

**GENETIKA VA O‘SIMLIKLAR EKSPERIMENTAL BIOLOGIYASI  
INSTITUTI HUZURIDAGI ILMIY DARAJALAR BERUVCHI  
DSc.02/30.12.2019.B.53.01 RAQAMLI ILMIY KENGASH**

---

**GENETIKA VA O‘SIMLIKLAR EKSPERIMENTAL BIOLOGIYASI  
INSTITUTI**

**ERJIGITOV DOSTON SHERALIYEVICH**

**DNK MARKERLAR TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA YUMSHOQ  
BUG‘DOYNING BIOTIK VA ABIOTIK OMILLARGA CHIDAMLI  
GENOTIPLARINI OLISH**

**03.00.09 – Umumiy genetika**

**BIOLOGIYA FANLARI BO‘YICHA FALSAFA DOKTORI (PhD)  
DISSERTATSIYASI AVTOREFERATI**

**TOSHKENT – 2025**

**Falsafa doktori (PhD) dissertatsiyasi avtoreferati mundarijasi**

**Оглавления автореферата диссертации доктора философии (PhD)**

**Contents of dissertation abstract of doctor of philosophy (PhD)**

**Erjigitov Doston Sheraliyevich**

DNK markerlar texnologiyasi yordamida yumshoq bug‘doyning biotik va abiotik omillarga chidamli genotiplarini olish..... 3

**Эржигитов Достон Шералиевич**

Получение генотипов мягкой пшеницы, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам, с использованием технологии ДНК-маркеров.... 21

**Erjigitov Doston Sheralievich**

Obtaining bread wheat genotypes resistant to biotic and abiotic factors using DNA marker technology..... 41

**E‘lon qilingan ishlar ro‘uxati**

Список опубликованных работ  
List of published works..... 45

**GENETIKA VA O‘SIMLIKLAR EKSPERIMENTAL BIOLOGIYASI  
INSTITUTI HUZURIDAGI ILMY DARAJALAR BERUVCHI  
DSc.02/30.12.2019.B.53.01 RAQAMLI ILMY KENGASH**

---

**GENETIKA VA O‘SIMLIKLAR EKSPERIMENTAL BIOLOGIYASI  
INSTITUTI**

**ERJIGITOV DOSTON SHERALIYEVICH**

**DNK MARKERLAR TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA YUMSHOQ  
BUG‘DOYNING BIOTIK VA ABIOTIK OMILLARGA CHIDAMLI  
GENOTIPLARINI OLISH**

**03.00.09 – Umumiy genetika**

**BIOLOGIYA FANLARI BO‘YICHA FALSAFA DOKTORI (PhD) DISSERTATSIYASI  
AVTOREFERATI**

**TOSHKENT – 2025**

**Biologiya fanlari bo'yicha falsafa doktori (PhD) dissertatsiya mavzusi O'zbekiston Respublikasi Oliy ta'lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Oliy attestatsiya komissiyasida B2024.4.PhD/B1338 raqam bilan ro'yxatga olingan.**

Dissertatsiya ishi Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi institutida bajarilgan.

Dissertatsiya avtoreferati uch tilda (o'zbek, rus, ingliz (rezyume)) Ilmiy kengashning veb-sahifasida ([www.genetika.uz](http://www.genetika.uz)) hamda «ZiyoNet» axborot-ta'lim portali ([www.ziyonet.uz](http://www.ziyonet.uz)) manzillariga joylashtirilgan.

**Ilmiy rahbar:**

**Turayev Ozod Sunnataliyevich**  
biologiya fanlari falsafa doktori

**Rasmiy opponentlar:**

**Bozorov Toxir Axmadovich**  
biologiya fanlari doktori

**Xamrayev Nurbek Ulug'bekovich**  
biologiya fanlari falsafa doktori

**Yetakchi tashkilot:**

**Sharof Rashidov nomidagi Samarqand davlat universiteti**

Dissertatsiya himoyasi Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti huzuridagi DSc.02/30.12.2019.B.53.01 raqamli Ilmiy kengashning 2025 yil «\_\_\_» \_\_\_\_\_ kuni soat \_\_\_\_\_ dagi majlisida bo'lib o'tadi. (Manzil: 111208, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz qo'rg'oni 266 - uy, Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti majlislar zali. Tel.: (+99871) 264-23-90; faks: (+99871) 264-23-90; e-mail: [igebr\\_anruz@mail.ru](mailto:igebr_anruz@mail.ru))

Dissertatsiya bilan Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti Axborot-resurs markazida tanishish mumkin (\_\_\_\_\_ raqami bilan ro'yxatga olingan). Manzil: 111208, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz qo'rg'oni 266 - uy, Tel.: (+99871) 264-23-90; faks: (+99871) 264-23-90.

Dissertatsiya avtoreferati 2025 yil «\_\_\_» \_\_\_\_\_ kuni tarqatildi.  
(2025 yil «\_\_\_» \_\_\_\_\_ dagi raqamli reyestr bayonnomasi).

**A.A. Narimanov**

Ilmiy darajalar beruvchi ilmiy kengash  
raisi, q/x.f.d., professor

**I.Dj. Kurbanbayev**

Ilmiy darajalar beruvchi ilmiy kengash  
ilmiy kotibi, b.f.d., professor

**I.T. Qahharov**

Ilmiy darajalar beruvchi ilmiy kengash  
qoshidagi ilmiy seminar raisi,  
q/x.f.d., professor

## KIRISH (falsafa doktori (PhD) dissertatsiya annotatsiyasi)

**Dissertatsiya mavzusining dolzarbligi va zaruriyati.** Bug‘doy (*Triticum aestivum* L.) dunyo qishloq xo‘jaligida eng ko‘p yetishtiriladigan va ozuqaviy jihatdan qimmatli bo‘lgan donli oziq-ovqat ekinidir. Dunyo aholisining ko‘payishi oziq-ovqatga bo‘lgan talabni tobora oshirmoqda. Global miqyosda iqlim o‘zgarishi va turli biotik hamda abiotik omillar bug‘doy hosildorligiga salbiy ta‘sir ko‘rsatmoqda, shu sababli salbiy tasir ko‘rsatayotganligi tufayli biotik va abiotik stress omillarga chidamli genotiplarni olish va navlarni yaratishni talab etadi. Iqlim o‘zgarishlarining oqibatlarini yumshatish uchun dunyo olimlari tomonidan abiotik va biotik omillarga chidamli bug‘doy navlarni yaratishda DNK markerlar texnologiyasidan foydalanib kelinmoqda. Bunda hosildorlik hajmi ortishi va aholini oziq-ovqatga bo‘lgan talabini qondirish uchun muhim ahamiyat kasb etadi.

Jahonda zamonaviy qishloq xo‘jaligida hosildorlikni oshirish va barqaror oziq-ovqat ta‘minotini ta‘minlash bug‘doy (*Triticum aestivum* L.) kabi strategik ekinlar uchun muhim vazifadir. Xususan, yumshoq bug‘doyning yuqori harorat, qurg‘oqchilik va sariq zang kasalligiga chidamlilik xususiyatlariga aloqador gen va DNK markerlarini aniqlash va ulardan zamonaviy seleksiya texnologiyalaridan foydalanib chidamli navlarni yaratishning asosi sifatida keng tadqiqotlar olib borilmoqda. Shunga qaramay, sariq zang kasalligi, yuqori harorat va qurg‘oqchilik bugungi kunda yechimini kutayotgan jiddiy muammolar sirasiga kiradi. Shu jihatdan, biotik va abiotik stress omillariga chidamli, hosildor yumshoq bug‘doy genotiplarini, navlarini yaratish bugungi kundagi seleksiyaning dolzarb vazifalardan hisoblanadi.

Respublikamizda g‘allachilik sohasiga intensiv va innovatsion ishlanmalarni joriy qilgan xolda biotik va abiotik stress omillarga chidamli yumshoq bug‘doy navlarini yaratish ustida ilmiy tadqiqot ishlari olib borilmoqda. Shu kungacha amalga oshirilgan ilmiy tadqiqot ishlarida yumshoq bug‘doyning mahalliy iqlim sharoitlarga moslashgan, kasalliklarga chidamli genotiplarni aniqlash va seleksiya ishlariga amaliy tadbiriq etish orqali yangi istiqbolli navlar yaratishda muhim natijalarga erishildi. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2022 yil 28-yanvardagi PF-60-son 2022-2026-yillarga mo‘ljallangan Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi to‘g‘risidagi farmonida “Qishloq xo‘jaligini ilmiy asosda intensiv rivojlantirish orqali dehqon va fermerlar daromadini kamida baravar oshirish, qishloq xo‘jaligining yillik o‘shirishini kamida 5 foizga yetkazish”<sup>1</sup> bo‘yicha ham bir qator vazifalar belgilab qo‘yilgan. Ushbu vazifalardan kelib chiqqan holda, O‘zbekistonda yetishtirilayotgan yumshoq bug‘doyning mahalliy va jahon kolleksiyasi nav namunalari yuqori haroratga, qurg‘oqchilikka va sariq zang kasalligiga chidamlilik xususiyatlarini DNK markerlari asosida bitta genotipga jamlash muhim ilmiy va amaliy ahamiyatga ega.

