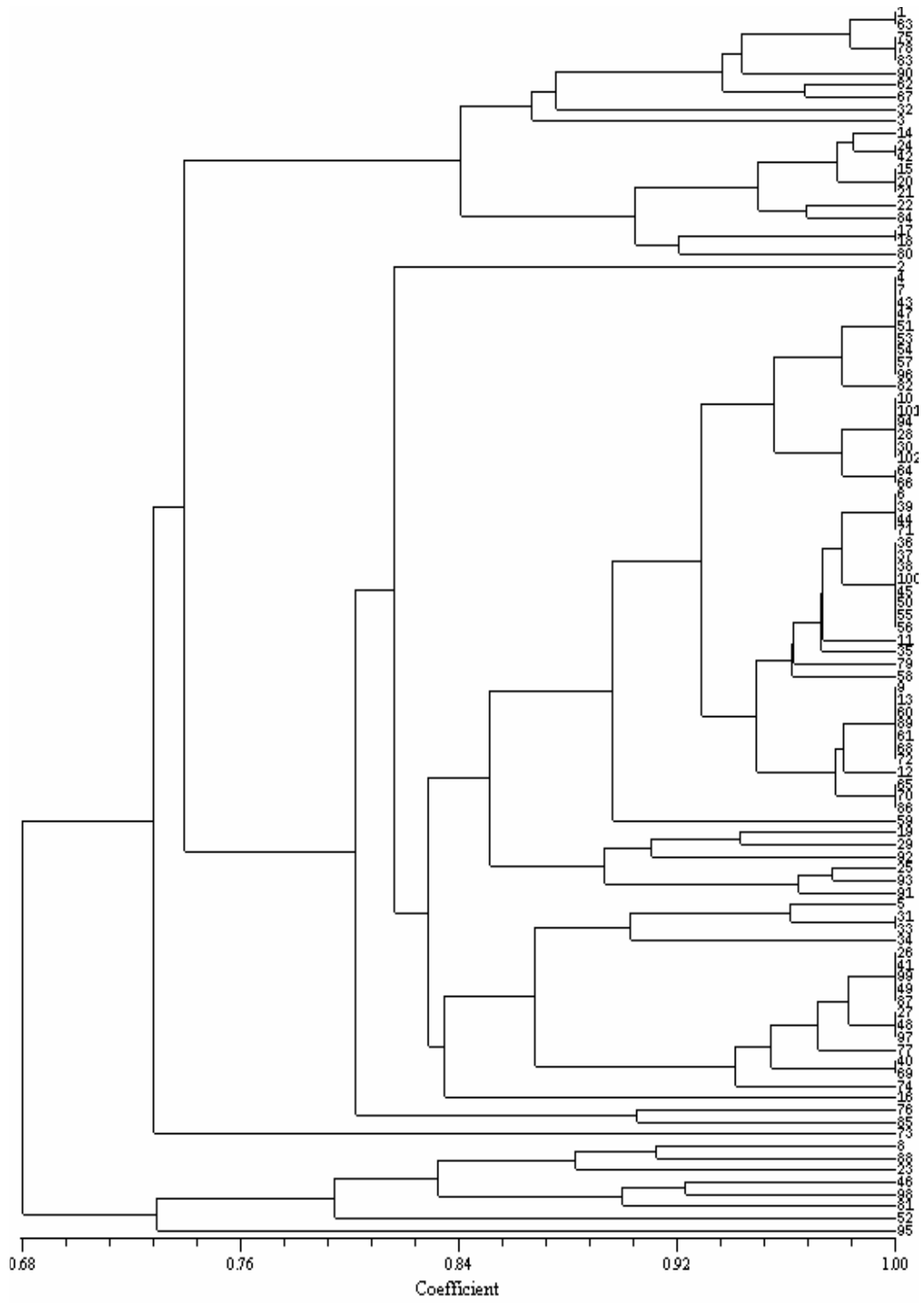
No.	Şəcərələr	Qliadin patternləri			
		α	β	γ	ω
1	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A...	1	1	1	1
2	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744/3/...	3	10	15	15
3	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744...	1	11	16	16
4	TEG/GANFRENCH/6/CMH79A.955/4/AGA/3/4*...	2	4	4	5
5	TEG/GANFRENCH/6/CMH79A.955/4/...	3	4	7	8
6	TEG/GANFRENCH/6/CMH79A.955/4/AGA/3/...	2	4	5	5
7	TEG/GANFRENCH/6/CMH79A.955/4/...	2	4	4	5
8	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638...	2	4	10	12
9	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA...	2	5	6	5
10	CMH80.638/CMH75A.411//...	2	5	4	5
11	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	3	4	6	5
12	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638...	2	5	6	5
13	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA.	2	5	6	5
14	CMH82A.1294/CMH84.3621//CMH81.749...	6	1	3	1
15	TEG/GANFRENCH...	1	1	3	1
16	CMH83.2517/GANFRENCH...	2	4	11	11
17	TEG//CMH82A.1294/CMH84.3621/3/ELVIRA...	2	1	3	1
18	TEG//CMH82A.1294/CMH84.3621/3/...	2	1	3	1
19	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	3	4	14	13
20	TEG//CMH82A.1294/CMH84.3621/3/ELVIRA...	1	1	3	1
21	CMH82A.1294/CMH84.3621//CMH81.749/3/...	1	1	3	1
22	CMH83.2517/GANFRENCH...	1	1	3	2
23	CMH83.2517/GANFRENCH...	3	1	7	9
24	CMH82A.1294/CMH84.3621//CMH81.749/3/...	1	1	3	1
25	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//INIA66...	4	4	13	13
26	CMH83.2517/GANFRENCH...	3	4	11	11
27	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64...	3	4	10	11
28	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A...	2	5	4	5
29	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744/3/...	7	4	14	13
30	CMH79A.955/CMH74A.487...	2	5	4	5
31	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744...	3	7	7	10
32	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A...	1	2	2	3
33	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638...	3	7	7	10
34	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	3	10	17	10
35	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	4	6	6
36	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//INIA66...	2	4	6	5
37	CMH79A.955/4/AGA/3/4*...	2	4	6	5
38	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64...	2	4	6	5
39	CMH79A.955/4/AGA...	2	4	5	5
40	SIDS10/3/KAUZ//STAR/LUCO...	3	5	10	11
41	TEG/GANFRENCH...	3	4	11	11
42	CMH82A.1294/CMH84.3621//CMH81.749...	1	1	3	1
43	CMH82A.1294/NEIXIANG184//ELVIRA	2	4	4	5
44	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	4	5	5
45	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/STAR...	2	4	6	5
46	CMH80.638/CMH75A.411//...	2	4	4	7
47	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638...	2	4	4	5

