

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ ХУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР БЕРУВЧИ
DSc.02/30.12.2019.B.53.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ**

ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

НОРБЕКОВ ЖУРАБЕК КУШБОКОВИЧ

**ДНК-БАРКОДЛАШ УСУЛИ ЁРДАМИДА МАҲАЛЛИЙ БУҒДОЙ
НАВЛАРИНИНГ ГЕНЕТИК ПАСПОРТИНИ ИШЛАБ ЧИҚИШ**

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

**БИОЛОГИЯ ФАНЛАРИ БЎЙИЧА ФАЛСАФА ДОКТОРИ (PhD)
ДИССЕРТАЦИЯСИ АВТОРЕФЕРАТИ**

ТОШКЕНТ – 2023

Фалсафа доктори (PhD) диссертацияси автореферати мундарижаси

Оглавление автореферата диссертации доктора философии (PhD)

Contents of dissertation abstract of doctor of philosophy (PhD)

Норбеков Журабек Кушбокович

ДНК-баркодлаш усули ёрдамида маҳаллий буғдой навларининг генетик паспортини ишлаб чиқиш..... 3

Норбеков Журабек Кушбакович

Разработка генетических паспортов местных сортов пшеницы с помощью метода ДНК-баркодирования..... 21

Norbekov Jurabek Kushbakovich

Development of genetic passports of local wheat varieties using DNA barcoding method.....39

Эълон қилинган ишлар рўйхати

Список опубликованных работ

List of published works 43

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ ХУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР БЕРУВЧИ
DSc.02/30.12.2019.B.53.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ**

ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

НОРБЕКОВ ЖУРАБЕК КУШБОКОВИЧ

**ДНК-БАРКОДЛАШ УСУЛИ ЁРДАМИДА МАҲАЛЛИЙ БУҒДОЙ
НАВЛАРИНИНГ ГЕНЕТИК ПАСПОРТИНИ ИШЛАБ ЧИҚИШ**

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

**БИОЛОГИЯ ФАНЛАРИ БЎЙИЧА ФАЛСАФА ДОКТОРИ (PhD)
ДИССЕРТАЦИЯСИ АВТОРЕФЕРАТИ**

ТОШКЕНТ – 2023

Биология фанлари бўйича фалсафа доктори (PhD) диссертацияси мавзуси Ўзбекистон Республикаси Олий таълим, фан ва инновациялар вазирлиги ҳузуридаги Олий аттестация комиссиясида В2019.2. PhD/В352 рақам билан рўйхатга олинган.

Диссертация иши Геномика ва биоинформатика марказида бажарилган.

Диссертация автореферати уч тилда (ўзбек, рус, инглиз (резюме)) Илмий кенгашнинг веб-саҳифасида (www.genetika.uz) ҳамда «ZiyoNet» Ахборот-таълим порталида (www.ziynet.uz) жойлаштирилган.

Илмий раҳбар:

Кушанов Фахриддин Неъматуллаевич
биология фанлари доктори, профессор

Расмий оппонентлар:

Адилов Бахтиёр Шухратович
биология фанлари доктори, катта илмий ходим

Джаббаров Иброҳим Шодманович
биология фанлари доктори, профессор

Етакчи ташкилот:

Ўсимликлар генетик ресурслари илмий-тадқиқот институти

Диссертация ҳимояси Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти ҳузуридаги DSc.02/30.12.2019.B.53.01 рақамли Илмий кенгашнинг 2023 йил **26-сентябрь** куни соат 14⁰⁰ даги мажлисида бўлиб ўтади. (Манзил: 111208, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-Юз қўрғони 266 - уй, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти мажлислар зали. Тел.: (+99871) 264-23-90; факс: (+99871) 264-23-90; e-mail: igebr@academy.uz).

Диссертация билан Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти Ахборот-ресурс марказида танишиш мумкин (_____ рақами билан рўйхатга олинган). Манзил: 111208, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-Юз қўрғони 266 - уй, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти мажлислар зали. Тел.: (+99871) 264-23-90; факс: (+99871) 264-23-90.

Диссертация автореферати 2023 йил «___» _____ куни тарқатилди.
(2023 йил «___» _____ даги рақамли реестр баённомаси).

А.А. Нариманов

Илмий даражалар берувчи илмий кенгаш раиси, к.х.ф.д., профессор

И.Дж. Курбанбаев

Илмий даражалар берувчи илмий кенгаш илмий котиби, б.ф.д., профессор

С.К. Бабоев

Илмий даражалар берувчи илмий кенгаш қошидаги илмий семинар раиси, б.ф.д., профессор

КИРИШ (фалсафа доктори (PhD) диссертация аннотацияси)

Диссертация мавзусининг долзарблиги ва зарурати. Буғдой дунё аҳолиси 35 фоиз учун асосий дон экинларидан бири бўлиб, ушбу экин тури ер юзи экин майдонларининг 240 миллион гектарини эгаллайди. Юмшоқ буғдой (*Triticum aestivum* L. тури) навлари генетик хилма-хиллигини ўрганиш унинг селекция мақсадлари учун салоҳияти ҳақида муҳим маълумот бериши мумкин. Ҳар йили селекционерлар томонидан юзлаб янги навлар яратилиб, тижорат мақсадларида фойдаланишга топширилади. Кўпайтиришда селекцион ресурслари чекланганлиги сабабли, буғдойнинг бундай навлари сони тез суратда ўсиб бормоқда. Бу эса уруғлик бозорида навларнинг бир-бирига мос келишига олиб келади. Янги ўхшаш ёки бир-бирига яқин бўлган буғдой навлари кўпайиши билан навни рўйхатдан ўтказиш, уни сертификатлаш ва селекционерларнинг муаллифлик ҳуқуқларини ҳимоя қилиш жараёнлари тобора муҳим аҳамият касб этмоқда. ДНК-баркодлаш – турларни тезкорлик билан аниқлаш воситаси сифатида турли навлар ва тизмаларни генетик идентификациялаш ҳамда истиқболли селекцион материаллар ноқонуний тарқалишининг олдини олишда муҳим аҳамиятга эга.

Жаҳон амалиётида ДНК маркерлари асосан ўрмон хўжалиги ва қишлоқ хўжалиги объектларини индивидуал сертификатлашда, шу жумладан, молекуляр маркерлар навлар орасидаги полиморфизмнинг юқори даражада тавсифлаш ва умумий генетик хусусиятларини баҳолаш бўйича илмий изланишларда қўлланилмоқда. Бу борада навлараро полиморфизмни аниқлаш, фарқлаш ва сертификатлаш мақсадида турли хил буғдой навлари генотипларининг ўхшашлигини/узоқлигини аниқлашда ISSR-усулини (Inter Simple Sequence Repeat) кенг қўллаш, микросателлит кетма-кетликлари кўп ўлчовли спектрларини яратиш учун полимераза занжирли реакциясидан фойдаланиб, генетик хилма-хиллик, филогения ва донли экинлар геномларини молекуляр маркерлашга катта эътибор берилмоқда.

Республикада маҳаллий буғдой навларини генетик жиҳатдан тадқиқ этиш асосида селекцион материалларнинг хилма-хиллигини аниқлаш, уларнинг филогенетик муносабатларини ўрганиш, навларни хатловдан ўтказиш, генетик паспортлаш бўйича муайян илмий натижаларга эришилмоқда. 2022-2026 йилларга мўлжалланган Янги Ўзбекистоннинг тараққиёт стратегиясида¹ «Қишлоқ хўжалигини илмий асосда интенсив ривожлантириш орқали деҳқон ва фермерлар даромадини камида 2 баравар ошириш, қишлоқ хўжалигининг йиллик ўсишини камида 5 фоизга етказиш» бўйича ҳам вазифалар белгилаб берилган. Ушбу вазифаларни бажаришда қишлоқ хўжалик экинлари учун индивидуал генетик паспортларни ишлаб чиқиш орқали абиотик ва биотик стресс омилларга бардошли, атроф-муҳит шароитларига мослаша оладиган навларни яратиш муҳим аҳамият касб этади.

Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2018 йил 27-апрелдаги ПҚ-

¹ Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2022 йил 28 январдаги ПФ-60-сон “2022-2026 йилларга мўлжалланган Янги Ўзбекистоннинг тараққиёт стратегияси тўғрисида” ги фармони

3683-сон “Ўзбекистон Республикасида уруғчилик тизимини тубдан такомиллаштириш чора-тадбирлари тўғрисида”ги қарорининг² 11-банди, 6-хатбошида белгиланган “мамлакатда мавжуд бўлган қишлоқ хўжалиги экинлари навларининг тўлиқ инвентаризациясини, уларнинг молекуляр-генетик паспортизациясини (ДНК-баркодлаш) ўтказиш, шунингдек, уларни мамлакатнинг селекция ютуқларини ҳимоя қилиш имконини берувчи “Ўсимликларнинг янги навларини муҳофаза қилиш” халқаро иттифоқида (*ингл.* Union for the Protection of New Varieties of Plants – UPOV) рўйхатдан ўтказилишини амалга ошириш” вазифаси ҳамда Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2020 йил 25-ноябрдаги ПҚ-4899-сон “Биотехнологияларни ривожлантириш ва мамлакатнинг биологик хавфсизлигини таъминлаш тизимини такомиллаштириш бўйича комплекс чора-тадбирлар тўғрисида”ги қарори³ 2-иловаси “Биотехнологиялар соҳасида 2020-2024 йилларда бажариладиган устувор илмий-тадқиқот ишларини амалга ошириш дастури” ҳамда мазкур соҳага тегишли бошқа меъёрий-ҳуқуқий ҳужжатларда белгиланган вазифаларни амалга оширишда ушбу диссертация тадқиқоти муайян даражада хизмат қилади.

Тадқиқотнинг республика фан ва технологиялари ривожланишининг устувор йўналишларига мослиги. Мазкур тадқиқот республика фан ва технологиялар ривожланишининг V. “Қишлоқ хўжалиги, биотехнология, экология ва атроф-муҳит муҳофазаси” устувор йўналишига мувофиқ бажарилган.

Муаммонинг ўрганилганлик даражаси. Дунё олимлари томонидан ДНК-баркодлаш усулидан фойдаланиб, турли ўсимликлар, хусусан, доривор ўсимликлар (D. Edwards 2008), зираворлар (S. Edward 2009), резаворлар (L. Jaakola 2010), зайтун ўсимлиги (S. Kumar 2011) ҳамда чой ўсимлиги (M.Y. Stoeckle 2011), шунингдек, кўплаб бошқа турдаги ўсимликлар ҳам идентификация қилинган ва яхши натижаларга эришилган. Буғдой геномининг микросателлит ҳудудларига минглаб SSR (*ингл.* Simple Sequence Repeats ёки микросателлит) маркерлар ишлаб чиқилган ва улар тегишли маълумотлар базаларига жойланган (D.Y. Wang 2017). Тадқиқотчи учун эса, ушбу маълумот ўрганилаётган намуналардаги белги ва хусусиятларнинг идентификация қилинишида муҳим восита бўлиб хизмат қилади. Ушбу геном ҳудудларининг микросателлит маркерлардан кўплаб олимлар ҳамда тадқиқотчилар (T.W.A. Braukmann 2017, G.J. Bryan 1997, M.S.Roder 1995, J.K. Roy 1999) томонидан буғдойнинг генетик хилма-хиллигини таҳлил қилиш орқали географик келиб чиқишини тавсифлашда кенг фойдаланилган.

Дунё олимлари ДНК-маркерлар технологиясини қўллаш орқали ўсимлик геномини тадқиқ этишда самарали натижаларга эришганлар. Хусусан, буғдойнинг генетик хилма-хиллигини идентификация қилиш бўйича қатор олимлар (A. Awad 2022, M. J. Christiansen 2010, P. Sharad 2005, B. David 2008,

² Ўзбекистон Республикаси Президентининг 27.04.2018 йилдаги ПҚ-3683-сонли қарори.

³ Ўзбекистон Республикаси Президентининг 25.11.2020 йилдаги ПҚ-4899-сонли қарори

J. Dvorak 1998, S. Mahjourimajd 2016, H. Zala 2014) томонидан фаол тадқиқотлар олиб борилган ва яхши натижаларга эришилган.

Ўзбекистонда биринчилардан бўлиб, И.Ю. Абдурахмонов *ва бошқ.* (2004) томонидан AFLP ва SSR-маркерлар ёрдамида ғўзанинг *G.barbadense* L. ва *G.hirsutum* L. турларининг геномлари таҳлил қилинган. Таҳлил натижалари асосида тадқиқот намуналари ўртасидаги генетик масофа аниқланиб, уларнинг генетик паспорти ишлаб чиқилган.

Шундай бўлсада, Ўзбекистон селекционер олимлари томонидан яратилган маҳаллий буғдой навларининг генетик паспорти шу бугунги кунга қадар ишлаб чиқилмаган.

Диссертация тадқиқотининг диссертация бажарилган илмий-тадқиқот муассасасининг илмий-тадқиқот ишлари режалари билан боғлиқлиги. Диссертация тадқиқотлари Геномика ва биоинформатика марказининг Т.8-16 “Микросателлит маркерлар ёрдамида Ўзбекистон буғдой селекциясининг турли хил юмшоқ буғдой навларининг ДНК полиморфизмини қиёсий ўрганиш” (2016-2017 йй.) мавзусидаги амалий лойиҳаси доирасида бажарилган.

Тадқиқотнинг мақсади маҳаллий буғдой навларининг морфобиологик ва генетик хилма-хиллигини, навлар ўртасидаги филогенетик муносабатларни аниқлаш ҳамда ДНК-баркодлаш усули асосида навларнинг индивидуал генетик паспортини ишлаб чиқишдан иборат.

Тадқиқотнинг вазифалари:

Республикада районлашган ва истиқболли маҳаллий юмшоқ буғдой навларини уларнинг тавсифлари асосида танлаш;

морфобиологик хусусиятлари бўйича танлаб олинган буғдой навларини тавсифлаш, статистик таҳлиллар асосида нав тавсифларининг мувофиқлигини ҳамда барқарорлигини аниқлаш;

микросателлит маркерлар ёрдамида тадқиқот намуналарини ПЗР-таҳлил қилиш ва генотиплаш;

маҳаллий юмшоқ буғдой навлари генетик хилма-хиллигини ва ўзаро филогенетик муносабатларини аниқлаш;

тадқиқот намуналари ўртасида юқори даражада полиморфизмга эга бўлган маркерлар панелини тузиш;

генетик паспортлашда фойдаланилган микросателлит маркерларни верификация қилиш;

буғдой навларининг индивидуал генетик паспортларини нав муаллифлари ва оригинаторларига тақдим этиш.

Тадқиқотнинг объекти сифатида юмшоқ буғдой (*Triticum aestivum* L.) нинг Омад, Ёғду, Аср, Бобур, Оқбуғдой, Давр, Чиллаки, Азиз, Шодлик, Навбахор, Андижон-1, Дурдона, Андижон-4, Андижон-2, Барака, Муфтало, Хисорак, Шамс, Хазрати Башир, Ғозғон, Яксарт, Туркистон, Бунёдкор, Эломон, Жайхун, Фаровон, Санзар-6, Бахмал-97, Ёнбош, Дўстлик, Истиклол-6 ва Тезпишар навлари олинган.

Тадқиқотнинг предмети микросателлит маркерлар ёрдамида

Ўзбекистон селекциясига мансуб юмшоқ буғдой навларининг генетик хилма-хиллиги ва уларнинг филогенетик муносабатларининг таҳлили ҳамда навлар учун ишлаб чиқиладиган индивидуал генетик паспортлар ҳисобланади.

Тадқиқотнинг усуллари. Диссертация тадқиқотларини бажариш жараёнида молекуляр биологиянинг асосий усуллари, геномиканинг замонавий усуллари (геном ДНК ажратиш, ПЗР-таҳлили ва генотиплаш), буғдой генетикасининг анъанавий усуллари ҳамда статистика ва биоинформатиканинг замонавий усулларидан фойдаланилган.