---

<sup>1</sup> O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining Farmoni, 28.01.2022 yildagi PF-60-son «2022 – 2026 yillarga mo‘ljallangan Yangi O‘zbekistonning taraqqiyot strategiyasi to‘g‘risida»

O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019 yil 23 oktyabrdagi PF-5853-son “O‘zbekiston Respublikasi qishloq xo‘jaligini rivojlantirishning 2020-2030 yillarga mo‘ljallangan strategiyasi to‘g‘risida”gi farmoni, O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2020 yil 6 martdagi PQ-4634-son “G‘alla yetishtirish, xarid qilish va sotishda bozor tamoyillarini keng joriy etish chora-tadbirlari to‘g‘risida”gi qarori, hamda mazkur faoliyatga tegishli boshqa me‘yoriy-huquqiy hujjatlarda belgilangan vazifalarni amalga oshirishga ushbu dissertatsiya tadqiqoti muayyan darajada xizmat qiladi.

**Tadqiqotning respublika fan va texnologiyalarni rivojlanishining ustuvor yo‘nalishlariga mosligi.** Mazkur tadqiqot respublika fan va texnologiyalar rivojlanishining V. “Qishloq xo‘jaligi, biotexnologiya, ekologiya va atrof-muhit muhofazasi” ustuvor yo‘nalishiga muvofiq bajarilgan.

**Muammoning o‘rganilganlik darajasi.** Bugungi kunga kelib, butun dunyoda bug‘doy seleksiyasida DNK markerlar texnologiyasidan samarali foydalanib kelinmoqda. Xususan, DNK markerlaridan foydalanib hosildorlik va sariq zang kasalligiga chidamlilikni yagona genotipga jamlash bo‘yicha S. Kaur (2020), R. Liu (2020), A. Sharma (2021), F. Wang (2023), oqsil miqdori va sifati hamda zang va un shudring kalsalliklariga chidamli genotiplarni olish bo‘yicha P. Gupta (2021, 2022) va X. Jin (2022), abiotik stresslarga chidamlilik genlarini bitta genotipga jamlash bo‘yicha G. Zhao (2023), o‘simliklarning miqdoriy belgilarini molekulyar genetik jihatdan o‘rganish bo‘yicha I.N. Leonova (2015), E.K. Potokina (2005), Y.P. Altuxov (2002), B.V. Rigin (2005), Y.V. Chesnokov (2013), E.K. Xlestkina (2013), qimmatli xo‘jalik belgilariga ega yumshoq bug‘doyning yangi genotiplarini yaratish va ularning kasalliklarga chidamliligini baholash bo‘yicha V.V. Syukov (2013) va Z.N. Kerimova kabi olimlar tomonidan ilmiy izlanishlar amalga oshirilgan.

Respublikamizda yumshoq bug‘doyning genetikasi, atrof muhitning noqulay omillariga va sariq zang kasalligiga chidamliligini aniqlash bo‘yicha S.K. Baboyev (2008-2023), X.S. To‘raqulov (2014-2024), Z.M. Ziyaev (2016-2023), N.J. Umirov (2008-2023), va boshqa olimlar tomonidan, navlarning don sifat ko‘rsatkichlarini baholash bo‘yicha D.E. Qulmamatova (2022), N.U. Xamrayev (2022), bug‘doy navlarining abiotik stresslarga javobgar genom bo‘ylab SSR markerlar tahlili va gen ekspressiyalari tahlili bo‘yicha F.N. Kushanov (2018-2024) va O.S. Turayevlar (2022-2024) hamda shiraga chidamlilikni molekulyar-genetik baholash bo‘yicha U.Sh. Bahadirov (2022) kabi olimlar tomonidan ilmiy tadqiqot ishlari olib borilgan.

Biroq, respublikamizda hanuzgacha DNK markerlar texnologiyasi asosida yumshoq bug‘doyning sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamlilikni yagona genotipga jamlash bo‘yicha tadqiqotlar yetarli darajada olib borilmagan. Shu sababli, ushbu texnologiyaga yo‘naltirilgan ilmiy tadqiqot ishlarini amalga oshirish muhim ilmiy va amaliy ahamiyat kasb etadi.

**Tadqiqotning dissertatsiya bajarilayotgan ilmiy-tadqiqot muassasasining ilmiy-tadqiqot ishlari rejalari bilan bog‘liqligi.** Dissertatsiya tadqiqotlari Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti ilmiy-tadqiqot ishlari rejasiga muvofiq IL-4821091674 “Qurg‘oqchilikka chidamli istiqbolli navlarni yaratish uchun samarali molekulyar markerlarni ishlab chiqish maqsadida degidrinlarni kodlovchi genlarning yumshoq bug‘doyning

qurg'ochilikka chidamlilikdagi hissasini aniqlash" (2022-2024-yy.) mavzusidagi fundamental loyiha doirasida bajarilgan.

**Tadqiqotning maqsadi** DNK markerlar texnologiyasidan foydalanib, kuzgi yumshoq bug'doyda sariq zang kasalligi, yuqori harorat hamda qurg'ochilikka chidamlilik xususiyatlarini bir genotipga jamlash orqali yangi genotiplar olishdan iborat.

**Tadqiqotning vazifalari:**

yumshoq bug'doyning mahalliy navlari va CIMMYT kolleksiyasidan olingan istiqbolli tizmalarning yuqori harorat, qurg'ochilik va sariq zang kasalligiga chidamliligini dala va laboratoriya sharoitlarida baholash;

bug'doy namunalarini asosiy morfologik va xo'jalik belgilari bo'yicha baholash;

sariq zang, yuqori harorat va qurg'ochilikka chidamlilik bilan genetik bog'langan DNK markerlari asosida bug'doy namunalarining genetik polimorfizmini tadqiq etish;

tadqiqot namunalari ishtirokida har bir o'rganilayotgan belgi bo'yicha oddiy va murakkab kombinatsiyali duragaylar olish;

duragay kombinatsiyalarning sariq zang kasalligi, yuqori harorat va qurg'ochilikka chidamliligini laboratoriya va dala sharoitida baholash;

laboratoriya va dala sharoitida duragay kombinatsiyalarning morfo-xo'jalik ko'rsatkichlarini baholash;

ikkinchi avlod ( $F_2$ ) murakkab kombinatsiyali duragaylarni polimorf DNK markerlari yordamida genotiplash orqali, yuqori harorat, qurg'ochilik va sariq zang kasalligiga chidamlilik xususiyatlarini jamlagan genotiplarni tanlash.

**Tadqiqotning ob'yekti** sifatida O'zbekiston bug'doy seleksiyasiga mansub mahalliy navlar hamda Xalqaro bug'doy va makkajo'xorini rivojlantirish markazi (CIMMYT) tomonidan taqdim etilgan yumshoq bug'doy (*Triticum aestivum* L.) nav va tizmalaridan hamda ular ishtirokida olingan duragay kombinatsiyalar olingan.

**Tadqiqotning predmeti** Kuzgi yumshoq bug'doy (*Triticum aestivum* L.) nav va tizmalarining, hamda ular asosida olingan duragaylarning sariq zang kasalligig, yuqori harorat va qurg'ochilikka chidamlilik xususiyatlari va ushbu belgilar bilan bog'liq DNK markerlar yordamida nav namunalarning genetik xilma-xilligi, klaster tahlili va ular o'rtasidagi o'zaro filogenetik munosabatlari hisoblanadi.

**Tadqiqotning usullari.** Dissertatsiya tadqiqotlarini bajarishda bug'doy genetikasi va seleksiyasining an'anaviy usullaridan, jumladan, oddiy va murakkab duragaylash, qiyosiy morfologiya, fenologik kuzatuvlar, chidamlilikni baholash; genom DNK ajratish, PZR tahlili, gel elektroforez va genotiplash kabi molekulyar genetik usullardan foydalanilgan.