Cədvəl 1-in ardı

No.	Şəcarələr	Qliadin patternləri			
		α	β	γ	ω
48	CMH80.638/CMH75A.411...	3	4	10	11
49	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	3	4	11	11
50	CMH80.638/CMH75A.411//...	2	4	6	5
51	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	2	4	4	5
52	CMH80.638/CMH75A...	4	5	13	14
53	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/WBLL1...	2	4	4	5
54	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67...	2	4	4	5
55	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/...	2	4	6	5
56	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	4	6	5
57	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//INIA66...	2	4	4	5
58	CMH79A.955/4/AGA...	2	4	5	5
59	CMH76.1084/2*CMH72A.429//ELVIRA/6/...	2	5	11	17
60	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67...	2	5	6	5
61	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	5	6	5
62	CMH74A.630/SX/CNO79/3/SW89-5124*2/FASAN...	1	3	1	1
63	CMH83.2517/GANFRENCH...	1	1	1	1
64	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	5	4	5
65	CMH79A.955/4/AGA/3/...	2	5	5	5
66	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//INIA66...	2	5	4	5
67	CMH74A.630/SX/CNO79/3/SW89-5124*2/...	5	3	1	1
68	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67...	2	5	6	5
69	SIDS10/3/KAUZ//STAR/LUCO-M/6/...	3	5	10	11
70	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64...	2	5	5	5
71	CMH79A.955/4/AGA/3/4...	2	4	5	5
72	CMH79A.955/4/AGA/3/4*SN64/CNO67//...	2	5	6	5
73	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744/3/...	1	5	18	18
74	CMH79A.1380/GANFRENCH/6/CMH9A.955/4/...	3	10	12	11
75	CMH76.1084/2*CMH72A.429//ELVIRA/6/...	1	1	1	1
76	CMH83.2578/GANFRENCH/6/...	3	9	8	8
77	CMH76.1084/2*CMH72A.429//...	3	4	12	11
78	CMH83.2517/ELVIRA/6/CMH79A.955/4/AGA...	1	1	1	1
79	CMH81.794/4/CHEN/AEGILOPS (TAUS)...	2	4	5	5
80	CMH76.1084/2*CMH72A.429//ELVIRA/6/...	1	3	3	1
81	VEE/CMH77A.917//VEE/3/ELVIRA/6/...	2	5	4	7
82	CMH83.2517/ELVIRA/6/CMH79A.955...	2	4	4	5
83	CMH79A.955/CMH74A.487//CMH81A.744/3/...	1	1	1	1
84	CMH76.1084/2*CMH72...	1	1	3	4
85	VEE/CMH77A.917//VEE/3/...	3	8	9	8
86	CMH76.1084/2*CMH72A.429//ELVIRA...	2	5	5	5
87	CMH83.2517/ELVIRA/6/CMH79A.955/4/AGA...	3	4	11	11
88	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	3	4	12	12
89	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/CHIBIA...	2	5	6	5
90	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	1	2	1	1
91	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/STAR/...	4	4	13	13
92	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/STAR/...	4	5	14	13
93	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	4	4	13	13
94	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638...	2	5	4	5
95	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA...	2	12	10	19
96	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA...	2	4	4	5
97	CMH80.638/CMH75A.411//...	3	4	10	11
98	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	2	6	6	7
99	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA...	3	4	11	11
100	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/...	2	4	6	5
101	CMH80.638/CMH75A.411//CMH80.638/3/ELVIRA	2	5	4	5
102	CMH80.638/CMH75A.411//...	2	5	4	5



Şəx. 2. Bütün genotiplərdə müşahidə olunan α , β , γ və ω -zonalarında müxtəlif patternlərin idioqramması.



Şək. 3. Dendrogramma.

ӘДӘБИҮАТ

1. Попереля Ф.А. и др. Определение гибридности семян кукурузы по электрофоретическим спектрам зеина // Доклады ВАСХНИЛ. 1989, №3, 31с.
2. Hou Y.C., Zheng Y.L., Wei Y.M. Analysis of genetic diversity of hordein in wild relatives of barley from Qing Zong Plateau. Southwest China // J Agric.Sci. 2004, №17, p.545-551.
3. Metakovsky E.V., Branlard G. Genetic diversity of French common wheat germplasm based on gliadin alleles // Theor. Appl. Genet. 1998, №96, p.209-218.
4. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided population // Proce. Nat. Acad. Sci. USA. 1973, №70, p.3321-3323.
5. Payen P.I. Genetics of wheat storage protein and the effect of allelic variation on bread making quality // Annu. Rev. Plant physiol. 1987, №38, p.141-153.
6. Pogna N.E., Metakovsky E.V., Redaelli R., Raeneri F., Dachkevitch T. Recombination mapping of Gli-5 a new gliadin coding locus on chromosome 1-A and 1-B in common wheat // Theor. Appl. Genet. 1993, №87, p.113-121.
7. Sewa R., Nisha J., Vinamrata D., Singh R.P., Jag. Sh. Analysis of Acid-PAGE Gliadin pattern of Indian wheats (*Triticum aestivum* L.) Representing Different Environments and Periods // Crop Sci. 2005, №45, p.1256-1263.
8. Tanaka H., Tomita M., Tsujimoto H., Yasumuro Y. Limited but specific variation of seed storage proteins in Japanese common wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica. 2003, №132, p.167-174.
9. Weegels P.L., Hamer R.J., Schofield J.D. Functional properties of wheat glutenins // Cereal Sci. 1996, №23, p.1-17.
10. Zillman. R.R., Bushuk W. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. II. Effects of environmental and experimental factors on the gliadin electrophoregrams // Can. J. Plant Sci. 1979, №59, p.281-286.