Тадқиқотнинг илмий янгилиги қуйидагилардан иборат:
микросателлит маркерлар билан маҳаллий буғдой навларини ПЗР-скрининг асосида уларнинг генетик хилма-хиллиги ва ўзаро филогенетик муносабатлари аниқланган;

буғдой навлари ўртасида юқори даражада полиморфизмга эга бўлган микросателлит маркерлар панели тузилган;

илк бор полиморф маркерлар асосида маҳаллий буғдой навлари учун генетик паспортлар ишлаб чиқилган;

верификация қилиш асосида генетик паспортлашда фойдаланилган самарали аллеллар сонига эга микросателлит маркерларнинг бошқа навларда ҳам юқори полиморфизм намоён этганлиги исботланган.

Тадқиқотнинг амалий натижалари қуйидагилардан иборат:
маҳаллий буғдой навлари микросателлит маркерлар асосида генотипланган ва уларнинг генетик хилма-хиллиги ҳамда ўзаро филогенетик муносабатлари аниқланган;

юқори полиморфизмга эга бўлган маркерлар панели тузилиб, улар асосида ҳар бир навнинг генетик паспортлари ишлаб чиқилган;

самарали аллеллар сонига эга 6 та SSR-маркерлардан фойдаланиб тузилган филогенетик дарахтлар структуравий жиҳатдан ўзаро ўхшаш ва янги навларни идентификациялашда кам сонли маркерлар етарли эканлиги аниқланган.

Тадқиқот натижаларининг ишончлилиги молекуляр генетика ва геномиканинг замонавий усул ва ёндашувларидан фойдаланилганлиги, олинган рақамли маълумотларни статистик қайта ишлашда вариациялар таҳлили (ANOVA) каби статистик усуллардан фойдаланилганлиги, тадқиқот натижаларининг ҳалқаро ва республика илмий-амалий анжуманлардаги муҳокамаси ҳамда маҳаллий ва хорижий нашрларда чоп этилганлиги, ДНК-баркодлаш усули ёрдамида навларнинг генетик паспортлари Геномика ва биоинформатика марказининг www.genomics.uz веб сайтига жойланганлиги, шунингдек, генетик паспортланган навлар уруғлари марказнинг “Геном технологиялари асосида яратилган ноёб ғўза ва бошқа экинлар генофонди” коллекциясида сақланаётганлиги билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг илмий ва амалий аҳамияти. Тадқиқот натижаларининг илмий аҳамияти маҳаллий буғдой навларининг статистик таҳлиллар асосида генетик хилма-хиллиги, полиморфизм даражалари, филогенетик муносабатлари, микросателлит маркерларни верификациялаш ва

маркерларнинг самарали аллеллар сони аниқланганлиги билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг амалий аҳамияти ДНК маркерлари орқали ген худудларини ўрганиш ва уларнинг жойлашув ўрнини аниқлаш натижасида селекцион тадқиқотлар учун намуналарни тўғри танлаш ва касалликларга, турли стресс омилларига чидамли ҳамда ҳосилдорлиги юқори бўлган янги буғдой навларини қисқа муддатларда яратиш имкониятининг очиб берилганлиги, буғдой навларини молекуляр идентификация қилиш орқали уларнинг генетик паспорти ишлаб чиқилганлиги билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг жорий қилиниши. ДНК-баркодлаш усули ёрдамида маҳаллий буғдой навларининг генетик паспортини ишлаб чиқиш бўйича олинган натижалар асосида:

ДНК-баркодлаш усули ёрдамида буғдой навлари уруғчилик мақсадида 2022-йилда Жанубий дехқончилик институтнинг марказий тажриба хўжалигида нав тозалиги амалга оширилган. Жумладан, “Хисорак” нави 10 гектар майдонда, Касби бўлимида “Шамс” нави 8 гектар майдонда, Ғузор бўлимида “Хазрати Башир” нави 9 гектар майдонда, Қарши бўлимида “Бунёдкор” нави 6 гектар майдонда жорий этилган (Ўзбекистон Республикаси қишлоқ хўжалиги вазирлигининг 02.06.2023 йилдаги 05/21-05/2681-сонли маълумотномаси). Натижада ушбу буғдой навлари супер элита авлодли уруғларининг наводорлик даражаси 99,9 фоизни ташкил этган ҳамда “Хисорак” навида 8 ц/га, “Шамс” навида 5 ц/га, “Хазрати Башир” навида 7 ц/га ва “Бунёдкор” навида 6 ц/га юқори ҳосил олиш имконини берган;

буғдойнинг сариқ занг касаллигига чидамлилиқ билан алоқадор ДНК маркерлар панели тузилган ҳамда ушбу ДНК-маркерлар тўплами ФА-А-ҚХ 2018-427 “МАС технологиясининг “генларни пирамидалаш” усулидан фойдаланиб, юмшоқ буғдойда асосий биотик ва абиотик стресс факторларга чидамлилиқ генларини бир генотипга жамлаш ва шу асосда янги линиялар яратиш” мавзусидаги амалий лойиҳасида буғдой намуналарининг сариқ занг касаллигига чидамлилигини ўрганиш учун генетик жиҳатдан тавсифлашда фойдаланилган (Ўзбекистон Республикаси Фанлар академиясининг 26.05.2023 йилдаги 4/1255-1138-сонли маълумотномаси). Натижада селекцион жараёнлар бир қанча муддатга қисқарган ҳамда қимматли хўжалик белгиларига эга намуналар танлаш имконини берган;

Тадқиқот натижаларининг апробацияси. Мазкур тадқиқот натижалари 5 та, жумладан, 2 та ҳалқаро ва 3 та республика илмий-амалий анжуманларида муҳокамадан ўтказилган.

Тадқиқот натижаларининг эълон қилинганлиги. Диссертация мавзуси бўйича жами 12 та илмий иш чоп этилган. Жумладан, Ўзбекистон Республикаси Олий таълим, фан ва инновациялар вазирлиги ҳузуридаги Олий аттестация комиссияси (ОАК) томонидан докторлик диссертациясининг асосий илмий натижаларини чоп этишга тавсия этилган илмий нашрларда 7 та мақола, улардан 1 таси ҳалқаро, 6 таси республика журналларида ҳамда 1 та мақола ЎзР ОАК раёсати томонидан тасдиқланган ҳалқаро журнал мақолаларига тенглаштирилган ҳалқаро анжуман материалларида чоп этилган.

Диссертациянинг тузилиши ва ҳажми. Диссертация таркиби кириш, 5 та боб, хулоса, фойдаланилган адабиётлар рўйхати ва иловалардан иборат. Диссертация ҳажми 97 бетни ташкил этади.

ДИССЕРТАЦИЯНИНГ АСОСИЙ МАЗМУНИ

Кириш қисмида ўтказилган тадқиқотларнинг долзарблиги ва зарурияти асосланган, тадқиқотнинг мақсади ва вазифалари, объект ва предмети тавсифланган, республика фан ва технологиялари ривожланишининг устувор йўналишларига мослиги кўрсатилган, тадқиқотнинг илмий янгилиги ва амалий натижалари баён қилинган, олинган натижаларнинг илмий ва амалий аҳамияти очиқ берилган, тадқиқот натижаларини амалиётга жорий этиш, нашр этилган ишлар ва диссертация тузилиши бўйича маълумотлар келтирилган.

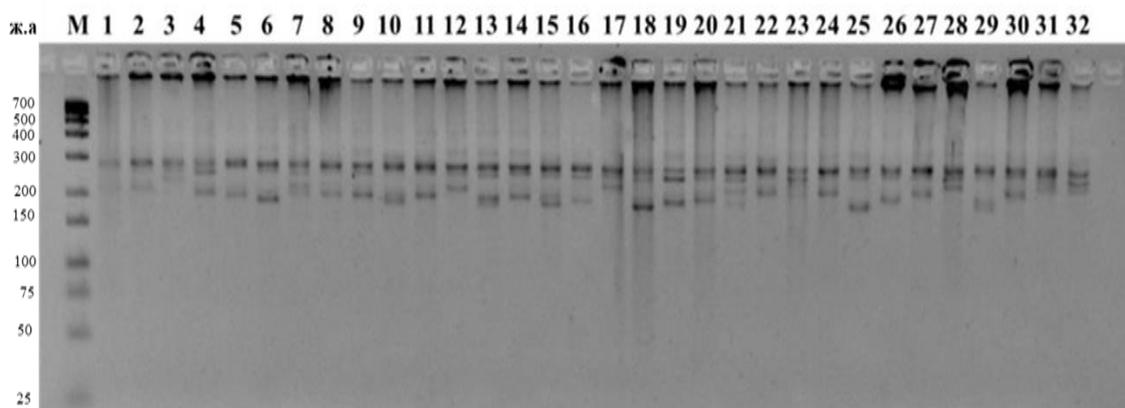
Диссертациянинг **«Қишлоқ хўжалик экинларини молекуляр-генетик идентификация қилиш»** деб номланган биринчи бобида диссертация мавзуси доирасида хорижий ва республика олимлари томонидан қишлоқ хўжалик экинлари генетик хилма-хиллигини ўрганишда молекуляр маркерларнинг ролини аниқлаш ва улар орқали олиб борилаётган тадқиқотларнинг ишончлилигини тасдиқлаш, тадқиқот объектини тўғри танлаш, уларнинг хилма-хиллигини аниқлаш ва қимматли хўжалик белгиларини назорат қилиш бўйича шарҳлар келтирилган. Айниқса, дунё олимлари томонидан замонавий технология ва усуллар асосида дунёдаги барча ўсимлик турлари учун ДНК-баркодларнинг универсал кутубхонасини барпо этиш усуллари ва уларнинг афзалликлари алоҳида ёритиб берилган. Шунингдек, ушбу бобда ДНК-маркерлар ёрдамида буғдой навларининг генетик хилма-хиллигини аниқлаш усуллари ва уларнинг афзалликлари келтириб ўтилган.

«Тадқиқот манбалари, материаллари ва услублари» деб номланган диссертациянинг иккинчи бобида тажриба олиб бориш жойи ва шароити, олиб борилган тадқиқотларнинг манбаи ва унинг тавсифлари, тадқиқот ўтказиш услублари, лаборатория ва дала шароитида фенотипик ва молекуляр усулларни амалга ошириш борасидаги ишлар, олинган натижаларни таҳлил қилишда қўлланилган статистик услублар каби маълумотлар баён қилинган. Дала тажрибалари 2019-2020-йиллар мобайнида Геномика ва биоинформатика маркази лабораториясида ва “Махсус уруғчилик хўжалиги”да олиб борилганлиги келтирилган.

Диссертациянинг **«Буғдой навларининг морфо-биологик белгилари, хилма-хиллиги ва барқарорлигини баҳолаш»** деб номланган учинчи бобида маҳаллий буғдой навларининг навдорлик хусусияти, морфо-биологик ва сифат кўрсаткичларини ўрганиш мақсадида мазкур нав намуналари икки йил давомида Геномика ва биоинформатика марказининг дала тажриба майдонига экиб тадқиқ қилинганлиги, NCSS дастурининг дисперсион таҳлил усулларида фойдаланилган ҳолда навлардаги тадқиқ қилинган белгилар бўйича олинган натижаларнинг статистик жиҳатдан ўрганилганлиги келтириб ўтилган. Унга кўра, морфобиологик, агрономик ва сифат кўрсаткичлари таҳлили учун ҳар бир навдан 10 донадан ўсимлик белгилаб олинган ва

фенотипик кузатув ишлари олиб борилган. Бунда, намуналардаги вегетация даври, ўсимликнинг бўйи, бошоқ узунлиги, бошоқчалар сони, 1000 дон дон вазни ҳамда дон натураси, шунингдек оқсил ва клейковина миқдори каби агрономик ва сифат кўрсаткичлари таҳлил қилинганлиги кенг ёритилган.

Тўртинчи боб “Маҳаллий буғдой навларининг генотипик таҳлиллари асосида полиморфизм даражасини аниқлаш” деб номланган бўлиб, ушбу бобда тадқиқот учун танланган намуналар ўртасидаги генетик полиморфизмни аниқлаш мақсадида SSR-маркерлар тўпламидан фойдаланиб, амалга оширилган ПЗР-таҳлиллари баён этилган (1-расмга қаранг).



1-расм. Полиморфлик даражаси юқори бўлган WMC522 праймери ёрдамида амалга оширилган тадқиқот намуналарининг ПЗР-таҳлили электрофореграммаси. М- молекуляр оғирлик маркери; 1-Чиллаки, 2-Ёнбош, 3-Жайхун, 4-Тезпишар, 5-Истиқлол-6, 6-Хисорак, 7-Шамс, 8-Хазрати Башир, 9-Давр, 10-Оқбуғдой, 11-Аср, 12-Ғазгон, 13- Андижон-1, 14-Яксарт, 15-Санзор-6, 16-Муфтало, 17-Омад, 18-Бахмал-97, 19-Дўстлик, 20-Азиз, 21-Туркистон, 22-Барака, 23-Навбахор, 24-Бунёдкор, 25-Дурдона, 26-Ёғду, 27-Андижон-4, 28-Шодлик, 29-Андижон-2, 30-Бобур, 31-Эломон, 32-Фаровон.

Буғдой намуналарида молекуляр тадқиқотлар олиб бориш орқали маркерлар полиморфизми билан локусдаги аллеллар сонининг ўзаро боғлиқлиги таҳлил қилинган.

SSR-маркерлар тўпламидан тўлиқ амплификация бўлганлари тадқиқот ишларини давом эттириш учун ажратиб олинди. Бунга кўра жами 144 та маркерларнинг 97 таси тўлиқ амплификацияга эга эканлиги кузатилди. Ушбу амплификацияга эга маркерлардан полиморф ва мономорф маркерлар сони ҳамда барча тўпламдаги маркерларга тегишли аллеллар сони аниқланди. ПЗР-таҳлиллари натижаларига кўра, ушбу SSR-маркерларнинг 66 таси полиморф ва 27 таси мономорф эканлиги ҳамда қолган 47 таси эса ПЗР-маҳсулотини тўлиқ ёки қисман намоён этмаганлиги аниқланди. Генотиплаш натижаларига кўра, амплификация бўлган жами 97 та маркерлар тўплами бўйича аллеллар сони 267 тани ташкил қилди (1-жадвалга қаранг).

Тадқиқот намуналарида танланган микросателлит маркерлар тўпламидаги CFA, CFD, GPW, PSP ва WMC маркер тўпламлари қолган маркерлар тўпламига нисбатан юқори полиморфизмни намоён этди. Ушбу генотипик маълумотлар асосида маҳаллий буғдой навларининг генетик хилма-хиллиги ва полиморфизм даражалари ўрганилди.

1-жадвал

Тадқиқот учун танланган маркерлар тўплами ва улар ёрдамида амплификацияланган аллеллар миқдори

SSR-маркерлар тўпламлари	Жами маркерлар	Амплификацияга эга бўлмаган маркерлар	Амплификацияга эга маркерлар	Полиморф маркерлар	Мономорф маркерлар	Тўплам бўйича аллеллар
BARC	25	1	24	16	8	55
GDM	3	0	3	2	1	5
CFA	4	0	4	4	0	17
CFD	7	0	7	5	2	16
GPW	5	0	5	5	0	16
PSP	1	0	1	1	0	3
WMC	45	22	23	17	6	91
WMS	54	24	30	16	14	64
Жами	144	47	97	66	31	267

Шунингдек, ушбу тадқиқотда буғдой навларини туричи даражасида молекуляр баҳолашда PIC (*ингл.* Polymorphic information content – полиморфизм ахборот таркиби,) ҳамда HE (*ингл.* Heterozigosity – гетерозиготалик) ўлчови ва NE (*ингл.* number of effective alleles – самарали аллеллар сони) каби баъзи қийматлари аниқланди (2-жадвалга қаранг).