**Tadqiqotning ilmiy yangiligi** quyidagilardan iborat:

ilk bor yuqori harorat, qurg'ochilik va sariq zang kasalligiga chidamliligi kompleks tarzda yumshoq bug'doyning mahalliy navlari va CIMMYT kolleksiyasi tizmalarida fenotipik hamda genotipik darajada (DNK markerlar yordamida) baholangan;

O'zbekiston sharoitida sariq zang kasalligiga chidamlilik bilan bog'liq Xgwm120\_156, yuqori haroratga chidamlilik bilan bog'liq Xcfa2147\_300 va qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bog'liq Xgwm484\_180 markerlari validatsiya qilinib (tasdiqlanib), ularning ushbu stress omillariga chidamlilikni aniqlashdagi yuqori samaradorligi ilmiy asoslangan;

oddiy va murakkab duragaylash usullari orqali olingan duragay kombinatsiyalarida qimmatli xo'jalik belgilari va stress omillarga chidamlilikning irsiylanish va o'zgaruvchanlik ko'lami aniqlangan;

ilk bor DNK markerlar texnologiyasi yordamida murakkab kombinatsiyali  $F_2$  o'simliklarida sariq zang, yuqori harorat va qurg'oqchilik stress omillariga chidamlilik allellarini yagona genotipga jamlash orqali yangi, istiqbolli genotiplar yaratilgan;

o'rganilgan murakkab kombinatsiyalar orasidan  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasi yuqori darajadagi chidamlilik ko'rsatkichlarini namoyon etgan va seleksiya jarayonida qimmatli manba sifatida foydalanish uchun ajratib olingan.

**Tadqiqotning amaliy natijalari** quyidagilardan iborat:

sariq zang kasalligiga immunli Xisorak, KR12-9023, KR12-5003 nav va tizmalari, yuqori haroratga o'ta chidamli KR12-5003 tizmasi, qurg'oqchilikka chidamli KR12-07 tizmasi tanlab olingan va ular kelgusida seleksiya jarayonida boshlang'ich manba sifatida foydalanish uchun ajratib olingan;

mos ravishda sariq zang, yuqori harorat va qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bog'liq Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 va Xgwm484\_180 markerlari amaliy seleksiya jarayonida bug'doy genotiplarini tezkor va aniq baholash uchun ajratib olingan;

murakkab kombinatsiyali duragaylaridan sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg'oqchilikka chidamli 6 ta istiqbolli genotip tanlab olingan. Shuningdek, ikkita stress omiliga ya'ni, sariq zang kasalligiga va yuqori haroratga chidamli - 6 ta genotip, sariq zang kasalligiga va qurg'oqchilikka chidamli - 6 ta genotip, qurg'oqchilik va yuqori haroratga chidamli - 10 ta genotiplar ajratib olingan.

**Tadqiqot natijalarining ishonchliligi** izlanishlarda qo'llanilgan genetika va seleksiyaning zamonaviy usul va yondashuvlardan foydalanilganligi, variatsiyalar tahlili (ANOVA, Origin pro) asosida olingan raqamli ma'lumotlarning statistik qayta ishlanganligi, qo'llanilgan an'anaviy va molekulyar genetik usullar hamda ilmiy yondashuvlar asosida olingan nazariy va amaliy natijalarning bir-biriga mos kelishi, tadqiqot natijalarining xorijiy va mahalliy tajribalar bilan solishtirilganligi, aniqlangan qonuniyatlar va xulosalar asoslanganligi, ilmiy va amaliy tadqiqot natijalarining xalqaro va respublika ilmiy-amaliy anjumanlarda muhokama etilganligi hamda ilmiy nashrlarda chop qilinganligi bilan izohlanadi.

**Tadqiqot natijalarining ilmiy va amaliy ahamiyati.** Tadqiqot natijalarining ilmiy ahamiyati O'zbekiston sharoitida bug'doyning sariq zang, yuqori harorat va qurg'oqchilikka chidamliligi kompleks tarzda fenotipik va genotipik darajada baholanganligi, chidamlilikning genetik asoslari o'rganilganligi, ushbu stress omillariga chidamlilik bilan bog'liq DNK markerlari validatsiya qilinganligi va

murakkab duragaylash orqali olingan yangi genetik kombinatsiyalarning chidamliligi va qimmatli xo‘jalik belgilarining o‘rganilganligi bilan izohlanadi.

Tadqiqotning natijalarining amaliy ahamiyati abiotik va biotik stresslarga kompleks chidamli genotiplarning olinganligi hamda chidamlilikka aloqador DNK markerlar (Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300, Xgwm484\_180) ishonchliligi molekulyar-genetik usullar yordamida tasdiqlanganligi bilan izohlanadi.

**Tadqiqot natijalarining joriy qilinishi.** DNK markerlar texnologiyasi yordamida yumshoq bug‘doyning biotik va abiotik omillarga chidamli genotiplarini olish bo‘yicha olingan natijalar asosida:

tadqiqotlar natijasida aniqlangan DNK markerlaridan bug‘doyning sariq zang kasalligiga chidamli liniyalarini ajratib olish, chidamli namunalarda esa qaysi turdagi Yr genlari mavjud ekanligini aniqlashda “Bug‘doyning sariq zang va g‘o‘zaning fuzariozli vilt kasalligi zamburug‘larini molekulyar genetik xilma xiligini aniqlash” (2020-2024 yillar) mavzusidagi budjet (bazaviy) dasturini bajarishda foydalanilgan (O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasining 2025 yil 12 maydagi 4/1255-1153-son ma‘lumotnomasi). Natijada, bug‘doyning biotik omillar bilan genetik bog‘langan Barc8 (Yr15), Gwm413 (Yr15), Wmc44 (Yr29) va csLV34 (Yr 18) kabi markerlari bug‘doyda sariq zang kasalligiga chidamlilikni namoyon qiluvchi chidamlilik genlarni tahlil qilish va identifikatsiyalash imkonini bergan.

tadqiqotlar natijasida O‘zbekistonning mahalliy bug‘doy navlari (Xisorak, Asr va Shams) hamda CIMMYT tashkilotining (KR12-07, KR12-5003 va KR12-9023) tizmalaridan ajratib olingan 6 ta genotip yuqori harorat, qurg‘oqchilik va sariq zang kasalligiga chidamli deb topilib, ICARDA tashkiloti tomonidan seleksiya va genetik tadqiqotlar uchun boshlang‘ich manba sifatida joriy etilgan (ICARDA - Qurg‘oqchil hududlarda qishloq xo‘jaligi tadqiqotlari xalqaro markazining 2024 yil 4 dekabrda ICT/1705 raqamli ma‘lumotnomasi). Natijada, mazkur genotiplar bug‘doyning stressga chidamliligini oshirish, genetik bazasini boyitish, iqlim o‘zgarishlariga moslashtirish va oziq-ovqat xavfsizligini ta‘minlash maqsadida olib borilayotgan amaliy ishlarni rivojlantirish imkonini bergan.

**Tadqiqot natijalarining aprobatyasi.** Mazkur tadqiqot natijalari 6 ta, jumladan, 2 ta xalqaro va 4 ta respublika ilmiy-amaliy anjumanlarida muhokamadan o‘tkazilgan.

**Tadqiqot natijalarining e‘lon qilinganligi.** Dissertatsiya mavzusi bo‘yicha jami 11 ta ilmiy ish chop etilgan, shulardan O‘zbekiston Respublikasi Oliy ta‘lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Oliy attestatsiya komissiyasi tomonidan doktorlik dissertatsiyasining asosiy ilmiy natijalarini chop etishga tavsiya etilgan ilmiy nashrlarda 5 ta maqola, jumladan, 3 tasi respublika va 2 tasi xorijiy jurnallarda nashr etilgan.

**Dissertatsiyaning tuzilishi va hajmi.** Dissertatsiya ishi tarkibi kirish, to‘rtta bob, xulosa, adabiyotlar ro‘yxati va ilovalardan iborat. Dissertatsiya hajmi 113 betni tashkil etadi.

## DISSERTATSIYANING ASOSIY MAZMUNI

**Kirish** qismida tadqiqotning dolzarbligi va ahamiyati asoslangan, tadqiqotning maqsad va vazifalari, tadqiqot obyekti va predmeti, shuningdek, respublika fan va texnologiyalari rivojlanishining ustuvor yo'nalishlariga muvofiqligi asoslab berilgan. Tadqiqotning ilmiy yangiligi va amaliy natijalari, olingan natijalarning ilmiy va amaliy ahamiyati, tadqiqot natijalarini amaliyotga joriy etish, nashr etilgan ishlar va dissertatsiya tuzilishi bo'yicha ma'lumotlar ham keltirilgan.

Dissertatsiyaning **“Bug‘doyda miqdoriy belgilar lokuslarining aniqlanishi va molekulyar seleksiyada qo‘llanilishi”** deb nomlangan birinchi bobida dissertatsiya mavzusiga oid xorijlik va respublikamiz olimlari tomonidan bug‘doyda sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamlilik belgilarini molekulyar-genetik identifikatsiyasiga qaratilgan tadqiqotlar sharhi keltirilgan. Ayniqsa, bugungi kunda dunyo olimlari tomonidan yumshoq bug‘doy seleksiyasi tadqiqotlarida qo‘llanilib kelinayotgan DNK markerlar texnologiyasi, uning ahamiyati, afzalliklari va samaradorligi alohida yoritib berilgan. Shuningdek, ushbu bobda bug‘doyda sariq zang kasalligiga, yuqori haroratga va qurg‘oqchilikka chidamlilikning genetik asoslari bilan bog‘liq tadqiqotlar natijalari keltirilgan.