ИЗУЧЕНИЕ А-PAGE МЕТОДОМ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ ЗАПАСНЫХ ГЛИАДИНОВЫХ БЕЛКОВ И ИХ СВЯЗИ С МОРФОЛОГИЧЕСКИМИ ПРИЗНАКАМИ У ДВОЙНЫХ ГАПЛОИДОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

ДЖ.М.ОДЖАГИ, Э.М.АХУНДОВА, Г.Б.САДЫХОВ, С.Б.САДЫХОВА,
А.Ю.КЕРИМОВ, С.Дж.САЛАЕВА

РЕЗЮМЕ

Целью исследований явилось изучение А-PAGE методом генетического разнообразия у двойных гаплоидов 102 линий мягкой пшеницы, полученных от СҮММІТ (Мексика). Изученные линии отличались широким полиморфизмом. По всем линиям было выявлено 48 спектров и 47 паттернов. Установлено, что ω -зона характеризуется более высокой изменчивостью, в этой зоне обнаружено 18 спектров и 19 паттернов. В γ - и β -зонах, соответственно, 12 и 9 спектров, 19 и 12 паттернов. Ввиду использования однонаправленного электрофореза в α -зоне спектры выявились неполностью, всего обнаружено 7 паттернов и 9 спектров. С помощью уравнения Nei по всем 4 зонам: α , β , γ и ω вычислен индекс изменчивости. Расчеты показали наибольшую генетическую изменчивость в γ -зоне ($H=0,872$), сравнительно меньшую в ω -зоне ($H=0,767$) и β -зоне ($0,714$) и наименьшую в α -зоне ($H=0,646$). На основе кластерного анализа Nei и Li, по индексу сходства генотипы распределены на 9 групп. Предложенная система оценки запасных глиадинов методом электрофореза в полиакриламидном геле в сочетании с морфологическими признаками может быть использована для прогнозирования урожайности. В частности, установлена коррелятивная связь между паттернами и числом зерен в колосе. В целом представленные экспериментальные данные создают предпосылки для использования А-PAGE метода в качестве маркера в практической селекции.

**THE EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY IN DOUBLED HAPLOID WHEATS
BY UTILIZATION OF BANDING PATTERN GLIADIN PROTEINS IN A-PAGE
METHOD AND THEIR RELATION WITH AGRONOMICAL TRAITS**

**J.M.OJAGHI, E.M.AKHUNDOVA, H.B.SADIGOV, S.B.SADIGOVA,
A.Y.KARIMOV, S.J.SALAYEVA**

SUMMARY

The aim of the research is to study genetic diversity of 102 double haploid wheat from CYMMIT on the basis of A-Page method. 48 bands and 47 different patterns were found out in the studied lines with polymorphism in most of them. It is defined, that ω zone is more variable and possesses 18 bands and 19 patterns. In γ and β zonas, respectively, there are 12 and 9 bands and 19 and 12 patterns. The least paternal diversity is in α -area, the reason is the poor separation of bands in one dimension electrophoresis. 7 patterns and 9 bands are observed in this area. The genetic diversity indexes are calculated for each of 4 (ω, γ, β & a) zonas with the help of Nei equation. According to calculations, the most genetic diversity occurs in γ -zona, $M = 0,872$ less in ω ($H = 0.767$) & β ($H = 0.714$) zonas and the least in a zona ($H = 0.646$). The cluster analysis "Nei & Lea" classifies genotypes into 9 groups on the basis of similarity indexes. There is a considerable genetic diversity among the observed lines in spite of having similar parents. The evaluation system of gliadines in polyacrylamid gel with electro-phoresis method in combination with morphological characteristics can be used to predict productivity. It's defined, that there is a correlation between patterns and the seeds in the ear and it's recommended to use it as a marker to increase the productivity.