-жадвал

Тадқиқот намуналарини туричи даражасида молекуляр баҳолашда PIC, HE ҳамда ва NE билан боғлиқ баъзи қийматлар

№	Маркер номи	Аллеллар сони	Аллел ўлчами	PIC	HE	NE	Ишчи харорат (°C)	Хромосомадаги ўрни
1	BARC181	9	155-286	0,85	0,86	7,1	62,40	1B,7B
2	WMC44	9	134-216	0,83	0,847	6,5	68,15	1B
3	WMC522	12	102-94	0,83	0,846	6,5	57,16	2A,3D
4	WMC407	7	223-78	0,82	0,838	6,2	65,87	2A
5	WMC453	7	148-206	0,81	0,835	6,1	54,14	2A
6	WMS294	7	168-196	0,78	0,807	5,2	66,29	2A
7	WMS495	6	155-181	0,78	0,797	4,9	66,75	4B
8	CFA2201	4	161-208	0,71	0,75	4	67,15	2B
9	CFD76	4	114-176	0,69	0,747	4	66,62	6D
10	WMC367	5	188-216	0,69	0,746	3,9	68,16	6B
11	WMS11	6	166-188	0,71	0,745	3,9	64,52	1A,1B
12	WMC314	6	150-200	0,62	0,724	3,6	67,07	2B
13	WMS443	4	166-253	0,68	0,717	3,5	46,84	5A,5B
14	WMS291	5	153-319	0,63	0,7	3,3	53,97	5A
15	CFA220	7	186-227	0,54	0,695	3,3	58,36	2A,2B
16	BARC1138	4	145-172	0,65	0,694	3,3	59,66	2D
17	WMC74	4	237-275	0,61	0,687	3,2	62,4	4D
18	WMS349	4	108-274	0,54	0,687	3,2	66,92	2D
19	WMS301	4	209-277	0,66	0,681	3,1	55,6	2D
20	WMC397	6	126-190	0,64	0,681	3,1	64,52	6B,7B
21	WMS261	4	184-215	0,59	0,678	3,1	68,96	2D
22	GPW2181	3	154-270	0,58	0,662	3	66,35	5A,6A
23	WMC382	6	120-171	0,62	0,657	2,9	67,36	2A

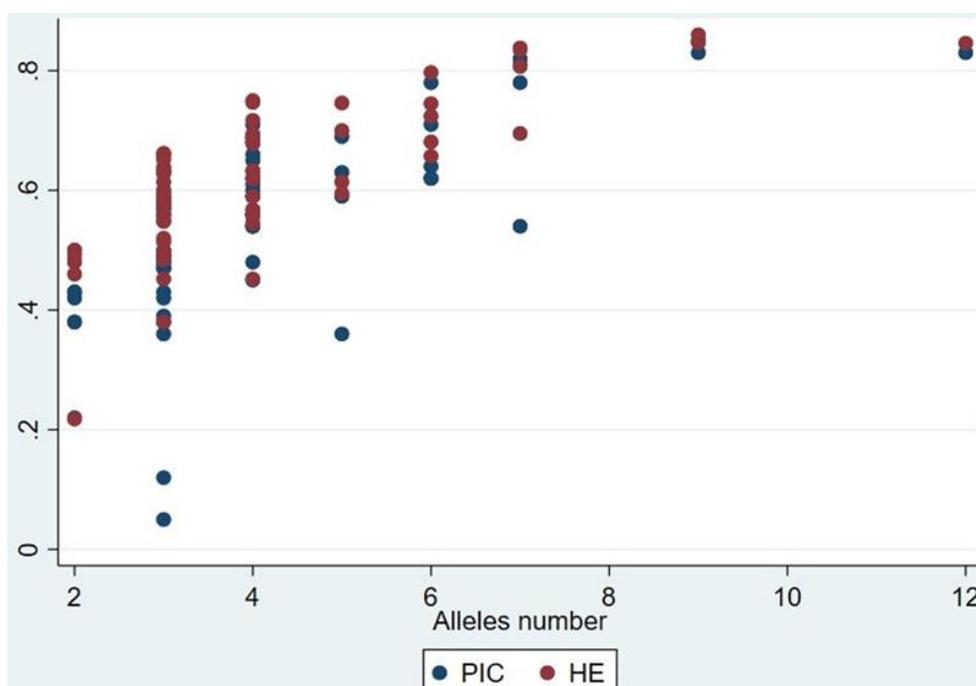
2-жадвалнинг давоми

№	Маркер номи	Алеллар сони	Алел ўлчами	PIС	HE	NE	Ишчи харорат (°C)	Хромосомадаги ўрни
24	WMC382	6	120-171	0,62	0,657	2,9	67,36	2A
25	WMS484	3	195-226	0,57	0,652	2,9	56,71	2D
26	WMS512	3	124-141	0,49	0,639	2,8	65,83	2A
27	BARC74	3	140-154	0,59	0,633	2,7	66,59	5B
28	BARC32	4	166-219	0,59	0,633	2,7	69,46	7B
29	CFD36	4	122-235	0,62	0,632	2,7	67,65	2A,2D
30	BARC228	3	178-504	0,6	0,631	2,7	68,12	2D
31	WMS296	3	111-126	0,47	0,628	2,7	49,31	7D
32	GPW3032	4	250-65	0,6	0,62	2,6	54,59	2B
33	BARC240	4	235-277	0,54	0,619	2,6	66,35	1B
34	WMS16	5	156-228	0,59	0,614	2,6	52,53	2B
35	BARC212	3	205-238	0,43	0,614	2,6	58,68	2A
36	WMC59	3	173-222	0,49	0,597	2,5	66,04	1A,1B
37	WMC486	5	150-343	0,36	0,595	2,5	54,62	6B
38	GPW2203	4	171-235	0,56	0,59	2,4	55,47	2D
39	BARC176	3	166-207	0,36	0,586	2,4	57,38	7B
40	CFA2040	3	269-285	0,42	0,579	2,4	64,12	7A,7B
41	BARC236	3	184-218	0,55	0,575	2,4	57,21	4A
42	WMC341	4	126-216	0,56	0,568	2,3	66,22	6B
43	BARC206	4	108-327	0,48	0,567	2,3	69,74	3B,4A,6A
44	CFA2149	3	233-249	0,5	0,56	2,3	56,03	4B,5A
45	BARC175	3	166-176	0,48	0,559	2,3	68,36	6D
46	WMC419	4	138-284	0,56	0,557	2,3	60,7	1B,4B,6B
47	GPW4043	3	109-157	0,49	0,548	2,2	67,54	2B
48	CFD73	4	121-216	0,54	0,545	2,2	67,24	2B,2D
49	WMC41	3	193-210	0,12	0,52	2,1	68,98	2D
50	WMS539	3	167-189	0,48	0,514	2,1	66,22	2D
51	CFD233	2	288-304	0,38	0,5	2	55,73	2D
52	GDM33	2	154-200	0,38	0,5	2	57,3	1A,1B,1D
53	WMC626	3	121-99	0,47	0,499	2	67,31	1B
54	GDM35	3	226-266	0,05	0,497	2	68,34	2D
55	WMS513	2	110-117	0,42	0,494	2	54,33	4B
56	PSP3000	3	229-299	0,47	0,484	1,9	54,8	1B
57	CFD267	2	285-305	0,43	0,484	1,9	69,13	2A,2B,2D
58	BARC1064	2	130-134	0,43	0,48	1,9	60,04	2B
59	BARC275	2	364-372	0,43	0,46	1,9	59,75	7A
60	WMC499	4	220-247	0,45	0,452	1,8	69,01	2D
61	BARC182	3	64-83	0,39	0,452	1,8	70,11	7B
62	WMC727	3	100-252	0,38	0,38	1,6	55,73	5A
63	GPW4496	2	118-125	-0,33	0,358	1,6	67,65	7D
64	WMS577	3	145-191	-0,79	0,265	1,4	63,43	7B
65	WMS18	2	205-212	0,22	0,218	1,3	53,84	1B,6D
66	BARC187	2	247-268	-1,39	0,126	1,1	66,01	1B

Полиморфизм намоён этган маркерлар 2 тадан 12 тагача бўлган аллелларни амплификация қилганлиги кузатилди. Хусусан, энг кўп аллель амплификацияси WMC522 маркериди (12 та) ва энг ками эса BARC187 маркериди (2 та) эканлиги маълум бўлди. SSR-маркерларнинг PIС қиймати 0,22 (WMS18) дан 0,85 (BARC181) гача кузатилиб, барча маркерлар учун эса уларнинг ўртача қиймати 0,51 ни ташкил этди. Ўз навбатида, тадқиқот намуналари ўртасидаги генетик хилма-хилликни баҳолашда маркерларнинг He қиймати ҳам аниқланди. Унга кўра, маркерларнинг He қиймати 0,12

(BARC187) ва 0,86 (BARC181) оралиғида бўлиб, ўртача 0,57 га тенг эканлиги кузатилди (2-жадвалга қаранг).

Тўртинчи бобнинг иккинчи бўлимида буғдой намуналарида молекуляр тадқиқотлар олиб бориш, генетик муносабатларни аниқлаш мақсадида танланган маркерлардаги аллеллар сони ўрганилган. Бунга кўра, аллеллар сони 2 тадан 9 тагача эканлиги аниқланди. 2 тагача бўлган аллеллар сони 12 та маркерда кузатилди. 3 та аллелга эга бўлган маркерлар сони 24 тани ташкил этган бўлса, 23 та маркер 4 тадан аллелга эга эканлиги кузатилди. 5 та аллелга эга маркерлар 7 тани, 6 тагача аллели мавжуд маркерлар 5 тани ташкил этган бўлса, атига битта маркер 7 та аллелга эга эканлиги аниқланди. Умуман, ушбу маркерларнинг аксарияти 3 тадан 4 тагача аллелга эга бўлиб, бу маркерлар 0,3 дан 0,7 NE қийматда келганлигини кўрсатди (2-расмга қаранг).

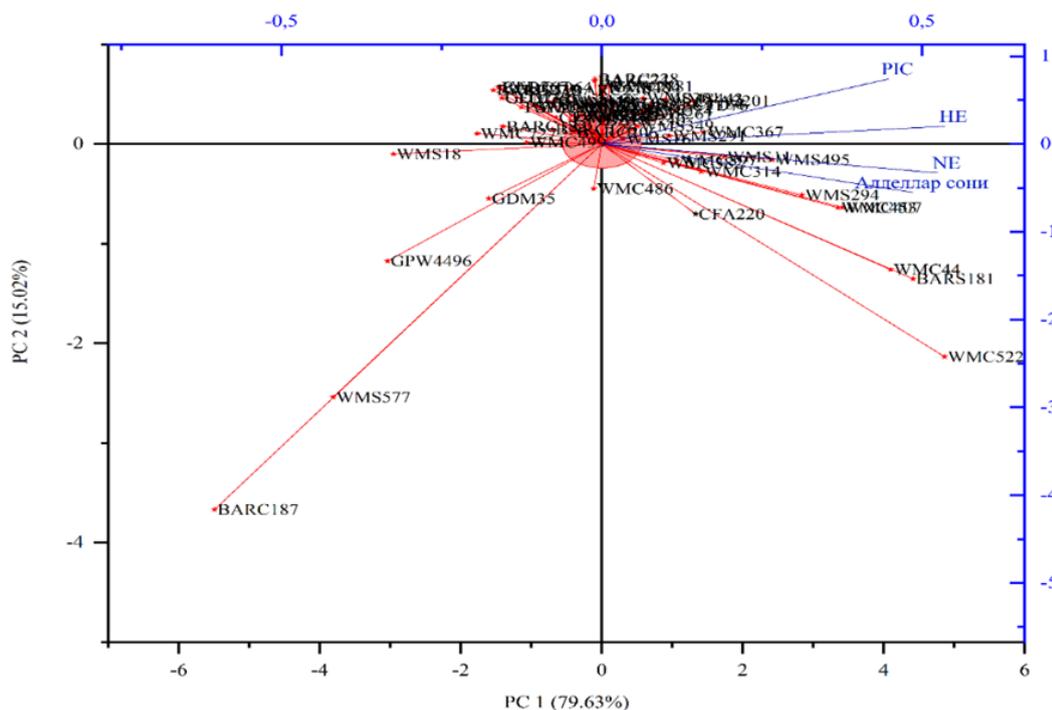


2–расм. Маркерлар полиморфизми билан локусдаги аллеллар сонининг ўзаро боғлиқлиги

Тадқиқот объекти сифатида танланган буғдой намуналарида юқори полиморфизм намоён этган. Ушбу маркерлардан молекуляр тадқиқотларда кенгрок фойдаланиш имкониятига эга эканлигини кўрсатади.

Танланган маркерларнинг NE қиймати (самарали аллеллар сони) асосий кўрсаткичлардан бири бўлиб, ушбу кўрсаткич буғдой навларидаги бир-бирига нисбатан тафовутини очиб берилишини таъминлайди. Самарали аллеллар сонига эга маркерлар навларнинг аллеллар ўлчами бўйича фарқлигини аниқлаб бериш имкониятига эга ҳисобланади. Бунда, маркерларнинг самарали аллеллар сони 3 ва ундан юқори ($NE \geq 3$) бўлса, навлар ўртасидаги хилма-хиллик ҳам юқори бўлади.

Статистик таҳлил натижаларига мувофиқ, тадқиқот учун танланган микросателлитлар полиморфизми хилма-хиллиги бўйича 4 гуруҳга бўлинди (3-расмга қаранг).



3-расм. SSR-маркерларнинг самарали аллеллар сони.

Биринчи гуруҳ ўз ичига 5 та маркерни олиб, буларнинг 3 тасида PIC қиймати 0 га тенг эканлиги ва 2 тасида эса 0,16 ва 0,17 қийматга эга эканлиги аниқланди. Ушбу маркерлар танланган намуналар бўйича кейинги таҳлилларда молекуляр идентификация қилишга тавсия этилмайди. Чунки, фойдаланилган тадқиқот намуналарида ушбу маркерлар мономорф ёки полиморфизм даражаси ўта паст эканлиги аниқланди.

Иккинчи гуруҳдан 20 та микросателлит маркерлари жой олган бўлиб, уларнинг PIC қиймати 0,28 дан 0,5 гача эканлиги кузатилди. Тадқиқот учун танланган намуналарни ушбу иккинчи гуруҳ маркерлар ёрдамида идентификация қилиш мумкин. Бунда, уларнинг қайси хромосомада жойлашганлиги, қайси геном худудига тегишли эканлиги ва қайси белги билан бирикканлигини эътиборга олиш лозим бўлади.

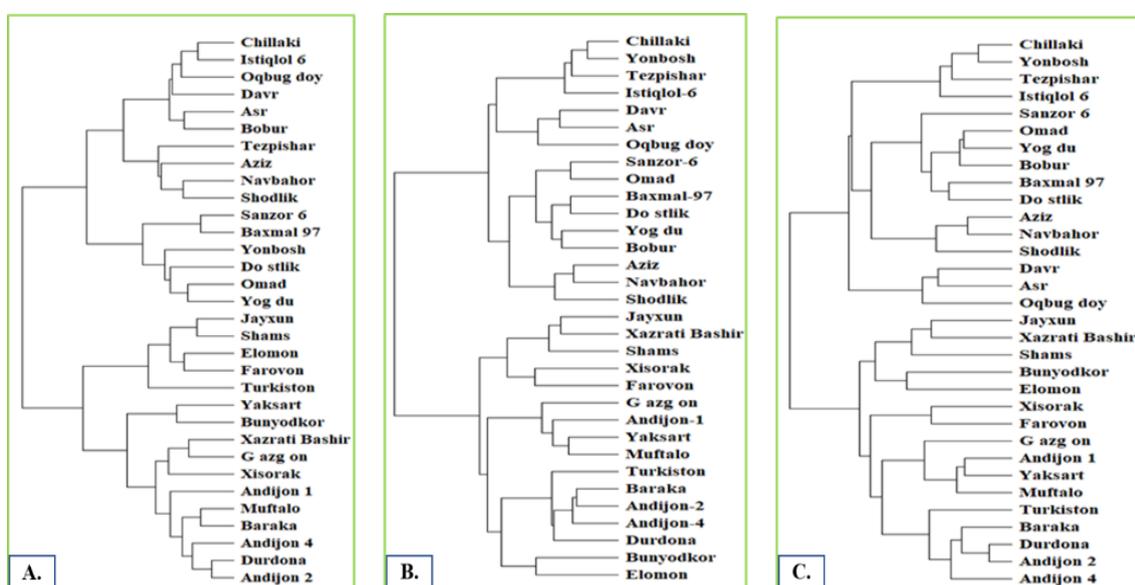
Учинчи гуруҳ эса 38 та микросателлит маркерни ўз ичига олиб, уларнинг PIC қиймати 0,49 дан 0,66 га тенг эканлиги қайд этилди. Ушбу маркерлар юқори полиморфизмга эга бўлиб, тадқиқот намуналарининг генетик хилма-хиллигини аниқлаш ва янги селекцион тадқиқотлар учун манбаларни тўғри танлаш имконини беради.