Dissertatsiyaning **“Tadqiqot o‘tkazilgan joy va sharoiti, manbai va uslublari”** deb nomlangan ikkinchi bobida tajriba o‘tkazish joy, uning sharoiti, tadqiqot materiali, ularning tavsifi, tadqiqot o‘tkazish uslublari, laboratoriya va dala sharoitida an’anaviy va molekulyar-genetik usullarini amalga oshirish borasidagi ishlar, olingan natijalarni tahlil qilishda qo‘llanilgan statistik uslublar kabi ma'lumotlar va tadqiqotlar 2021-2024 yillar mobaynida Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi institutida olib borilganligi keltirilgan.

Dissertatsiya ishi bo'yicha tadqiqotlar, va unda qo‘llanilgan uslublar quyidagi izchillikda amalga oshirilgan: ana’anaviy usulda bug‘doy genotiplarini o‘zaro duragaylash, murakkab kombinatsiyali duragaylar olish va ularning avlodini oshirish, o‘simliklar to‘qimasidan genom DNK ajratish, chidamlilik markerlari asosida polimeraza zanjir reaksiyasi (PZR), gel-elektroforez va genotiplash, filogenetik shajara tuzish usullari, shuningdek, olingan raqamli ma'lumotlarni statistik usullardan foydalanib tahlil qilingan.

Dissertatsiyaning **“Tadqiqot namunalarini chidamlilikka aloqador DNK markerlari va fenologik tahlillar asosida baholash”** deb nomlangan uchinchi bobida tadqiqot namunalarini sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamliligini fenologik va DNK markerlar yordamida baholash asosida chidamli namunalar hamda ishonchli DNK markerlari ajratib olish bo'yicha olib borilgan tadqiqot natijalarining tahlili keltirilgan.

Ushbu bobning birinchi bo‘limida boshlang‘ich manba sifatida tanlab olingan bug‘doy namunalarning sariq zang kasalligiga chidamliligini baholash natijalari bayon etilgan. Tadqiqot namunalari McIntosh (1995) usulida dala sharoitida hosil qilingan sun‘iy infeksiya fonda uch yil davomida sariq zang kasalligiga chidamliligi baholandi. Natijalarga ko‘ra, Xisorak, KR12-5003 va KR12-923 namunalari sariq zang kasalligiga mutlaq chidamlilikni namoyon etib, kasallikka nisbatan immunli ekanligi aniqlangan (1-jadval).

**1-jadval.**

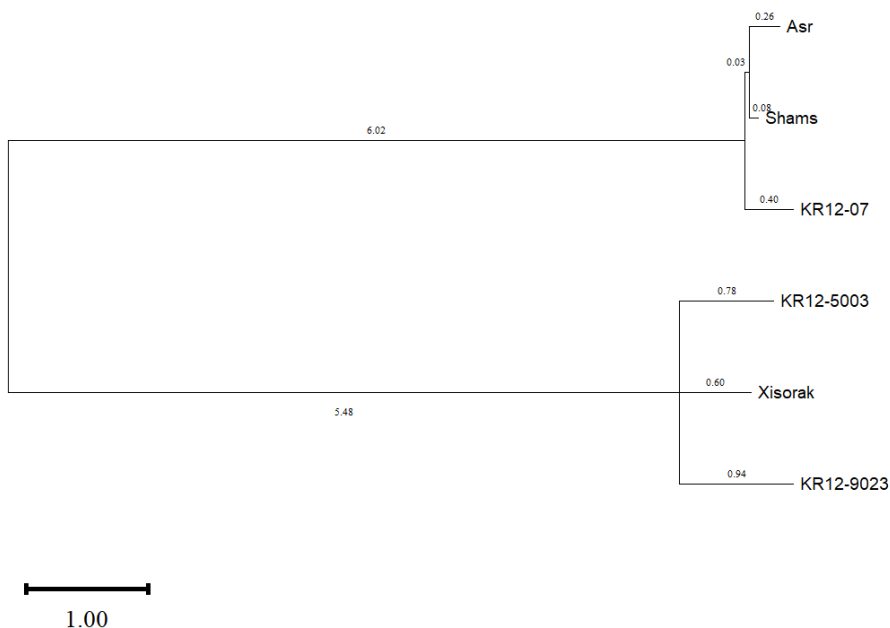
**O‘simlikning turli o‘sish fazalaridagi zararlanish darajasi va reaksiyasi.**

№	Navlar	O'simliklarning o'sish fazalari																	
		Naychalash						Boshoqlash						Gullash					
		Zararlanish darajasi va reaksiyasi (yillar kesimida)																	
		Darajasi			Reaksiyasi			Darajasi			Reaksiyasi			Darajasi			Reaksiyasi		
		2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024
1	Asr	5	20	15	S	S	S	15	40	30	MS	S	MS	20	50	40	MS	MS	MS
2	Shams	5	10	15	S	S	S	10	30	30	MS	S	MS	20	40	45	MS	MS	MS
3	Xisorak	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	KR-12-07	10	15	20	S	S	S	10	50	40	S	S	S	40	70	60	S	S	S
5	KR-12-5003	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	KR-12-9023	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

PZR tahlili natijasiga ko'ra, sariq zang kasalligiga chidamlilikka aloqador 34 ta DNK markerlaridan 11 tasi bug'doy namunalari o'rtasidagi genetik polimorfizmni namoyon etdi. Polimorf markerlardan faqatgina Xgwm120 DNK markerning 156 juft nukleotidga ega alleli (*Yr5* geniga bog'langan) yuqorida ta'kidlangan immunli chidamlilikka ega namunalarda genomida uchradi. Qolgan namunalarda ushbu allel uchramadi. Bu esa mazkur genetik markerning chidamlilikka yuqori darajada aloqador ekanligidan dalolat beradi. Ushbu natijalar chidamlilik allellari asosida hosil qilingan filogenetik shajara daraxtida ham o'z aksini topdi. Klaster tahlili namunalarda orasidagi genetik o'xshashlik yoki farqlarning darajasini ko'rsatadi. Dendrogramma ikkita asosiy klasterga ajralgan. Birinchi katta klasterdan Xisorak, KR-12-5003 va KR-12-9023 namunalari o'rin olib, bu ularning sariq zang kasalligiga chidamlilik allellari bo'yicha genetik yaqin ekanligini ko'rsatgan (1-rasm).

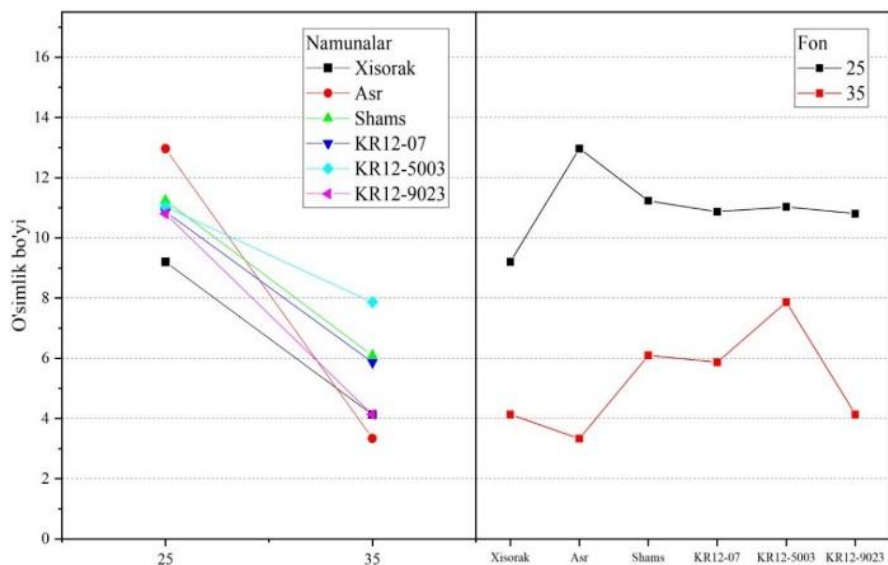
Bobning ikkinchi bo'limida bug'doy namunalari yuqori haroratga chidamliligini aniqlash bo'yicha olib borilgan tadqiqot natijalari bayon etilgan. Bunda, Alsamadaniy (2016) uslubida namunalarning maxsus o'simlik o'stirish kameralarida yuqori harorat stressi (35°C) ostida o'stirish orqali hamda DNK markerlar tahlili yordamida ularning chidamligi baholangan (2-rasm).

Yuqori haroratga chidamlilik o'simliklarning chidamlilik indeksini xisoblash orqali aniqlandi. Chidamlilik indeksi (ChI) yuqori harorat sharoitida o'sishning optimal haroratga nisbatan qanchalik saqlanib qolishini ko'rsatadi. Eng yuqori ChI ko'rsatkichlari KR12-5003 (71,8%) va Shams (54,5%) navlarida kuzatilgan.



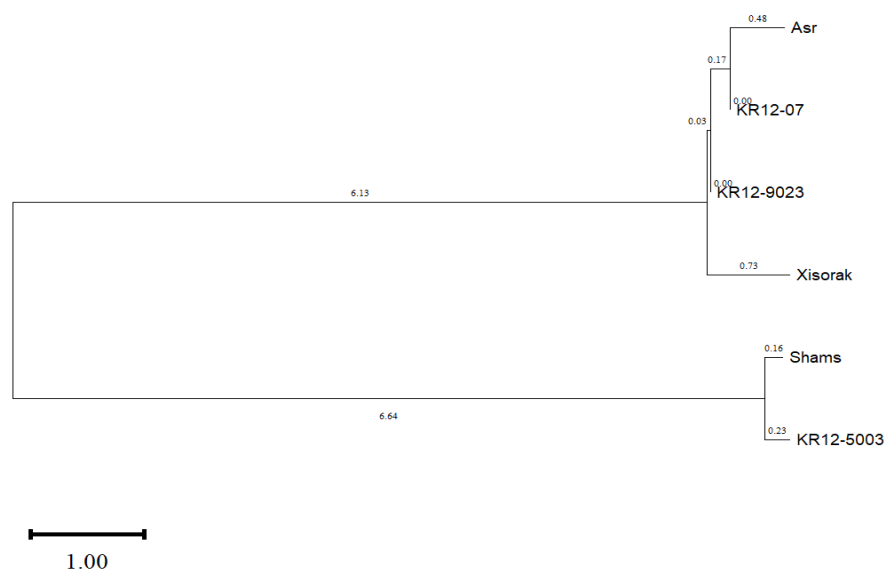
**1-rasm.** Tadqiqot namunalarining sariq zang kasalligiga chidamlilik allellari asosida tuzilgan klaster tahlili.

Bu esa ushbu navlarning yuqori haroratga nisbatan eng chidamli ekanligini ko‘rsatadi. Eng past ChI ko‘rsatkichlari Asr (25,4%) va Xisorak (44,6%) navlarida kuzatilgan. Bu ushbu navlarning yuqori haroratga nisbatan kam chidamli ekanligidan dalolatdir.



**2-rasm.** Bug‘doy namunalarining “optimal” va “stress” sharoitlaridagi o‘simlik bo‘yi ko‘rsatkichlari.

Bug‘doyning yuqori haroratga chidamliligini o‘rganish maqsadida o‘tkazilgan PZR tahlili natijasida, chidamlilik bilan bog‘liq 40 ta DNK markeridan 24 tasi genetik polimorfizmi aniqlangan. Ushbu polimorf markerlar ichida Xcfa2147 markeri alohida ahamiyatga ega bo‘lib, uning 300 juft nukleotiddan iborat alleli chidamli namunalarda uchragan. Bu holat Xcfa2147 markerining yuqori haroratga chidamlilik bilan chambarchas bog‘liqligini ko‘rsatgan (3-rasm).



**3-rasm.** Tadqiqot namunalari yuqori haroratga chidamlilik allellari asosida tuzilgan klaster tahlili.

Chidamlilik marker allellari asosida tuzilgan klaster tahlili ham bu natijani tasdiqladi va chidamli namunalar (KR12-5003 va Shams) alohida guruhni tashkil etdi. Ushbu natijalar bug‘doyning yuqori haroratga chidamliligini aniqlashda Xcfa2147 markeridan foydalanish mumkinligini ko‘rsatgan.

Bobning uchinchi bo‘limida tadqiqot namunalari qurg‘oqchilikka chidamliligini baholash bo‘yicha olingan natijalar keltirilgan. Chidamlilik laboratoriya sharoitida, Osipov (1970) va Kojushko (1982) uslublarida 16 atmosfera bosimli (17.6%) saxaroza eritmasi yordamida urug‘larning unib chiqishiga ko‘ra (2-jadval), shuningdek, Hassan (2015) usulida namunalar plastik idishlarda unib chiqqanidan 33 kun o‘tgach, optimal va stress sharoitidagi o‘simlik bo‘yi (3-jadval), tup soni, ildiz soni, ildiz uzunligi kabi belgilarini tahlil qilish orqali chidamli namunalar aniqlangan.

## 2-jadval.

### Otalik va onalik shakllarining qurg‘oqchilikka chidamlilik darajasi.

№	Namunalar	Chidamlilik* guruhi	Chidamlilik darajasi, %	Chidamlilik klassifikatsiyasi
1	Xisorak	III	50	O‘rtacha chidamli
2	Asr	II	25	O‘rtacha chidamsiz
3	Shams	I	20	Chidamsiz
4	KR12-07	IV	70	Chidamli
5	KR12-5003	II	30	O‘rtacha chidamsiz
6	KR12-9023	IV	65	Chidamli

\*Chidamlilik guruhining yuqori bo‘lshi chidamlilikning yuqori bo‘lishini anglatadi

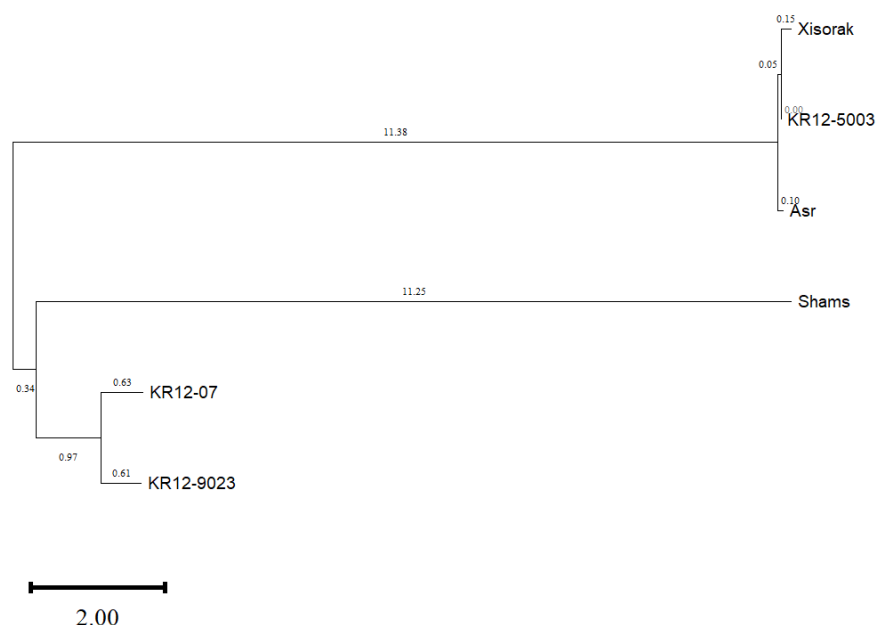
Natijalarga ko‘ra har ikkala usulda ham KR12-07 va KR12-9023 tizmalarining qurg‘oqchilikka chidamli ekanligi aniqlandi. Bunda, Osipov va Kojushko usuliga ko‘ra namunalar mos ravishda 70% va 65% (2-jadval), Hassan usuliga ko‘ra namunalarning chidamlilik indeksi mos ravishda 93,5% va 94,7% boshqa namunalarga nisbatan chidamliroq ekanligi kuzatilgan (3-jadval).

### 3-jadval.

#### Tadqiqot namunalarining ikki xil muhitda o‘simlik bo‘y ko‘rsatkichi.

№	Namunalar	O‘simlik bo‘yi, sm		Chidamlilik indeksi (ChI, %)
		Optimal	Stress	
1	Xisorak	35,6±0,7	29,8±0,9	83,7
2	Asr	40,2±0,6	36,1±1,4	89,8
3	Shams	37,9±0,7	32,5±0,9	85,7
4	KR12-07	41,7±0,3	39,0±1,0	93,5
5	KR12-5003	38,0±1,0	33,0±1,0	86,8
6	KR12-9023	35,7±0,9	33,8±1,0	94,7

DNK markeri tahlili natijalari shuni ko‘rsatdiki, qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liq 29 ta DNK markeridan 11 tasi namunalar orasida polimorf bo‘ldi. Ushbu polimorf markerlar orasida Xgwm484 markerining 180 juft nukleotiddan iborat alleli qurg‘oqchilikka chidamli namunalarda aniqlangan. Bu Xgwm484 markerining qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liqligini ko‘rsatadi. Chidamlilik marker allellari asosida tuzilgan filogenetik daraxt ham ushbu natijani tasdiqladi va chidamli namunalarning alohida guruhni tashkil etganligini ko‘rsatgan (4-rasm).