Энг юқори полиморфлик хусусиятига эга бўлган тўртинчи гуруҳ таркиби эса 12 та микросателлит маркердан иборат бўлганлиги аниқланди. BARS181, WMC522, WMC407, WMS18, CFA2201, WMS294, CFD76, WMC73, WMC486, CFA220, WMC314 ва WMS495 маркерлари танланган маркерлар орасида юқори полиморфизмга эга эканлиги билан ажралиб турди. Бу маркерларнинг PIC қиймати 0,74 дан 0,85 гача етганлиги кузатилди. Ушбу маркерлар навларнинг генетик муносабатларини, хусусан, ўзаро яқин ёки узоқлигини аниқлашда, ДНК-паспортини ишлаб чиқишда ва янги селекцион тадқиқотлар учун намуналарни тўғри танлашда ишончли маркер эканлиги

тасдиқланди.

Диссертациянинг бешинчи боби “Маҳаллий буғдой навларининг генотипик полиморфизми асосида филогенетик муносабатларни аниқлаш” деб номланди ва бу бобда маҳаллий буғдой нав намуналарининг ўзаро генетик полиморфизми маълумотлари асосида уларнинг генетик қариндошлик даражаси (филогенетик шажараси) тузилиб, навларнинг филогенетик дарахтдаги жойлашув ўрни аниқланганлиги бўйича таҳлил натижалари батафсил ёритилди.

Бунда, ушбу намуналарнинг уч хил кўринишдаги, яъни полиморфизмга эга жами 66 та маркерлар, самарали аллеллар сонига эга бўлган 22 та ва 6 та микросаттеллит маркерлар билан уларнинг филогенетик дарахти тузилди (4-расмга қаранг).

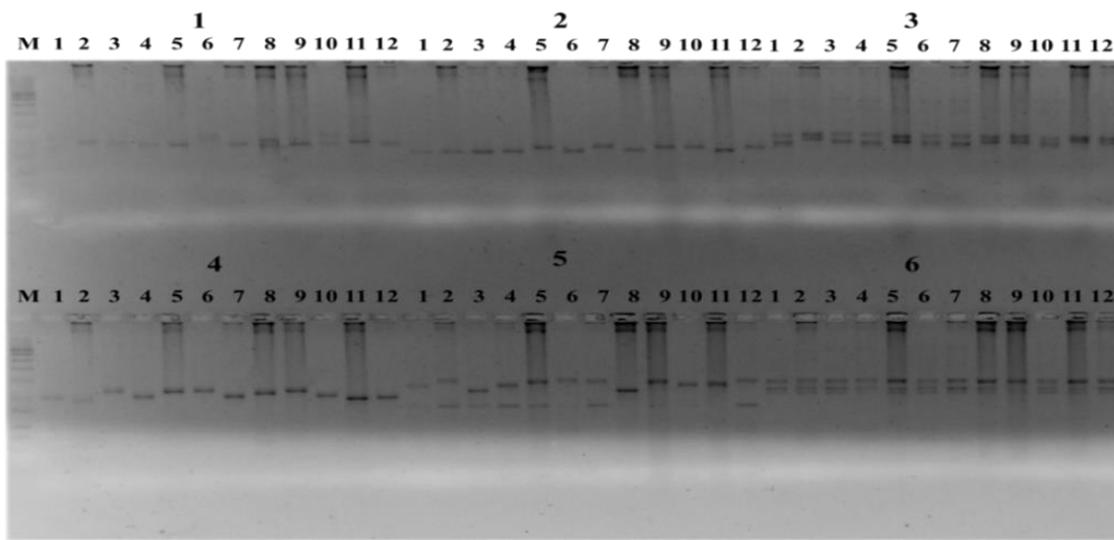


4-расм. Тадқиқот намуналарининг филогенетик дарахти. А. – 66 та маркер асосида. В. – 22 та маркер асосида. С. – 6 та маркер асосида.

Ушбу 66 та маркер ёрдамида тузилган филогенетик дарахт назорат сифатида қабул қилиниб, кейинги филогенетик муносабатлар ўрганиб борилди. Бунда, ҳар бир филогенетик дарахтнинг тузилишида маркерлар сони биттага қисқартирилди. Биринчи навбатда, полиморфизм даражаси паст бўлган маркерлар гуруҳдан чиқариб борилди. Бу жараён уларнинг филогенетик шакли ўзгаргунга қадар давом эттирилди. Ушбу намуналарнинг филогенетик дарахти то 6 тага етгунга қадар асосий гуруҳларда ўзгаришлар кузатилмади. Маркерлар сони 5 тага етганида филогенетик муносабатлар кескин ўзгарганлиги кузатилди.

Буғдой генетик паспорти учун танлаб олинган самарали аллеллар сонига эга бўлган SSR-маркерлар тўпламини текшириш мақсадида Ўзбекистон селекциясига мансуб – Оқмарварид, Эъзоз, Бардош, Сурхак навлари ҳамда Россия селекциясига мансуб – Аликсеич, Краснодарская-99, Гром, Таня, Зимница навлари танлаб олинди. Улар учун назорат нав сифатида генетик

жиҳатдан бир-биридан узоқ масофада жойлашган Аср ва Хисорак навлари танлаб олиниб, баркодлаш учун энг мақбул бўлган 8 та SSR-маркерлар (BARC181, WMC44, WMC407, WMC522, WMC453, WMS294, CFA2201, CFD76) ёрдамида молекуляр тадқиқотлар олиб борилди (5-расмга қаранг). Ушбу кам сонли микросателлит маркерларни верификация қилишдан асосий мақсад Ўзбекистонда етиштириладиган исталган навларда молекуляр таҳлиллар олиб борилганда ҳам полиморфизм намоеън эта олиш қобилиятига эга эканлигини текширишдан иборат.

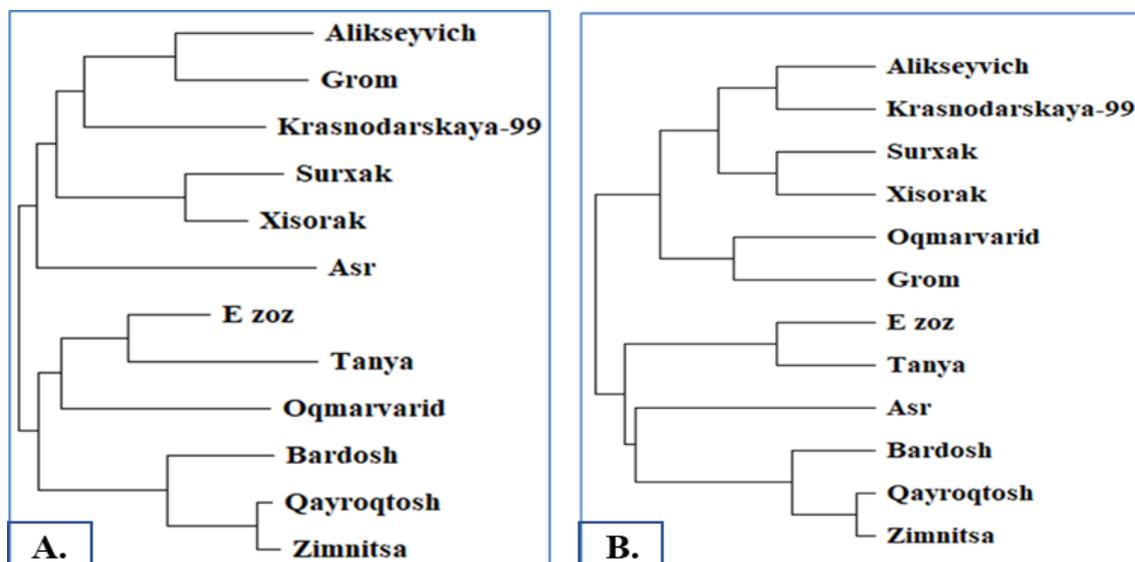


5-расм. Тадқиқот намуналарининг самарали аллеллар сонига эга бўлган 6 та SSR-маркерлар ёрдамида амалга оширилган ПЗР-таҳлили электрофореграммаси. М- молекуляр оғирлик маркери; 1-Аликсеич, 2-Оқмарварид, 3-Эъзоз, 4-Краснодарская-99, 5-Қайроқтош, 6-Гром, 7-Бардош, 8-Таня, 9-Зимница, 10-Сурхак, 11-Аср, 12-Хисорак.

Олинган генотипик маълумотлар асосида буғдой навларининг “илдиз”га (root) эга бўлган филогенетик дарахти тузилди (6-расмга қаранг). Самарали аллеллар сонига эга бўлган 6 та SSR-маркерлар ёрдамида тузилган филогенетик дарахтда навлар асосий икки ва кичик 4 та субгурухга бўлинганлиги кузатилди. Икки асосий гуруҳнинг ҳар бири 6 тадан навларни ўз ичига олди. Биринчи субгурухда – Аликсеич, Гром, Краснодарская-99, Сурхак ва Хисорак навлари жой олган бўлса, иккинчи субгурухдан фақатгина Аср нави ўрин олди. Учинчи субгурухда – Эъзоз, Таня ва Оқмарварид навлари ҳамда охирги, тўртинчи субгурухда – Бардош, Қайроқтош ва Зимница навлари жойлашди. Ушбу буғдой навлари ўртасидаги генетик масофани янада ишончли очиб бериш мақсадида, 2 та микросателлит маркерларни қўшиш орқали кейинги филогенетик дарахт шакллантирилди.

Бунда, 8 та SSR-маркерлар ёрдамида тузилган филогенетик дарахтда ҳам навлар асосий икки ва кичик 4 та субгурухга бўлинди. Икки асосий гуруҳнинг ҳар бири 6 тадан навларни ўзида тутганлиги аниқланди. Биринчи субгурухдан – Аликсеич, Краснодарская-99, Сурхак ва Хисорак навлари жой олган бўлса, иккинчи субгурухда – Оқмарварид ва Гром навлари ўрин олганлиги маълум бўлди. Учинчи субгурухдан – Эъзоз ва Таня навлари ҳамда охирги тўртинчи субгурухда – Аср, Бардош, Қайроқтош ва Зимница навлари жойлашди. Ушбу

филогенетик дарахт, 6 та SSR-маркер асосида тузилган филогенетик дарахтга таққосланганда асосий гуруҳларда Окмарварид нави кейинги гуруҳга ўтганлиги, субгуруҳларда Гром навининг ўзгарганлиги ва алоҳида ажралган Аср нави тўртинчи субгуруҳга кўчганлиги аниқланди.



6-расм. SSR-маркер верификацияси. **А.** – 6 та маркер асосида. **В.** – 8 та маркер асосида.

Бундан кўриниб турибдики, самарали аллеллар сонига эга бўлган 22 та SSR-маркерлар ҳар қандай буғдой навлари ўртасидаги тафовутни кенг очиб бериш иконини беради.

Бешинчи бобнинг “Тадқиқот намуналарининг генетик паспортини ишлаб чиқиш” деб номланган бўлимида маҳаллий буғдой навларига генетик паспорт бериш мақсадида самарали аллеллар сони 3 ва ундан юқори бўлган 22 та микросателлит маркерлар танлаб олиниб, уларнинг қуйидаги кўринишда (3-жадвалга қаранг) шакллантирилган генетик паспортлари ҳақида маълумотлар келтирилди.

3-жадвал

Дўстлик буғдой навининг генетик паспорти

Праймер	Ўлчам (ж.а.)
BARS18 1	175
WMC44	257
WMC522	237, 216, 155
WMC407	141, 110
WMC453	206, 168
WMS294	85

Праймер	Ўлчам (ж.а.)
CFA2201	208, 171
CFD76	176, 125
WMC367	141
WMS11	212
WMS495	167, 159

Праймер	Ўлчам (ж.а.)
WMC314	206, 185
WMS443	126
WMS291	115
CFA220	286, 224, 200
GPW218 1	27, 200, 154

Праймер	Ўлчам (ж.а.)
BARC11 38	145
WMC74	275, 253
WMS349	253
WMS301	-
WMC397	176, 133
WMS261	185

Ҳар бир маркернинг молекуляр оғирлиги намуналарда келиши билан тартибланти ва алифбо кетма-кетлигидаги ҳарфли кўринишда кодланди. ДНК-баркодлашда ҳар бир нав учун алоҳида микросателлит маркерлар ҳарф кўринишида ва уларнинг жуфт асослари рақамли индекс кўринишида қайд этилди. Юқоридаги жадвалда келтирилган навларидан Дўстлик навининг генетик паспорти қуйидаги кўринишда изоҳланади (4-жадвалга қаранг).

4-жадвал

Дўстлик навига берилган генетик код

Номи	Навларга берилган код	Молекуляр оғирлиги (Жуфт асоси)		
Дўстлик нави	A ₇ , B ₂ , C ₄ , C ₇ , C ₁₁ , D ₃ , D ₆ , E ₁ , E ₄ , F ₅ , I ₁ , I ₃ , J ₄ , K ₂ , K ₅ , M ₁ , O ₂ , O ₆ , P ₃ , Q ₂ , R ₃ , S ₃ , Y ₂ , Y ₃ , V ₁ , V ₃	A ₇ -BARS181_167(ж.а.),	B ₂ -WMC44_257(ж.а.),	C ₄ -
		WMC522_245(ж.а.),	C ₇ -WMC522_216(ж.а.),	C ₁₁ -
		WMC522_166(ж.а.),	D ₃ -WMC407_141(ж.а.),	D ₆ -
		WMC407_117(ж.а.),	E ₁ -WMC453_206(ж.а.),	E ₄ -
		WMC453_172(ж.а.),	F ₅ -WMS294_85(ж.а.),	I ₁ -CFD76_176(ж.а.),
		I ₃ -CFD76_125(ж.а.),	J ₄ -WMC367_132(ж.а.),	K ₂ -
		WMS11_212(ж.а.),	K ₅ -WMS11_191(ж.а.),	M ₁ -
		WMS443_153(ж.а.),	O ₂ -CFA220_272(ж.а.),	O ₆ -
		CFA220_200(ж.а.),	P ₃ -BARC1138_151(ж.а.),	Q ₂ -
		WMC74_264(ж.а.),	R ₃ -WMS349_269(ж.а.),	S ₃ -
		WMS301_234(ж.а.),	Y ₂ -WMS261_185(ж.а.),	Y ₃ -
		WMS261_168(ж.а.),	V ₁ -GPW2181_270(ж.а.),	V ₃ -
		GPW2181_154(ж.а.)		

Бунда, генетик паспортнинг таркибий қисмидан иборат микросателлит маркерлар асосида ҳар бир навдаги аллеллар ўлчами, яъни жуфт асослари аниқланиб, қайд этиб борилди. Ишончлилик даражаси юқори бўлган 22 та микросателлит маркерларнинг навлардаги молекуляр оғирлиги (жуфт асослари) тўғри эканлигини текшириш мақсадида қайтадан ПЗР-таҳлиллари амалга оширилди ва такроран генотипланди. Қайта текширилган ПЗР-таҳлил натижаларига кўра, ушбу микросателлит маркерларнинг навлардаги молекуляр оғирлиги бир хил эканлиги аниқланди.

ХУЛОСАЛАР

“ДНК-баркодлаш усули ёрдамида маҳаллий буғдой навларининг генетик паспортини ишлаб чиқиш” мавзусидаги фалсафа доктори (PhD) диссертацияси бўйича олиб борилган тадқиқотлар натижасида қуйидаги хулосалар тақдим этилди.