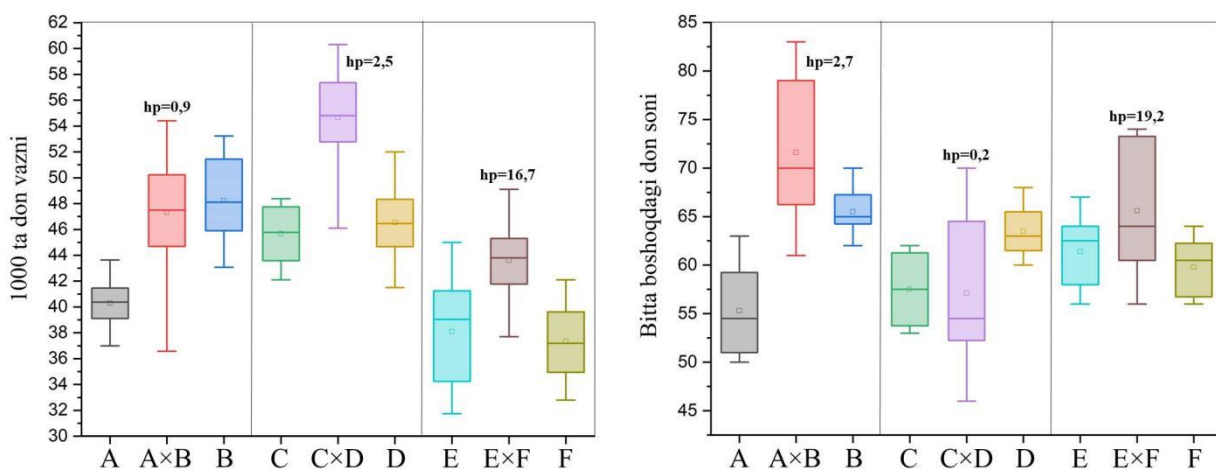


**4-rasm.** Tadqiqot namunalarining qurg‘oqchilikka chidamlilik allellari asosida tuzilgan klaster tahlili.

Ushbu natijalar Xgwm484 markeridan bug‘doyning qurg‘oqchilikka chidamliligini aniqlashda foydalanish mumkinligini ko‘rsatgan.

Dissertatsiyaning **“Murakkab kombinatsiyali duragaylar olish, polimorf markerlar asosida genotiplash va chidamliligini baholash”** mavzusidagi to‘rtinchi bobida oddiy va murakkab kombinatsiyali duragaylar olish va morfobiologik belgilarini, biotik va abiotik stress omillariga chidamliligini baholash hamda chidamlilik marker allellariga ega bo‘lgan genotiplarni tanlab olishga qaratilgan tadqiqot natijalari keltirilgan.

Bobning murakkab kombinatsiyali duragaylar olish va morfo-biologik belgilarini baholashga qaratilgan bo‘limida oddiy va murakkab kombinatsiyali duragaylarni olinish, ularni tavsiflash va belgi-xususiyatlarining irsiylanishi va o‘zgaruvchanlik ko‘lamini aniqlash tadqiqotlari yoritib berilgan. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, otalik shakllaridagi bitta boshqadagi don soni belgisi  $F_1(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003})$  ( $hp=2,7$ ) va  $F_1(\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  ( $hp=19,2$ ) duragay kombinatsiyalariga o‘ta dominant tarzida irsiylanganligi kuzatilgan.  $F_1(\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasi duragaylarida esa irsiylanish koeffitsenti  $hp=0,2$  ga teng bo‘lib, to‘liqsiz dominantlik tarzida irsiylanganligi namoyon bo‘ldi. Otalik shakllaridagi 1000 ta don vazni belgisi  $F_1(\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  ( $hp=2,5$ ) va  $F_1(\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  ( $hp=16,7$ ) duragay kombinatsiyalariga o‘ta dominant tarzida irsiylanganligi aniqlandi.  $F_1(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003})$  duragay kombinatsiyasida esa  $hp=0,9$  ga teng bo‘lib, to‘liqsiz irsiylanishni namoyon qilgan (5-rasm).

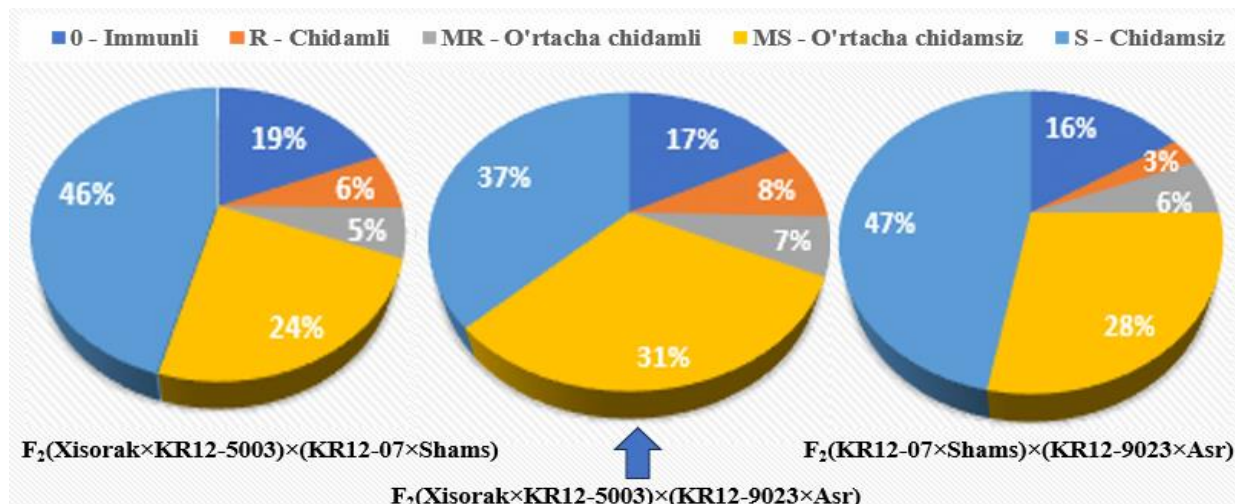


**5-rasm.** Birinchi avlod ( $F_1$ ) duragay kombinatsiyalarda bitta boshqadagi don soni va 1000 ta don vazni ko‘rsatkichlarining irsiylanishi. **A** - Xisorak, **AxB** -  $F_1(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003})$ , **B** - KR12-5003, **C** - KR12-9023, **CxD** -  $F_1(\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$ , **D** - Asr, **E** - KR12-07, **ExF** -  $F_1(\text{KR12-07} \times \text{Shams})$ , **F** - Shams.

O‘rganilayotgan  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003})$ ,  $F_2(\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  va  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  duragay kombinatsiyalarida 1000 ta don vaznining nasldan-naslga berilishi mos ravishda  $h^2=0,71$ ,  $h^2=0,68$  va  $h^2=0,74$  ekanligi aniqlangan. Murakkab kombinatsiyali  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Shams})$ ,  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  va  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Shams}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  duragaylarda ushbu belgi irsiylanishining nisbatan yuqori bo‘lishi belgining nasldan-naslga berilishdagi ( $h^2=0,55$ ;  $h^2=0,69$  va  $h^2=0,65$ ) genotipik hissasi yuqori ekanligini tasdiqlaydi. Ushbu natijalar oddiy duragaylashdan ko‘ra murakkab duragaylash usulining ahamiyati yuqori ekanligini va bu salbiy ko‘rsatkichga ega namunalar bilan bir qatorda ijobiy transgressiv hamda rekombinativ shakllar olish imkoniyatini asoslagan.

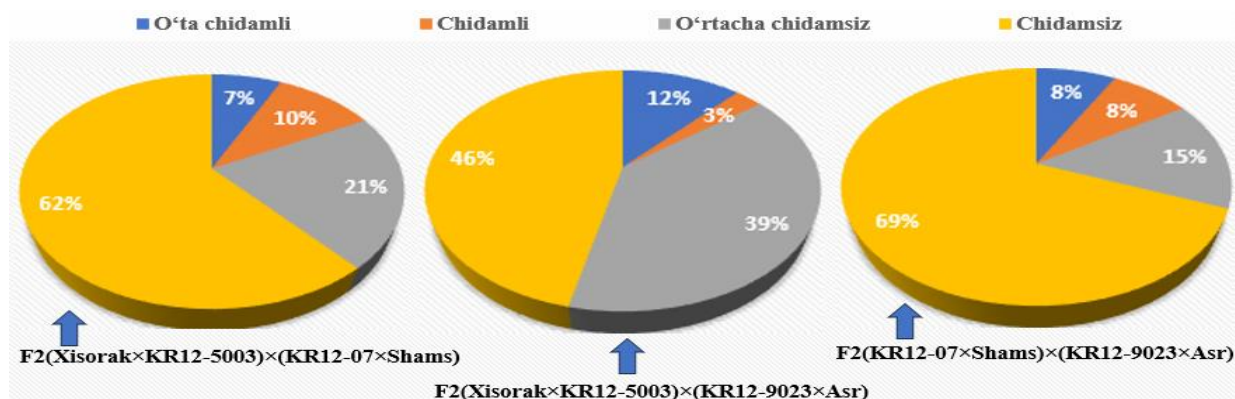
Ushbu bobning ikkinchi bo‘limida duragaylarning sariq zang, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamliligi dala va laboratoriya sharoitida baholash natijalari hamda murakkab kombinatsiyali  $F_2$  duragaylarida PZR tahlillari va chidamlilik tahlil natijalari keltirilgan.

Duragaylarning sariq zang kasalligiga chidamliligi o‘simliklarning naychalash va boshqalash fazalarida zararlanish darajasi va reaksiyasiga ko‘ra baholandi. Baholash natijasida  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  duragay kombinatsiyasining 127 ta genotipdan 25,0% chidamli, 75,0% chidamsiz;  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasining 110 ta genotipdan 25,0% chidamli, 75,0% chidamsiz;  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Shams}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasining 100 ta genotipdan 19,0% chidamli, 81,0% chidamsiz bo‘lganligi kuzatilgan (6-rasm).



6-rasm. Murakkab kombinatsiyali  $F_2$  duragaylarning sariq zang kasalligiga chidamliligi.

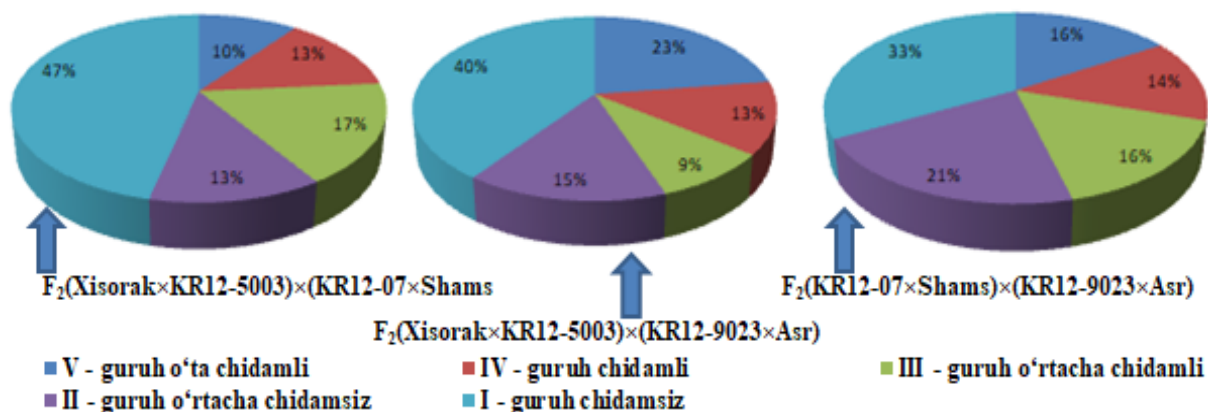
Yuqori haroratga chidamlilik bo‘yicha  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  duragay kombinatsiyasining 127 ta genotipdan 7% o‘ta chidamli, 10% chidamli, 21% o‘rtacha chidamsiz va 62% chidamsiz;  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasining 110 ta genotipdan 12% o‘ta chidamli, 3% chidamli, 39% o‘rtacha chidamsiz va 46% chidamsiz;  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Shams}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  kombinatsiyasining 100 ta genotipdan 8% o‘ta chidamli, 8% chidamli, 84% o‘rtacha chidamsiz va chidamsiz ekanligi aniqlangan (7-rasm).



7-rasm. Murakkab kombinatsiyali duragaylarning yuqori harorat ta'siriga chidamlilik darajasi.

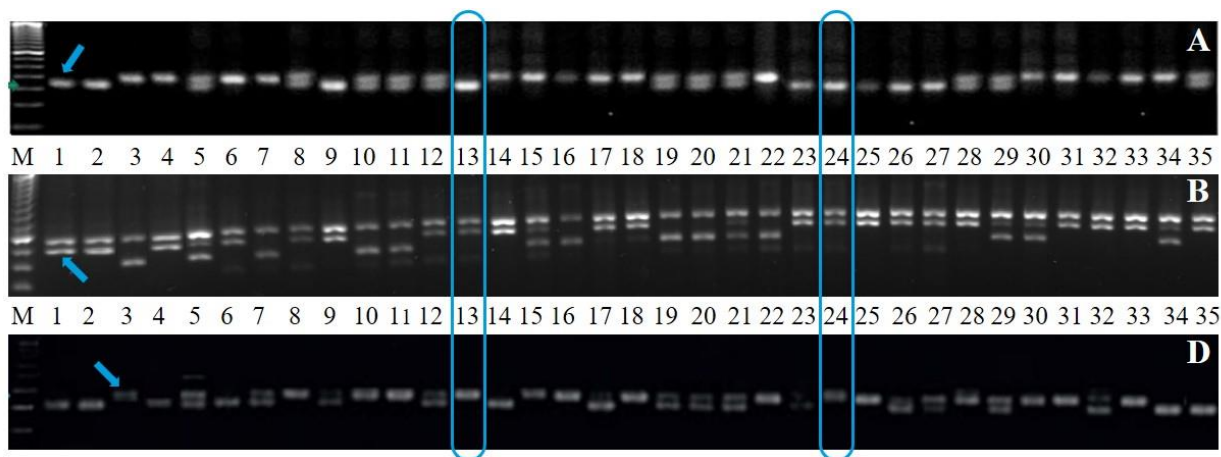
Qurg‘oqchilikka chidamlilik bo‘yicha  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  duragaylarida jami 127 ta namuna tahlil qilingan, shundan V guruhga mansub qurg‘oqchilikka o‘ta chidamli namunalar 10,0% ni, IV guruhga mansub

chidamli namunalar 13,0% ni, III guruhga mansub o'rtacha chidamli namunalar 17,0% ni, II guruhga mansub o'rtacha chidamsiz namunalar 13,0% ni hamda I guruhga mansub chidamsiz namunalar soni 47,0% ni tashkil etdi.  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  duragay kombinatsiyada jami 110 ta genotiplar qurg'oqchilikka chidamlilik darajasi bo'yicha quyidagicha guruhlariga ajraldi: V guruh o'ta chidamli namunalar 23,0%, IV guruhga mansub chidamli namunalar 13,0%, III guruhga mansub o'rtacha chidamli namunalar esa 9,0%, II guruhga mansub o'rtacha chidamsiz namunalar 15,0%, I guruhga mansub chidamsiz namunalar 40,0% ni tashkil etdi.  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Shams}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Asr})$  ushbu kombinatsiya doirasida jami 100 ta namunalar tahlil qilinganda, qurg'oqchilikka chidamlilik darajasiga ko'ra V guruhga mansub o'ta chidamli namunalar 16,0%, IV guruhga mansub chidamli namunalar 14,0%, III guruhga mansub o'rtacha chidamli namunalar 16,0%, II guruhga mansub o'rtacha chidamsiz namunalar 21,0%, I guruhga mansub chidamsiz namunalar 33,0% ekanligi aniqlangan (8-rasm).



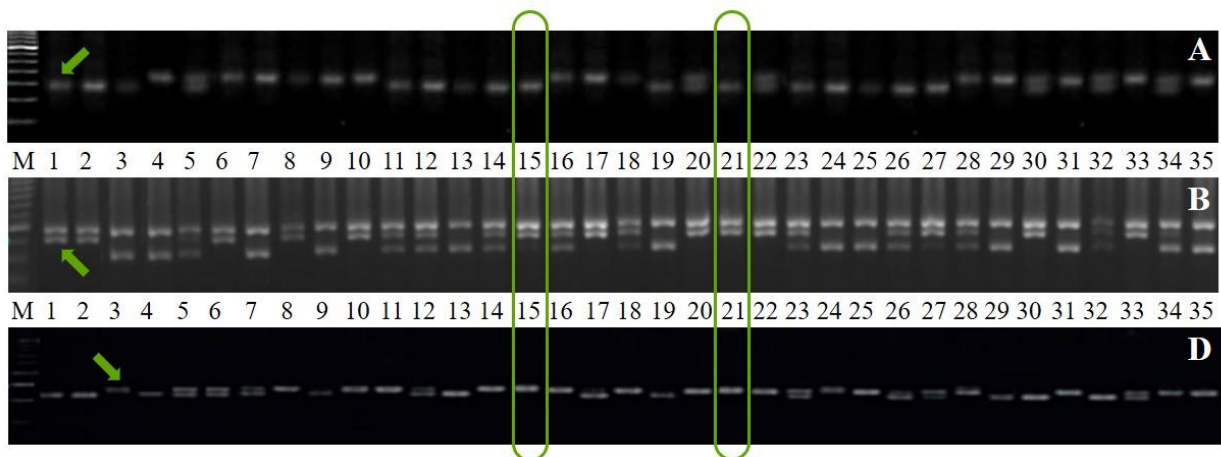
**8-rasm.** Murakkab kombinatsiyali  $F_2$  duragaylarning qurg'oqchilikka chidamlilik darajasi.