1. Морфобиологик белгилари ва техник сифат кўрсаткичлари бўйича маҳаллий буғдой навларининг хилма-хиллиги юқори ҳамда ҳар бир нав бу белгилар бўйича барқарор ҳолатда эканлиги аниқланди.

2. Фенотипик маълумот натижаларига кўра, икки фаслли (дуварак) Баҳмал-97, Санзар-6, Эртапишар, Тезпишар ва Азиз навларининг

морфобиологик белгилари ва техник сифат кўрсаткичлари қолган навларга нисбатан паст эканлиги қайд этилди.

3. Полиморфизмга эга 66 та микросателлит маркер асосида морфологик жиҳатдан ўхшаш бўлган буғдой навларининг генетик жиҳатдан ҳам бири-бирига яқинлиги аниқланди.

4. Буғдой навлари генетик паспортини ишлаб чиқиш учун танланган 22 та маркер асосида тузилган филогенетик дарахт билан 66 та маркерлар ёрдамида шакллантирилган шажара ўртасида ўзаро мутаносиблик аниқланди. Бунда, субгуруҳларда жойлашган навлар қисман ўзгарган бўлсада, асосий гуруҳларда ўзгаришлар бўлмаганлиги боис, генетик паспортлаш учун 22 та маркернинг етарли эканлиги исботланди.

5. Генетик паспортлашда фойдаланилган микросателлит маркерлар ёрдамида Россия ва Ўзбекистон селекциясига мансуб бўлган юмшоқ буғдой навлари верификация қилиниб, фойдаланилган маркерлар самарали аллеллар сонига эга эканлиги тасдиқланди.

6. Жами 66 та ҳамда самарали аллеллар сонига эга 6 та SSR-маркерлардан фойдаланиб тузилган филогенетик дарахтлар структуравий жиҳатдан ўзаро ўхшаш эканлиги аниқланди. Бу эса, янги навларни идентификациялашда ушбу кам сонли маркерлар етарли эканлигини кўрсатиб, сарф-харажатларнинг қисқаришига эришилди.

7. Самарали аллеллар сонига эга бўлган 22 та (BARC181, WMC44, WMC522, WMC407, WMC453, WMS294, WMS495, CFA2201, CFD76, WMC367, WMS11, WMC314, WMS443, WMS291, CFA220, BARC1138, WMC74, WMS349, WMS301, WMC397, WMS261, GPW2181) SSR-маркерлар орқали навларнинг ҳар бири учун алоҳида генетик паспорт ишлаб чиқилди.

8. Маҳаллий буғдой навларининг микросателлит маркерлар ёрдамида ишлаб чиқилган генетик паспорти Геномика ва биоинформатика маркази веб сайтига жойланди ҳамда нав муаллифлари ва оригинаторларига тақдим этилди.

9. Маҳаллий буғдой навларининг генетик хилма-хиллигини, юқори ҳарорат, қурғоқчилик ва занг касалликларига чидамлилигини баҳолаш бўйича полиморфизм қийматига эга бўлган 62 та SSR-маркерлар кейинги тадқиқотларда қўллаш учун тавсия этилди.

**НАУЧНЫЙ СОВЕТ DSc.02/30.12.2019. В.53.01 ПО ПРИСУЖДЕНИЮ
УЧЕНЫХ СТЕПЕНЕЙ ПРИ ИНСТИТУТЕ ГЕНЕТИКИ И
ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ**

ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ

НОРБЕКОВ ЖУРАБЕК КУШБОКОВИЧ

**РАЗРАБОТКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПАСПОРТОВ МЕСТНЫХ СОРТОВ
ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ МЕТОДА ДНК-БАРКОДИРОВАНИЯ**

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

**АВТОРЕФЕРАТ ДИССЕРТАЦИИ ДОКТОРА ФИЛОСОФИИ (PhD) ПО
БИОЛОГИЧЕСКИМ НАУКАМ**

ТАШКЕНТ – 2023

Тема диссертации доктора философии (PhD) зарегистрирована в Высшая аттестационная комиссия при Министерстве высшего образования, науки и инноваций Республики Узбекистан за номером В2019.2. PhD/В352.

Диссертационная работа выполнена в Центре Геномики и биоинформатики.

Автореферат диссертации на трех языках (узбекский, русский, английский (резюме)) размещён на веб-странице Научного совета (www.genetika.uz) и информационно-образовательном портале «ZiyoNet» (www.ziyo.net).

- Научный руководитель:** **Кушанов Фахриддин Ньматуллаевич**
доктор биологических наук, профессор
- Официальные оппоненты:** **Адилов Бахтиёр Шухратович**
доктор биологических наук, старший научный сотрудник
- Джабборов Иброхим Шодманович**
доктор биологических наук, профессор
- Ведущая организация:** **Научно-исследовательский институт генетических ресурсов растений**

Защита диссертации состоится **26-сентября** 2023 года **14⁰⁰** часов на заседании Научного совета DSc.02/30.12.2019. В.53.01 при Институте генетики и экспериментальной биологии растений (Адрес: 111208, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-юз, дом 266. Актовый зал Института генетики и экспериментальной биологии растений. Тел.: (+99871) 264-23-90; факс (+99871) 264-23-90; e-mail: igebr@academy.uz).

С диссертацией можно ознакомиться в информационно-ресурсном центре Института генетики и экспериментальной биологии растений (зарегистрировано за №_). Адрес: 111208, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-юз, дом 266. Тел.: (+99871) 264-23-90.

Автореферат диссертации разослан «___» _____ 2023 года
(реестр протокола рассылки №_ от «___» _____ 2023 года).

А.А. Нариманов

Председатель научного совета по присуждению учёных степеней, д.с.х.н., профессор

И. Дж. Курбанбаев

Ученый секретарь научного совета по присуждению учёных степеней, д.б.н., профессор

С.К. Бабоев

Председатель научного семинара при научном совете по присуждению учёных степеней, д.б.н., профессор

ВВЕДЕНИЕ (Аннотация диссертации доктора философии (PhD))

Актуальность. Пшеница является одной из основных зерновых культур для 35 процентов населения мира, и этот вид культуры покрывает 240 миллионов гектаров обработанных земель. Изучение генетического разнообразия сортов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) может дать важную информацию о ее потенциале для селекционных целей. Ежегодно селекционерами создаются и вводятся в коммерческое использование сотни новых сортов. В связи с ограниченностью селекционных ресурсов в селекции число таких сортов пшеницы быстро растет. Это приводит к совместимости сортов на семенном рынке. С распространением новых подобных или близкородственных сортов пшеницы все большее значение приобретают процессы регистрации сортов, сертификации и защиты авторских прав селекционеров. ДНК-баркодирование является средством оперативной идентификации вида, генетической идентификации различных сортов и линий, предотвращения незаконного распространения перспективного селекционного материала.

В мировой практике ДНК-маркеры в основном используются при индивидуальной паспортизации объектов лесного и сельскохозяйственного хозяйства, в том числе молекулярные маркеры для высокоуровневого описания полиморфизма между сортами и проводятся научные исследования, по оценке общих генетических характеристик. В связи с этим, большое внимание уделяется широкому использованию метода ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) при определении сходства/отдаленности генотипов разных сортов пшеницы с целью идентификации, различения и сертификации межсортового полиморфизма, использования полимеразной цепной реакции для создания многомерных спектров микросателлитных последовательностей, генетического разнообразия, филогении и молекулярному маркированию геномов злаков.

В Республике на основе генетических исследований местных сортов пшеницы достигаются определенные успехи по определению разнообразия селекционного материала, изучению их филогенетических связей инвентаризацию и по генетическому паспортизации. Сортов в стратегии развития Нового Узбекистана на 2022-2026 годы поставлены задачи¹ «увеличить доходы крестьян и фермеров не менее чем в 2 раза, довести ежегодный прирост сельского хозяйства не менее чем до 5%» за счет интенсивного развития сельского хозяйства на научной основе. При решении этих задач важно создать сорта, устойчивые к абиотическим и биотическим стрессовым факторам и способные адаптироваться к условиям окружающей среды, путем разработки индивидуальных генетических паспортов сельскохозяйственных культур. Данное диссертационное исследование в определенной степени служит выполнению задач, предусмотренных в

¹ Указ Президента Республики Узбекистан, от 28.01.2022 г. № УП-60 “Стратегии развития Нового Узбекистана на 2022 — 2026 годы”

Постановлении Президента Республики Узбекистан ПП №3683 «О мерах по коренному усовершенствованию системы семеноводства в Республике Узбекистан»², где в II-пункте 6–абзаца отмечены задачи по «проведению полной инвентаризации сельскохозяйственных культур в нашей стране, их молекулярной генетическую паспортизацию (ДНК-баркодирование)» а также, осуществлению их включения в список международного союза «защита новых сортов растений (англ. Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV)) позволявшего защиты селекционных достижений страны» а также Постановлении Президента Республики Узбекистан ПП №4899 «О комплексных мерах по развитию биотехнологий и усовершенствованию системы обеспечения биологической безопасности страны»³ в приложении 2 «Программа осуществления приоритетных научно-исследовательских работ, выполняемые в 2020-2024 годы в области биотехнологии», где в 15-пункте отмечена задача по «Созданию молекулярно-генетических паспортов растений».

Соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки и технологий республики. Данное исследование выполнено в соответствии с приоритетным направлением развития науки и технологий республики - V. «Сельское хозяйство, биотехнология, экология и защита окружающей среды».

Степень изученности проблемы. С помощью метода ДНК-штрихкодирования различные растения, в частности лекарственные (D.Edwards *et al.*, 2008), специи (S.Edward *et al.*, 2009), ягоды (L.Jaakola *et al.*, 2010), оливковое растение (S.Kumar *et al.*, 2011) и чайное растение (M.Y.Stoeckle *et al.*, 2011), а также многие другие виды растений были идентифицированы с хорошими результатами. Разработаны тысячи маркеры SSR (англ. Simple Sequence Repeats или микросталлит) к микростеллитным регионам генома пшеницы и включены в соответствующие базы данных (D.Y.Wang, 2017). Эти данные служат важным средством при идентификации признаков и свойств изучаемых образцов для исследователя. Микросателлитные маркеры этих областей генома широко использовались многими учеными и исследователями (T.W.A.Braukmann 2017), (G.J.Bryan 1997), (M.S.Roder 1995), (J.K.Roy 1999) для описания географического происхождения пшеницы путем анализа ее генетическое разнообразие.

Ученые мира достигли эффективных результатов в исследовании генома растений посредством применения технологии ДНК-маркеров. В частности, по идентификации генетического разнообразия пшеницы ряд ученые (A.Awad 2022), (M.J.Christiansen 2010), (Sharad Pawar 2005), (David Baum 2008), (J.Dvorak 1998), (S.Mahjourimajd 2016), (H.Zala 2014) проводили исследования и достигнуты хорошие результаты.

² Постановление Президента Республики Узбекистан, от 27.04.2018 г. № ПП-3683

³ Постановление Президента Республики Узбекистан, от 25.11.2020 г. № ПП-4899

В Узбекистане впервые И.Ю.Абдурахмонов и др., (2004) с помощью AFLP и SSR-маркеров анализированы геномы видов хлопчатника *G.barbadense* L. и *G.hirsutum* L. На основании результатов анализа установлено генетическое родство между образцами исследования и разработан их генетический паспорт. Тем не менее, до настоящего времени, не разработан генетический паспорт местных сортов пшеницы, созданные учеными-селекционерами Узбекистана.

Связь диссертационной работы с тематическими планами научно-исследовательских работ. Диссертационное исследование выполнено в рамках прикладного проекта Т.8-16 «Сравнительное изучение полиморфизма ДНК разных сортов мягкой пшеницы селекции Узбекистана с использованием микросателлитных маркеров» (2016-2017 гг.) центр Геномики и биоинформатики.

Целью исследования является анализ морфо-биологического и генетического разнообразия местных сортов пшеницы, определение филогенетических отношений между сортами и разработка индивидуальных генетических паспортов сортов на основе метода ДНК-баркодирования.

Задачи исследования:

отбор районированных и перспективных местных сортов мягкой пшеницы на основе их характеристик;

описание отобранных сортов пшеницы по их морфобиологическим особенностям, определение соответствия и стабильности характеристики на основе статистического анализа;

ПЦР-анализ и генотипирование исследуемых образцов с помощью микросателлитных маркеров;

определение генетического разнообразия и филогенетических взаимоотношений местных сортов мягкой пшеницы;

составление панели маркеров с высокой степенью полиморфизма между образцами исследования;

верификация микросателлитных маркеров, использованных при генетической паспортизации;

предоставление индивидуальных генетических паспортов сортов пшеницы авторам и оригинаторам сортов.

Объектом исследования являются сорта мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L) Омад, Ёгду, Аср, Бобур, Окбугдай, Давр, Чиллаки, Азиз, Шодлик, Навбахор, Андижан-1, Дурдона, Андижан-4, Андижан-2, Барака, Муфтало, Хисорак, Шамс, Хазрати-Башир, Гозгон, Яксарт, Туркистон, Бунёдкор, Эломон, Жайхун, Фаровон, Санзар-6, Бахмал-97, Ёнбош, Дуслик, Истиклол-6 и Тезпишар.

Предметом исследования является анализ генетического разнообразия сортов мягкой пшеницы Узбекской селекции и их филогенетических взаимоотношений и разработка индивидуальных генетических паспортов этих сортов.

Методы исследования. В диссертационном исследовании использованы основные методы молекулярной биологии, современные методы геномики

(выделение геномной ДНК, ПЦР-анализ и генотипирование), традиционные методы генетики пшеницы, а также статистика и современные методы биоинформатики.

Научная новизна исследования заключается в следующем:

на основе ПЦР скрининга местных сортов пшеницы микростеллитными маркерами установлено их генетическое разнообразие и филогенетические взаимоотношения;

составлена панель микросателлитных маркеров высокополиморфных между сортами пшеницы;

впервые разработаны генетические паспорта для местных сортов пшеницы на основе полиморфных маркеров;

на основе верификации микросателлитных маркеров с эффективными аллелями, использованными при генетической паспортизации доказано их высокий полиморфизм и в других сортах.

Практические результаты исследования заключаются в следующем:

местные сорта пшеницы генотипированы на основе микросателлитных маркеров, установлено их генетическое разнообразие и филогенетические взаимоотношения;

составлена панель маркеров с высоким полиморфизмом и на их основе разработан генетический паспорт каждого сорта;

индивидуальные генетические паспорта сортов пшеницы представлены авторам и оригинаторам сортов.

Достоверность результатов исследования обосновывается применением современных методов и подходов молекулярной генетики и геномики, использованием таких методов статистического анализа, как анализ вариации (ANOVA) при статической обработке полученных цифровых данных, обсуждением результатов исследования на международных и республиканских научно-практических конференциях и их опубликованием в местных и зарубежных изданиях, представлением генетических паспортов сортов с помощью метода ДНК-баркодирования в вебсайте www.genomic.uz Центра Геномики и биоинформатики, а также хранением семян генетически паспортизированных сортов в коллекции «Уникальный генофонд хлопчатника и других культур, созданных на основе геномных технологий».

Научная и практическая значимость результатов исследований.

Научная значимость результатов исследования обосновывается впервые проведенным статистическим анализом генетического разнообразия, степени полиморфизма, филогенетических взаимоотношений местных сортов мягкой пшеницы, верификацией микросателлитных маркеров и определением количества эффективных аллелей маркеров.

Практическая значимость результатов исследований заключается в том, что в результате изучения участков генов и определения их расположения с помощью ДНК-маркеров можно правильно отобрать образцы для селекционных исследований и создать новые сорта пшеницы, устойчивые к болезням, различным стрессовым факторам и обладающие высокой

продуктивностью в условиях короткой промежуток времени, а также молекулярную идентификацию сортов пшеницы, на основании которой был разработан их генетический паспорт.

Внедрение результатов исследования. По результатам разработки генетического паспорта местных сортов пшеницы методом ДНК-баркодирования:

Некоторые сорта пшеницы, созданные учёными Научно-исследовательского института земледелия в южных районах, в 2022 году в семеноводческих целях были высеяны на центральном опытном участке данного института, частности на площади 10 га – сорт «Хисорак», на 8 га в отделении Касби – сорт «Шамс», на 9 га в Гузарском отделении – сорт «Хазрати Башир» и на 6 га в Каршинском отделении – сорт «Бунедкор» и с помощью метода ДНК-баркодирования проведена очистка сортов (Справка Министерства сельского хозяйства Республики Узбекистан за номером № 05/21-03,2681 от 20.06.2023). В результате, чистосортность суперэлитных семян этих сортов пшеницы составила 99,9 % и урожайность увеличивалась у сорта Хисорак - на 8ц /га. у сорта Шамс - на 5ц /га, у сорта Хазрати Башир - на 7ц /га и у сорта Бунедкор - на 6ц /га;

создана панель ДНК-маркеров, связанный с устойчивостью к желтой ржавчине пшеницы и набор этих ДНК-маркеров использован в проекте ФА-А-КХ 2018-427 «Объединение генов устойчивости к основным биотическим и абиотическим стрессовым факторам у мягкой пшеницы в один генотип и создание на его основе новых линий, с помощью метода «пирамидирования генов» МАС-технологии» при генетической характеристике образцов пшеницы для изучения их устойчивости к возбудителям желтой ржавчины (2018-2020 гг.). Института генетики и экспериментальной биологии растений (Справка Академии наук Республики Узбекистан за номером № 4/1255-1138 от 26.05.2023). В результате в несколько раз сократились селекционные процессы, резко сократились ошибки при отборе образцов с ценными хозяйственными признаками.

Апробация результатов исследования. Результаты исследования обсуждались на 5, в том числе 2 международных и 3 республиканских научно-практических конференциях.

Опубликованность результатов исследования. По теме диссертации опубликовано всего 12 научных работ. Из них в научных изданиях опубликованы 7 статьи, в том числе 6 – в республиканских, 1 - в зарубежных изданиях, рекомендованных Высшей аттестационной комиссией при Министерстве высшего образования, науки и инноваций Республики Узбекистан для публикации основных научных результатов докторских диссертаций, а также 1 статья в материалах международной конференции, приравненной Президиумом ВАК РУз к статьям в международных журналах.

Структура и объем диссертации. Структура диссертации состоит из введения, 5 глав, заключения, списка использованной литературы и приложений. Объем диссертации составляет 97 страниц.

ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

Во введении обоснованы актуальность и востребованность проведенных исследований, охарактеризованы цель и задачи, объект и предмет работы, показано соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки и технологий республики, изложены научная новизна и практические результаты исследования, раскрыты научная и практическая значимость полученных результатов, приведены сведения по внедрению полученных результатов в практику, опубликованным работам и структуре диссертации.

В первой главе диссертации, названной **«Молекулярно-генетическая идентификация сельскохозяйственных культур»**, приведен обзор исследований, проведенных в рамках темы диссертации зарубежными и отечественными учеными по определению роли молекулярных маркеров при изучении генетического разнообразия сельскохозяйственных культур и подтверждена достоверность проводимых при их применении исследований, правильному выбору объекта исследования, установлению их разнообразия и контролю их хозяйственно-ценных признаков. В частности, методы создания универсальной библиотеки ДНК-баркода для всех видов растений мира и их преимущества были особо отмечены мировыми учеными на основе современных технологий и методов. Также, в этой главе приведены методы определения генетического разнообразия сортов пшеницы с помощью ДНК-маркеров и их преимущества.

Во второй главе диссертации, названной **«Место и условия, объект и методы проведения исследования»** изложены сведения о месте и условиях проведения опыта, объекте проведенных исследований и их характеристика, методах проведения исследования, использовании фенотипических и молекулярных метода в лабораторных и полевых условиях, статистических методах, примененных при анализе полученных результатов. Полевые опыты проведены в течении 2019-2020 годов в лаборатории и «Специальном семеноводческом хозяйстве» Центра Геномики и биоинформатики.

В третьей главе диссертации, названной **«Оценка морфобиологических признаков, разнообразия и стабильности сортов пшеницы»**, приведены данные двухлетних полевых экспериментов, проведенных на опытном поле Центра Геномики и биоинформатики с целью изучения чисто сортности, морфобиологических и качественных показателей местных сортов пшеницы, полученные по исследуемым признакам результаты статистически изучены с применением методов дисперсионного анализа программы NCSS. Для анализа морфобиологических, агрономических и качественных показателей из каждого сорта были взяты по 10 растений и были проведены фенотипические наблюдения. При этом, были проанализированы такие агрономические и качественные показатели образцов, как вегетационный период высота длина колоса, количество колосков, вес 1000 зерен и внешний вид зерна, а также содержание белка и клейковины.

В четвертой главе диссертации, названной **«Определение степени**

полиморфизма местных сортов пшеницы на основе их генотипических анализов» в целях определения генетического полиморфизма между образцами, отобранными для исследований, осуществлены ПЦР-анализы с

И
С
П
О
Л
Б
З
О
В
а
Н

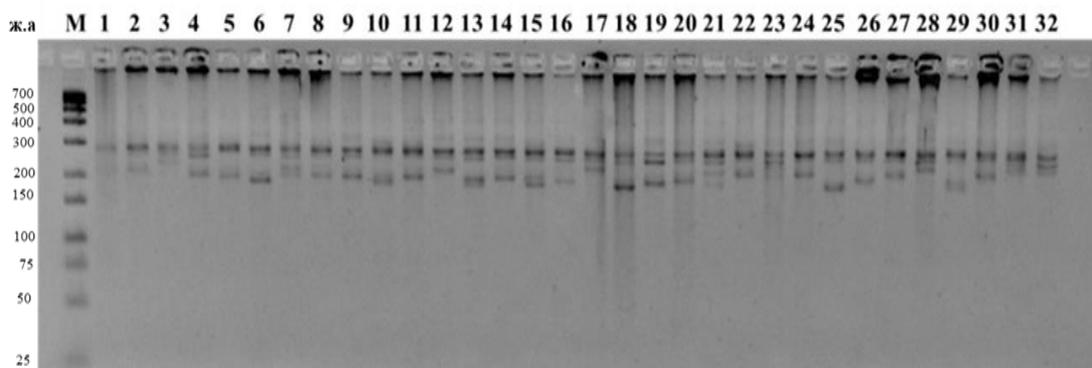


Рис. 1. Электрофореграмма ПЦР-анализа образцов исследований, осуществленного с помощью праймера WMS522. М-маркер молекулярного веса. 1-Чиллаки, 2-Ёнбош, 3-Джайхун, 4-Тезпишар, 5-Истиклал-6, 6-Хисорак, 7-Шамс, 8-Хазрати Башир, 9-Давр, 10-Акбугдой, 11-Аср, 12-Газгон, 13-Андижон-1, 14-Яксарт, 15-Санзор-6, 16-Муфтало, 17-Омад, 18-Бахмал-97, 19-Дустлик, 20-Азиз, 21-Туркистон, 22-Барака, 23-Навбахор, 24-Бунёдкор, 25-Дурдона, 26-Ёгду, 27-Андижон-4, 28-Шодлик, 29-Андижон-2, 30-Бобур, 31-Эломон, 32-Фаровон

Н
И
а
б
в
г
д
е
ж
з
и
к
л
м
н
о
п
р
с
т
у
ф
х
ц
ч
ш
щ
э
ю
я

Проведением молекулярных исследований у образцов пшеницы, изучена взаимосвязь полиморфизма маркеров с количеством аллелей в локусе. Из набора SSR-маркеров для продолжения исследований были отобраны маркеры с полной амплификацией. Согласно этому, наблюдалось, что из 144 маркеров 97 имеют полную амплификацию. Из этих маркеров с полной амплификацией было определено количество полиморфных и мономорфных маркеров, а также количество аллелей, относящиеся к маркерам всего набора (табл. 1).

Таблица 1
Набор маркеров, отобранный для исследования и амплифицированные с их помощью количество аллелей

Набор SSR-маркеров	Всего маркеров	Маркеры без амплификации	Маркеры с амплификацией	Полиморфные маркеры	Мономорфные маркеры	Аллели по набору
BARC	25	1	24	16	8	55
GDM	3	0	3	2	1	5
CFA	4	0	4	4	0	17
CFD	7	0	7	5	2	16
GPW	5	0	5	5	0	16
PSP	1	0	1	1	0	3
WMC	45	22	23	17	6	91
WMS	54	24	30	16	14	64
Всего	144	47	97	66	31	267

По результатам ПЦР-анализов было выявлено, что из этих SSR-маркеров 66 являются полиморфными, 27 мономорфными, а остальные 47 не проявили ПЦР-продукцию полностью или частично. Согласно результатам генотипирования по набору амплифицируемых 97 маркеров количество аллелей составило 267 штук (табл. 1).

1
)

Наборы маркеров CFA, CFD, GPW, PSP и WMC в наборе отобранных микросателлитных маркеров образцах исследования являются полиморфными по сравнению с остальным набором маркеров. На основе этих генотипических данных были изучены генетическое разнообразие и степени полиморфизма местных сортов пшеницы. Также, в этом исследовании при молекулярной оценке сортов пшеницы на внутривидовом уровне, были обнаружены некоторые такие величины, как PIC (*англ.* Polymorphic information content – содержание полиморфной информации) и HE (*англ.* Heterozigosity – гетерозиготность) и NE (*англ.* number of effective alleles – количество эффективных аллелей) (табл. 2). Установлено, что маркеры, проявившие полиморфизм, амплифицировали от 2 до 12 аллелей. В частности, наибольшее количество амплифицированных аллелей наблюдалось у маркера WMC522 (12 штук), а наименьшее их количество – у маркера BARC187 (2 штуки). PIC величина SSR-маркеров составила от 0,22 (WMS18) до 0,85 (BARC181), а средняя величина для всех маркеров 0,51. В свою очередь, при оценке генетического разнообразия образцов исследования также была определена величина HE маркеров, которая была в пределах 0,12 (BARC187) и 0,86 (BARC181), а среднее значение было равно 0,57 (таблица 2).

Таблица 2

Некоторые величины, связанные с PIC, HE и NE при молекулярной оценке образцов исследования на внутривидовом уровне

№	Наименование	Количество аллелей	Размер аллеля	PIC	HE	NE	Рабочая температура (°C)	Место в хромосоме
1	BARC181	9	155-286	0,85	0,86	7,1	62,40	1B,7B
2	WMC44	9	134-216	0,83	0,847	6,5	68,15	1B
3	WMC522	12	102-94	0,83	0,846	6,5	57,16	2A,3D
4	WMC407	7	223-78	0,82	0,838	6,2	65,87	2A
5	WMC453	7	148-206	0,81	0,835	6,1	54,14	2A
6	WMS294	7	168-196	0,78	0,807	5,2	66,29	2A
7	WMS495	6	155-181	0,78	0,797	4,9	66,75	4B
8	CFA2201	4	161-208	0,71	0,75	4	67,15	2B
9	CFD76	4	114-176	0,69	0,747	4	66,62	6D
10	WMC367	5	188-216	0,69	0,746	3,9	68,16	6B
11	WMS11	6	166-188	0,71	0,745	3,9	64,52	1A,1B
12	WMC314	6	150-200	0,62	0,724	3,6	67,07	2B
13	WMS443	4	166-253	0,68	0,717	3,5	46,84	5A,5B
14	WMS291	5	153-319	0,63	0,7	3,3	53,97	5A
15	CFA220	7	186-227	0,54	0,695	3,3	58,36	2A,2B
16	BARC1138	4	145-172	0,65	0,694	3,3	59,66	2D
17	WMC74	4	237-275	0,61	0,687	3,2	62,4	4D
18	WMS349	4	108-274	0,54	0,687	3,2	66,92	2D
19	WMS301	4	209-277	0,66	0,681	3,1	55,6	2D
20	WMC397	6	126-190	0,64	0,681	3,1	64,52	6B,7B
21	WMS261	4	184-215	0,59	0,678	3,1	68,96	2D
22	GPW2181	3	154-270	0,58	0,662	3	66,35	5A,6A
23	BARC80	3	102-91	0,57	0,66	2,9	67,23	1B
24	WMC382	6	120-171	0,62	0,657	2,9	67,36	2A
25	WMS484	3	195-226	0,57	0,652	2,9	56,71	2D

Продолжение таблицы 2

№	Имя маркера	Количество аллелей	Размер аллеля	PIC	HE	NE	Рабочая температура (°C)	Место в хромосоме
26	WMS512	3	124-141	0,49	0,639	2,8	65,83	2A
27	BARC74	3	140-154	0,59	0,633	2,7	66,59	5B
28	BARC32	4	166-219	0,59	0,633	2,7	69,46	7B
29	CFD36	4	122-235	0,62	0,632	2,7	67,65	2A,2D
30	BARC228	3	178-504	0,6	0,631	2,7	68,12	2D
31	WMS296	3	111-126	0,47	0,628	2,7	49,31	7D
32	GPW3032	4	250-65	0,6	0,62	2,6	54,59	2B
33	BARC240	4	235-277	0,54	0,619	2,6	66,35	1B
34	WMS16	5	156-228	0,59	0,614	2,6	52,53	2B
35	BARC212	3	205-238	0,43	0,614	2,6	58,68	2A
36	WMC59	3	173-222	0,49	0,597	2,5	66,04	1A,1B
37	WMC486	5	150-343	0,36	0,595	2,5	54,62	6B
38	GPW2203	4	171-235	0,56	0,59	2,4	55,47	2D
39	BARC176	3	166-207	0,36	0,586	2,4	57,38	7B
40	CFA2040	3	269-285	0,42	0,579	2,4	64,12	7A,7B
41	BARC236	3	184-218	0,55	0,575	2,4	57,21	4A
42	WMC341	4	126-216	0,56	0,568	2,3	66,22	6B
43	BARC206	4	108-327	0,48	0,567	2,3	69,74	3B,4A,6A
44	CFA2149	3	233-249	0,5	0,56	2,3	56,03	4B,5A
45	BARC175	3	166-176	0,48	0,559	2,3	68,36	6D
46	WMC419	4	138-284	0,56	0,557	2,3	60,7	1B,4B,6B
47	GPW4043	3	109-157	0,49	0,548	2,2	67,54	2B
48	CFD73	4	121-216	0,54	0,545	2,2	67,24	2B,2D
49	WMC41	3	193-210	0,12	0,52	2,1	68,98	2D
50	WMS539	3	167-189	0,48	0,514	2,1	66,22	2D
51	CFD233	2	288-304	0,38	0,5	2	55,73	2D
52	GDM33	2	154-200	0,38	0,5	2	57,3	1A,1B,1D
53	WMC626	3	121-99	0,47	0,499	2	67,31	1B
54	GDM35	3	226-266	0,05	0,497	2	68,34	2D
55	WMS513	2	110-117	0,42	0,494	2	54,33	4B
56	PSP3000	3	229-299	0,47	0,484	1,9	54,8	1B
57	CFD267	2	285-305	0,43	0,484	1,9	69,13	2A,2B,2D
58	BARC1064	2	130-134	0,43	0,48	1,9	60,04	2B
59	BARC275	2	364-372	0,43	0,46	1,9	59,75	7A
60	WMC499	4	220-247	0,45	0,452	1,8	69,01	2D
61	BARC182	3	64-83	0,39	0,452	1,8	70,11	7B
62	WMC727	3	100-252	0,38	0,38	1,6	55,73	5A
63	GPW4496	2	118-125	-0,33	0,358	1,6	67,65	7D
64	WMS577	3	145-191	-0,79	0,265	1,4	63,43	7B
65	WMS18	2	205-212	0,22	0,218	1,3	53,84	1B,6D
66	BARC187	2	247-268	-1,39	0,126	1,1	66,01	1B

Во второй части четвертой главы было изучено количество аллелей в выбранных маркерах с целью проведения молекулярных исследований на образцах пшеницы и определена генетических связей. Соответственно, количество аллелей определялось от 2 до 9. До 2 аллелей наблюдалось по 12 маркерам. Число маркеров с 3 аллелями составило 24, при этом 23 маркера имели 4 аллеля. Было 7 маркеров с 5 аллелями, 5 маркеров с числом аллелей до 6 и только один маркер имел 7 аллелей.

Таким образом, было показано, что большинство этих маркеров имели от 3 до 4 аллелей, и эти маркеры имели значение NE от 0,3 до 0,7 (Рис. 2).

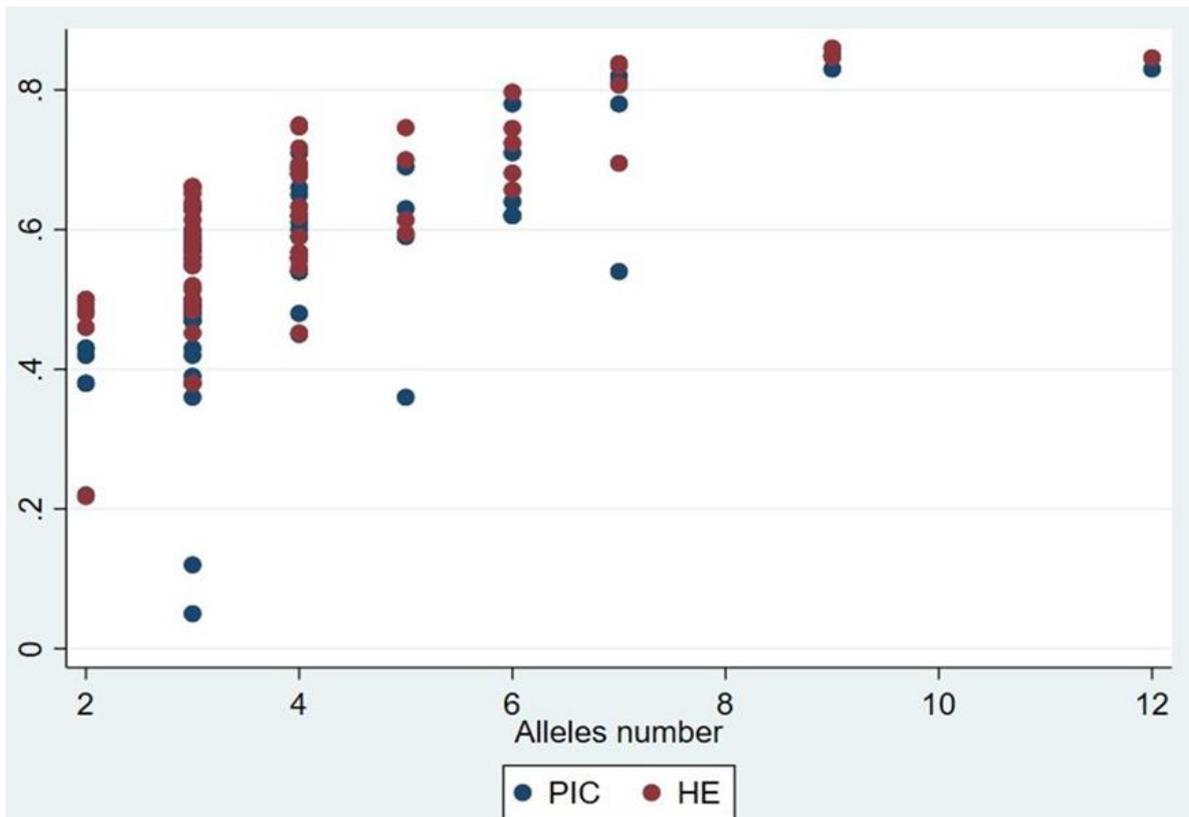


Рис. 2. Корреляция числа аллелей в локусе с маркерным полиморфизмом

Из-за высокого полиморфизма образцов пшеницы, выбранных в качестве объекта исследования, показано, что эти маркеры имеют потенциал для более широкого использования в молекулярных исследованиях.

HE отобранных маркеров (количество эффективных аллелей) является одним из основных показателей, и он показывает наличие различий между сортами пшеницы. Маркеры с количеством эффективных аллелей дают возможность определить разницу сортов по размеру аллелей. При этом, если количество эффективных аллелей маркеров равно 3 или больше, то разнообразие между сортами также будет высоким (рис. 3).

Согласно результатам статистического анализа, отобранные для исследования микросателлиты по полиморфному разнообразию разделились на 4 группы.

Первая группа включала 5 маркеров, у 3 из которых величина PIC была равна 0, а у 2 она имела показатели 0,16 и 0,17. Эти маркеры по выбранным образцам не рекомендуются для молекулярной идентификации в последующих анализах. Потому что выявлена наиболее низкая степень молекулярности или полиморфности этих маркеров в использованных образцах исследования.

Вторая группа включает 20 микросателлитных маркеров, и величина их PIC составляет от 0,28 до 0,5. Образцы исследования можно идентифицировать с помощью маркеров этой второй группы. При этом необходимо учитывать, на какой хромосоме они расположены, к какому участку генома принадлежат и с каким признаком связаны.

Третья группа включает 38 микросателлитных маркеров и отмечено, что

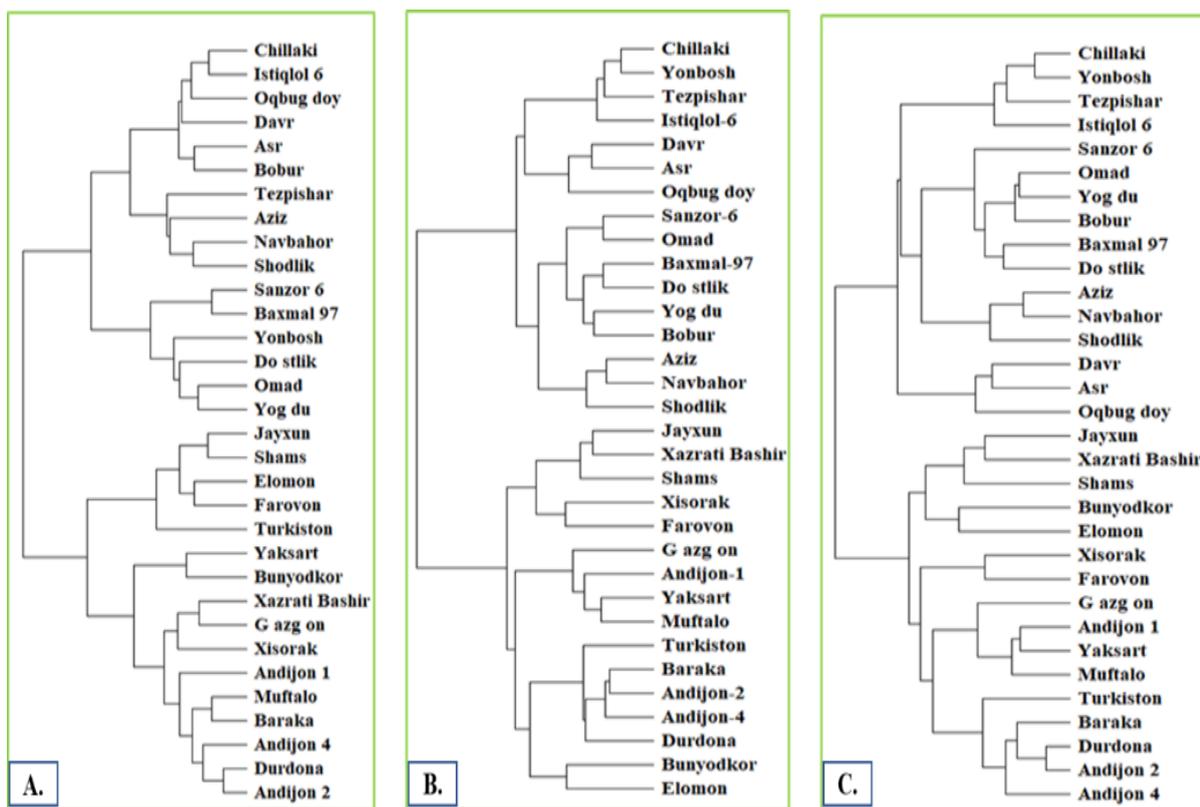


Рис. 4. Филогенетическое дерево исследуемых образцов. **А.** – на основе 66 маркеров. **В.** – на основе 22 маркеров. **С.** – на основе 6 маркеров.

Филогенетическое дерево, построенное по этим 66 маркерам, было взято за контроль и в дальнейшем изучены филогенетические отношения. При этом количество маркеров при построении каждого филогенетического дерева сокращалось по одному. В первую очередь, из группы были удалены маркеры с низкой полиморфностью. Этот процесс продолжался до изменения их филогенетической формы. В основных группах не наблюдались изменения до тех пор, пока количество маркеров этих образцов не сократилось до 6. Когда количество маркеров достигло 5, было замечено, разное изменение филогенетических отношений.

Для проверки набора SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей, отобранных для генетического паспорта пшеницы, были взяты сорта узбекской селекции – Окмарварид, Эъзоз, Бардош, Сурхак, а также российской селекции - Аликсеич, Краснодарская-99, Гром, Таня и Зимница.

Для них в качестве контроля были отобраны сорта Аср и Хисорак, генетически расположенные друг от друга на дальнем расстоянии, и были проведены молекулярные исследования с 8 наиболее оптимальными для баркода SSR-маркерами (BARC181, WMC44, WMC407, WMC522, WMC453, WMS294, CFA2201, CFD76) (Рис. 5).

Основная цель проверки этого небольшого количества микросателлитных маркеров – определить, обладают ли какие-либо сорта, выращиваемые в Узбекистане, способностью проявлять полиморфизм даже при проведении молекулярного анализа.

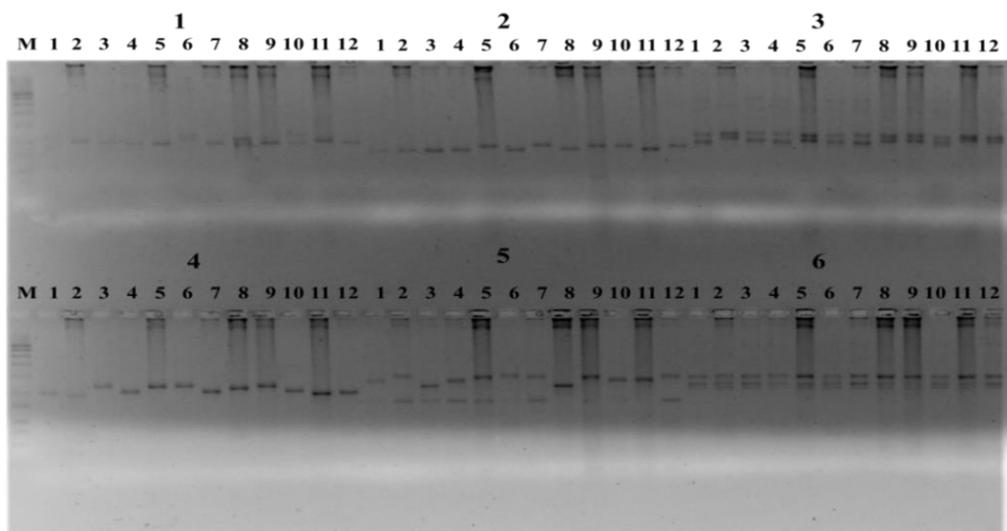


Рис.5. Электрофореграмма ПЦР-анализа образцов исследования, проведенная с помощью 6 SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей, М-маркер молекулярного веса; 1-Алексеевич, 2-Окмарварид, 3-Эъзоз, 4-Краснодарская-99, 5-Кайракташ, 6-Гром, 7-Бардош, 8-Таня, 9-Зимница, 10-Сурхак, 11-Аср, 12-Хисорак

На основе полученных генотипических данных было создано филогенетическое дерево сортов пшеницы с «корнями» (root) (Рис.6). В филогенетическом дереве, созданном с помощью 6 SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей, наблюдалось, что сорта разделяются на две основные и 4 малые субгруппы. Каждая из основных групп включала в себе по 6 сортов. Первая субгруппа включала сорта Алексеевич, Гром, Краснодарская-99, Сурхак и Хисорак, а вторая субгруппа - сорта Аср. В третьей субгруппе располагались сорта Эъзоз, Таня и Окмарварид, а в последней четвертой субгруппе - сорта Бардош, Кайрактош и Зимница. В целях более достоверного раскрытия генетического расстояния между этими сортами пшеницы, путём присоединения двух микросателитных маркеров было сформировано следующее филогенетическое дерево

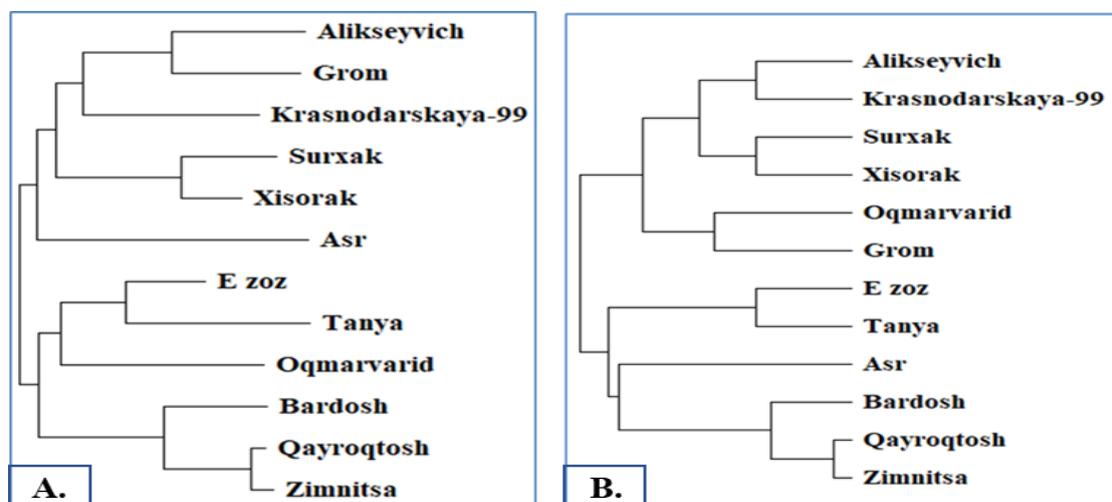


Рис 6. Верификация SSR-маркера. А. – на основе 6 маркеров. В. – на основе 8 маркеров.

При этом и в филогенетическом дереве, созданным с помощью 8 SSR-маркеров, сорта разделялись на две основные основные и 4 малые субгруппы. Было установлено, что каждая из основных групп включает в себя по 6 сортов. Первая субгруппа включает сорта Алексеич, Краснодарская-99, Сурхак и Хисорак, вторая группа - сорта Окмарварид и Гром, третья субгруппа - сорта Эъзоз и Таня и последняя четвёртая субгруппа - сорта Аср, Бардош, Кайрактош и Зимница. При сравнении этого филогенетического дерева с генетическим деревом, составленным на основе 6 SSR-маркеров, было установлено, что сорт Ок марварид из основной группы переходит в следующую группу, а субгруппа изменяется, сорт Гром и отдельно выделяемый сорт Аср переходит в четвертую субгруппу.

Из этого видно, что 22 SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей дают возможность полного раскрытия разницы между любыми сортами пшеницы.

В первом разделе пятой главы **“Разработка генетического паспорта образцов исследования”** в целях составления генетического паспорта местных сортов пшеницы было отобраны 22 микросателлитных маркера с качеством эффективных аллелей 3 и более штук и их генетический паспорт был оформлен в следующем виде (Таблицу 3).

Таблица 3

Генетический паспорт сорта пшеницы Дуслик

Праймер	Размер (п.о.)	Праймер	Размер (п.о.)	Праймер	Размер (п.о.)	Праймер	Размер (п.о.)
BARS181	175	CFA2201	208, 171	WMC314	206, 185	BARC1138	145
WMC44	257	CFD76	176, 125	WMS443	126	WMC74	275, 253
WMC522	237, 216, 155	WMC367	141	WMS291	115	WMS349	253
WMC407	141, 110	WMS11	212	CFA220	286, 224, 200	WMS301	-
WMC453	206, 168	WMS495	167, 159	GPW2181	27, 200, 154	WMC397	176, 133
WMS294	85					WMS261	185

В образцах молекулярный вес каждого маркера был систематизирован и был кодирован буквами в алфавитном порядке. В ДНК-баркода отдельные микросателлитные маркеры для каждого сорта были отмечены в виде букв в алфавитном порядке, а их парные основания – в виде цифрового индекса. Генетический паспорт сорта, указанного в выше приведенной таблице, обосновывается в следующем виде (таблица 4)

При этом по микросателлитным маркерам, входящим в состав генетического паспорта, определяли и регистрировали размеры аллелей каждого сорта, то есть пар оснований. 22 высоконадежные микросателлитные маркеры были повторно проанализированы с помощью ПЦР и повторно

генотипированы для проверки правильно дотоверности молекулярной массы (пар оснований) сортов.

Таблица 4

Генетический код сорта Дуслик

Название сорта	Код присвоенный сорту	Молекулярный вес (пара оснований)		
Сорт Дуслик	A ₇ , B ₂ , C ₄ , C ₇ , C ₁₁ , D ₃ , D ₆ , E ₁ , E ₄ , F ₅ , I ₁ , I ₃ , J ₄ , K ₂ , K ₅ , M ₁ , O ₂ , O ₆ , P ₃ , Q ₂ , R ₃ , S ₃ , Y ₂ , Y ₃ , V ₁ , V ₃	A ₇ -BARS181_167(ж.а.), WMC522_245(ж.а.), WMC522_166(ж.а.), WMC407_117(ж.а.), WMC453_172(ж.а.), I ₃ -CFD76_125(ж.а.), WMS11_212(ж.а.), WMS443_153(ж.а.), CFA220_200(ж.а.), WMC74_264(ж.а.), WMS301_234(ж.а.), WMS261_168(ж.а.), GPW2181_154(ж.а.)	B ₂ -WMC44_257(ж.а.), C ₇ -WMC522_216(ж.а.), D ₃ -WMC407_141(ж.а.), E ₁ -WMC453_206(ж.а.), F ₅ -WMS294_85(ж.а.), I ₁ -CFD76_176(ж.а.), J ₄ -WMC367_132(ж.а.), K ₅ -WMS11_191(ж.а.), O ₂ -CFA220_272(ж.а.), P ₃ -BARC1138_151(ж.а.), R ₃ -WMS349_269(ж.а.), Y ₂ -WMS261_185(ж.а.), V ₁ -GPW2181_270(ж.а.)	C ₄ - C ₁₁ - D ₆ - E ₄ - K ₂ - M ₁ - O ₆ - Q ₂ - S ₃ - Y ₃ - V ₃ -

По результатам повторного ПЦР-анализа было установлено, что молекулярный вес этих микросателлитных маркеров у сортов является одиноковым.

ВЫВОДЫ

В результате исследований, проведенных по диссертации доктора философии (PhD) по теме «Разработка генетических паспортов местных сортов пшеницы с помощью метода ДНК-баркода» представлены следующие выводы:

1. Установлено, что разнообразие местных сортов пшеницы по морфобиологическим признакам и техническим качественным показателям зерна является высоким и каждый сорт находится в стабильном состоянии по этим признакам.

2. По результатам фенотипической информации отмечено, что морфобиологические признаки и технические качественные показатели зерна двухсезонных (махровых) сортов Бахмал-97, Санзар-6, ранних Тезпишар и Азиз является низкими по сравнению с другими сортами.

3. На основании 66 полиморфных маркеров установлена генетическая близость морфологически идентичных сортов пшеницы.

Выявлено наличие взаимного соответствия между филогенетическим деревом, составленным на основе 22 маркеров, отобранные для разработки

4. генетического паспорта сортов с генеалогией, оформленной с помощью 66 маркеров. При этом хотя частично изменились сорта, находящиеся в субгруппах, из-за отсутствия изменений в основных группах доказана достаточность 22 маркеров для генетической паспортизации.

5. С помощью микросателлитных маркеров, использованных при генетической паспортизации, верифицированы сорта мягкой пшеницы

узбекской и российской селекции и подтверждено, что использованные маркеры имеют достаточное число эффективных аллелей.

6. Установлена структурная схожесть филогенетических деревьев, составленных с использованием 66 SSR-маркеров и 6 SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей. Это указывает на достаточность этих малочисленных маркеров при идентификации новых сортов.

7. Посредством 22 SSR-маркеров с количеством эффективных аллелей (BARC181, WMC44, WMC522, WMC407, WMC453, WMS294, WMS495, CFA2201, CFD76, WMC367, WMS11, WMC314, WMS443, WMS291, CFA220, BARC1138, WMC74, WMS349, WMS301, WMC397, WMS261, GPW2181 количества) разработан генетический паспорт для каждого сорта.

8. Генетические паспорта местных сортов пшеницы, составленные с помощью микросателлитных маркеров, размещены на веб сайте Центра Геномики и биоинформатики и представлен авторам и оригинаторам сортов.

9. 62 SSR-маркеры, имеющие полиморфизм по оценке генетического разнообразия, устойчивости к высоким температурам, засухе, болезням ржавчины местных сортов пшеницы, рекомендованы для применения в последующих исследованиях.

**SCIENTIFIC COUNCIL DSc.02/30.12.2019. B.53.01 ON AWARD OF
SCIENTIFIC DEGREES AT THE INSTITUTE OF GENETICS AND PLANT
EXPERIMENTAL BIOLOGY**

CENTER OF GENOMICS AND BIOINFORMATICS

NORBEKOV JURABEK KUSHBAKOVICH

**DEVELOPMENT OF GENETIC PASSPORTS OF LOCAL WHEAT
VARIETIES USING DNA BARCODE METHOD**

03.00.14 – Genomics, proteomics and bioinformatics

**DISSERTATION ABSTRACT FOR THE DOCTOR OF PHILOSOPHY (PhD)
OF BIOLOGICAL SCIENCES**

Tashkent – 2023

The title of doctor of sciences dissertation (DSc) has been registered by the Supreme Attestation Commission at the Cabinet of Ministers of the Republic of Uzbekistan with registration numbers of B2019.2. PhD/B352.

The dissertation has been carried out at the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology.

The abstract of dissertation is posted in three languages (Uzbek, Russian, English (resume)) on the webpage of the Scientific Council (www.genetika.uz) and on the website of «ZiyoNet» Information and education portal (www.ziynet.uz)

Scientific supervisor: **Kushanov Fakhriiddin Nematullayevich**
Doctor of Biological Sciences, professor

Official opponents: **Adilov Bakhtiyor Shukhratovich**
Doctor of Biological Sciences, Senior Scientific Researcher

Djabbarov Ibrokhim Shodmanovich
Doctor of Biological Sciences, professor

Leading organization: **Research Institute of Plant Genetic Resources**

The defence of the dissertation will take place on **26th September 2023** at **14⁰⁰** at the meeting of Scientific council DSc.02/30.12.2019. B.53.01 at the Institute Genetics and Plant Experimental Biology (Address: 111226, Tashkent region, Kibray district, Yuqori-yuz, Conference hall of the palace of the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Tel.: (+99871) 264-23-90; fax (+99871) 264-23- 90; E-mail: igebr@academy.uz).

Dissertation is registered in Information-resource Centre of Institute of Genetics and Plant Experimental Biology (with registration № where can be familiarized in the Informational Resource Centre. Address:111226, Tashkent region, Kibray district, Yuqori-yuz. Tel.: (+99871) 264-23-90; fax (+99871) 264-23-90; E-mail: igebr@academy.uz).

The abstract of dissertation sent out on «_____»_____2023 y

Protocol at the register №_____dated «_____»_____2023 y

A.A. Narimanov
Chairman of the Scientific Council for awarding of the scientific degrees, Doctor of agricultural sciences, professor

I.Dj. Kurbanbaev
Scientific Secretary of the Scientific Council for awarding of the scientific degrees, Doctor of biological sciences, professor

S.K. Baboyev
Chairman of the Scientific Seminar under Scientific Council for awarding the scientific degrees, Doctor of Biological sciences, professor

INTRODUCTION (abstract of PhD thesis)

The aim of the research work is to determine the morphobiological and genetic diversity of local wheat varieties and phylogenetic relationships between the varieties as well as the development of an individual passports of varieties based on the DNA-barcoding method.

The object of the research is the bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties in particular Omad, Yogdu, Asr, Babur, Aqbugdoy, Davr, Chillaki, Aziz, Shodlik, Navbahor, Andijon-1, Durдона, Andijon-4, Andijon-2, Baraka, Muftalo, Hisorak, Shams, Hazrati Bashir, Gozgon, Yaksart, Turkistan, Bunyodkor, Elomon, Jayhun, Farovon, Sanzar-6, Bahmal-97, Yonbosh, Dostlik, Istiqlol-6 and Tezpushar.

Scientific novelty of the research is follows:

the genetic diversity and mutual phylogenetic relationships of local wheat varieties were determined on the basis of PCR screening with microsatellite markers; a panel of microsatellite markers with a high degree of polymorphism between wheat varieties was developed;

for the first time, genetic passports for local wheat varieties were developed based on polymorphic markers;

on the basis of verification, it was proved that the microsatellite markers with the number of effective alleles used in genetic passportization showed high polymorphism in other varieties.

Implementation of research results. Based on the results of the development of the genetic passports for the local wheat varieties using the DNA barcoding method:

Some wheat varieties developed by the Southern Agricultural Research Institute, in the central experimental nurseries of this institute, in 2022, the "Hisorak" variety of wheat was grown on 10 hectares, in the Kasbi department, the "Shams" variety was on 8 hectares, and in the Guzor department, the "Hazrati Bashir" variety was grown on 9 hectares, and "Bunyodkor" variety was cultivated on 6 hectares for elite seed production in the Karshi department, and the purity of the variety was tested using the DNA-barcode method (reference No. 05/21-05/2681 dated 02.06.2023 of the Ministry of Agriculture of the Republic of Uzbekistan). As a result, the purity level of the super-elite generation seeds of these wheat varieties was 99.9 percent, as well as yield increase achieved in wheat varieties of "Hisorak" (8 centner/ha), "Shams" (5 centner/ha), "Hazrati Bashir" (7 centner/ha) and "Bunyodkor" (6 centner/ha).

A panel of DNA markers associated with resistance to yellow rust disease of wheat was assembled, and with the help of this DNA-marker set FA-A-QX 2018-427 "Gene pyramiding" method of MAS technology carried out in 2018-2020 at the Institute of Genetics and Experimental Plant Biology in the fundamental project on the topic of "Combining the genes of resistance in soft wheat to the main biotic and abiotic stress factors into one genotype and creating new lines on this basis", genetic characterization was used to study the resistance of wheat samples to yellow rust disease (Reference No. 4/1255-1138 of the Academy of Sciences of the Republic of

Uzbekistan dated 26.05.2023). As a result, the selection processes were shortened by a number of times, and errors in the selection of samples with valuable economic traits were sharply reduced.

Dissertation structure and volume. The content of the dissertation consists of an introduction, five chapters, a conclusion, a list of literatures and applications. The volume of the thesis is 97 pages.

ЭЪЛОН КИЛИНГАН ИШЛАР РЎЙХАТИ
СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ
LIST OF PUBLISHED WORKS

I Бўлим (I Часть; Part I)

1. А.Т. Адылова, Ж.К. Норбеков, Э.Э. Хуршут, Е.В. Никитина, Ф.Н. Кушанов SSR-анализ геномной ДНК перспективных сортов мягкой озимой пшеницы узбекистанской селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018 . №22:(6), - С. 634-639. (SJIF 2018: 0.24)
2. Норбеков Ж.К., Хусенов Н.Н., Орзикулова Б.И., Холмурадова М.М., Неъматуллаева Л.С., Тураев О.С., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т Маҳаллий буғдой навларининг генетик паспортини ишлаб чиқиш // НамДУ илмий ахборотномаси 2020. №12, - Б. 83-89. (03.00.00. №17).
3. Тураев О.С., Норбеков Ж.К., Мамедова Ф.Ф., Нормаматов И.С., Холмурадова М.М., Кушанов Ф.Н. Ўсимликларни идентификация қилишда ДНК-баркодлаш технологиясининг қўлланилиши // НамДУ илмий ахборотномаси 2021. №1, - Б. 85-91. (03.00.00. №17).
4. Хошимов С.Қ., Норбеков Ж.К., Хусенов Н.Н., Тураев О.С., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т Ўсимликларда ДНК-баркодлаш усулининг аҳамияти ва ўрни // Ўзбекистон аграр фани хабарномаси 2020. №5/2, - Б. 69-72. (03.00.00. №8).
5. Норбеков Ж.К., Хуршут Э.Э., Адылова А.Т., Кушанов Ф.Н. Изучение полиморфизма ДНК различных сортов мягкой пшеницы Узбекистанской селекции с использованием микросателлитных маркеров // «Ўзбекистон биология журнали». Ташкент 2018. №6, - С. 58-63. (03.00.00. №5).
6. Норбеков Ж.К., Хуршут Э.Э., Адылова А.Т., Туланов А.А., Рахматов Ф.Н. Ходжаева У.Ш., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. Генотипирование сортов мягкой пшеницы Узбекистанской селекции с использованием микросателлитных ДНК-маркеров // «ДАН». Ташкент 2017. №4, - С. 73-77. (03.00.00. №17).
7. E.E. Khurshut, A.T. Adilova, J.K. Norbekov, F.N. Kushanov, Turaqulov Kh.S. Molecular analysis of the common wheat cultivars bred in Uzbekistan // «Ўзбекистон биология журнали махсус сони». 2017. №3, - С. 44-48. (03.00.00. №17).

II бўлим (II Часть; Part II)

8. Норбеков Ж.К., Адылова А.Т., Дармонов М.М., Тураев О.С., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т. Изучение генетического разнообразия мягкой озимой пшеницы Узбекистанской селекции // 22-ой Международная Пушкинская школа-конференция молодых ученых Биология наука XXI века. Пушкино 23-27 апреля 2018. - С. 147.
9. Норбеков Ж.К., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Вохидов С.Т., Кушанов Ф.Н., Имаходжаева А.С. Молекулярно-генетическое исследование устойчивости

- пшеницы к ржавчине // 23-ой Международная Пушкинская школа-конференция молодых ученых Биология наука XXI века. Пушкино 17-19 апреля 2019. - С. 164.
10. Норбеков Ж.К., Тураев О.С., Хошимов С.Қ., Хусенов Н.Н., Кушанов Ф.Н. Ўсимликларда ДНК-баркодлаш усулининг аҳамияти ва ўрни // Генетика, геномика ва биотехнологиянинг замонавий муаммолари республика илмий анжуманининг тезислар тўплами 12 август 2020. - Б. 113-114.
 11. Норбеков Ж.К., Юлдошова З.З., Хошимов С.Х., Хусенов Н.Н., Нормаматов И.С., Макамов А.С. Қишлоқ хўжалик экинларини тадқиқ қилишда молекуляр маркерлар ўрни // Генетика, геномика ва биотехнологиянинг замонавий муаммолари республика илмий анжуманининг тезислар тўплами 18 май 2021. - Б. 115-117
 12. Norbekov J.K., Makamov A.Kh., Yuldashova Z.Z., Normamatov I.S., Kholmuradov M.M., Boykobilov U.A., Khusenov N.N. Development of molecular-genetic passports of wheat varieties using dna-barcoding method // Генетика, геномика ва биотехнологиянинг замонавий муаммолари республика илмий анжуманининг тезислар тўплами. 2022. - Б. 26-27.

Автореферат «Ўзбекистон аграр фани хабарномаси» журналы таҳририятида таҳрирдан ўтказилган.

Босишга рухсат берилди 06.09.2023. Бичими (60x84) 1/16. Шартли босма табағи 2,75.
Нашриёт босма табағи 2,75. Адади 100 нусха.

Ўзбекистон Республикаси Давлат матбуот кўмитасининг 21-3540 сонли гувоҳномаси
асосида ТошДАУ Таҳририят-нашриёт бўлимининг **РИЗОГРАФ** аппаратида чоп этилди.