PZR tahlillariga ko'ra,  $F_2(\text{Xisorak} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Shams})$  duragaylarining 30 tasidan 7 tasida zangga chidamlilikka aloqador Xgwm120\_156 marker alleli bo'yicha 7 tasida gomozigota, 10 tasida geterozigota holatida ekanligi aniqlangan bo'lsa qolgan 13 ta namuna genomida ushbu allel aniqlanmadi (9-rasm A). Ushbu duragay kombinatsiyaning yuqori haroratga chidamlilikka aloqador Xcfa2147\_300 marker allellarining tahliliga ko'ra 17 ta duragayda gomozigota, 5 tasida geterozigota holatida, qolgan 8 tasi genomida esa mutlaqo uchramagan (9-rasm B). Shuningdek, qurg'oqchilikka chidamlilik bo'yicha Xgwm484\_180 allelning tahliliga ko'ra 14 ta namunalarda chidamlilik alleli gomozigota holatida, 11 tasi geterozigota holatida, qolgan 5 tasi esa namunalar genomida amplifikatsiya bo'lmagan (9-rasm D).



**9-rasm.**  $F_2$  (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-07×Shams) murakkob duragay kombinatsiyasining gel-elektroforegrammasi. **M** - Molekulyar og'irlik markeri, **A** – Xgwm120 (156 juft asos), **B** – Xcfa2147 (300 juft asos), **D** – Xgwm484 (180 juft asos), 1 - Xisorak, 2 - KR12-5003, 3 - KR12-07, 4 - Shams, 5 -  $F_1$ , 6-35 -  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-07×Shams) duragaylari.

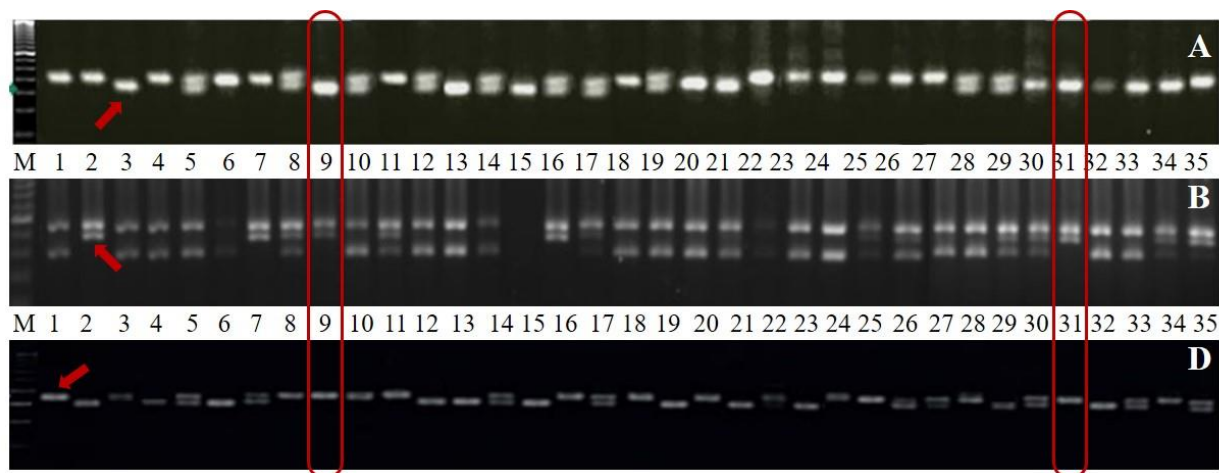
Murakkab kombinatsiyali  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) duragaylarda sariq zang kasaliligiga chidamlilik markeri Xgwm120\_156 allel holatiga ko'ra 30 ta namunadan 12 tasida gomozigota, 5 tasida geterozigota, qolgan 13 ta duragaylarda ushbu allel uchramadi (10-rasm A). Shuningdek, Xcfa2147\_300 yuqori haroratga chidamlilik markerining tegishli alleli 9 ta duragayda gomozigota, 11 tasida geterozigota holatida mavjud ekanligi kuzatildi, qolgan 10 ta duragay genomida uchramadi (10-rasm B). Bundan tashqari, Xgwm484\_180 qurg'oqchilikka chidamlilik marker alleli bo'yicha 16 ta duragaylarda gomozigota, 6 tasida geterozigota holatda, qolgan 8 ta duragay genomida ushbu chidamlilik alleli uchramagan(10-rasm D).



**10-rasm.**  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) murakkab duragay kombinatsiyasining gel-elektroforegrammasi. **M** - Molekulyar og'irlik markeri, **A** – Xgwm120 (156 juft asos), **B** – Xcfa2147 (300 juft asos), **D** – Xgwm484 (180 juft asos), 1 - Xisorak, 2 - KR12-5003, 3 - KR12-9023, 4 - Asr, 5 -  $F_1$ , 6-35 -  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) duragaylari.

Tadqiqotimiz davomida  $F_2$ (KR12-07×Shams)×(KR12-9023×Asr) duragaylarida zangga chidamlilikning Xgwm120\_156 marker bilan amalga oshirilgan PZR tahlili natijalariga ko'ra, 10 ta duragaylarda chidamlilik alleli gomozigota holatida ekanligi, 9 tasida geterozigota holatida ekanligi kuzatildi. Qolgan 11 ta duragaylarda sariq zang kasaliligiga chidamlilik alleli uchramaganligi

aniqlandi (11A-rasm). Xcfa2147\_300 yuqori haroratga chidamlilik marker alleli tahliliga ko‘ra 5 ta duragaylarda gomozigota holatida ekanligi, 8 tasida geterozigota, qolgan 17 ta duragay genomida chidamlilik alleli uchramadi (11B-rasm). Duragaylar Xgwm484\_180 qurg‘oqchilikka chidamlilik marker alleliga ko‘ra genotiplanganda 12 ta ushbu allel gomozigota holatda ekanligi, 9 tasi geterozigota holatidali va qolgan 9 ta duragay genomida uchramaganligi kuzatilgan (11D-rasm).



**11-rasm.**  $F_2(KR12-07 \times Shams) \times (KR12-9023 \times Asr)$  murakkab duragay kombinatsiyasining gel-elektroforegrammasi. **M** - Molekulyar og‘irlik markeri, **A** – Xgwm120 (156 juft asos), **B** – Xcfa2147 (300 juft asos), **D** – Xgwm484 (180 juft asos), 1 - KR12-07, 2 - Shams, 3 - KR12-9023, 4 - Asr, 5 -  $F_1$ , 6-35 -  $F_2(KR12-07 \times Shams) \times (KR12-9023 \times Asr)$  duragaylari.

Shunday qilib, tadqiqot namunalarining an’anaviy va molekulyar-genetik tahlillari asosida murakkab kombinatsiyali ikkinchi avlod duragalari orasidan sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamlilik marker allellari yagona genotipga jamlagan, kompleks belgilarga ega bo‘lgan yangi transgressiv shakllar olindi. Jumladan,  $F_2(Xisorak \times KR12-5003) \times (KR12-07 \times Shams)$  duragay kombinatsiyasidan 21- va 67-oilalar,  $F_2(Xisorak \times KR12-5003) \times (KR12-9023 \times Asr)$  kombinatsiyasidan 40- va 49-oilalar,  $F_2(KR12-07 \times Shams) \times (KR12-9023 \times Asr)$  kombinatsiyasidan esa 20- va 85-oilar yangi transgressiv shakllar sifatida ajratib olingan.

Tadqiqot natijalari shuni ko‘rsatdiki, DNK markerlari texnologiyasi bug‘doyning abiotik va biotik stresslarga chidamli yangi genotiplarini yaratishda muhim rol o‘ynaydi. Bug‘doyda yaratilgan keng genetik xilma-xillikka ega bo‘lgan murakkab kombinatsiyali duragaylar, tarixiy seleksiya jarayonlarida yuzaga kelgan genetik torayish muammosini hal qiladi. Ushbu duragaylar bug‘doy seleksiyasi uchun qimmatli belgilarni o‘z ichiga olgan boshlang‘ich seleksion manbalarni taqdim etadi va populyatsiya ichidan yaxshilangan xususiyatlarga ega genotiplarni tanlash orqali yangi navlarni yaratish imkonini beradi.

## XULOSALAR

“DNK markerlar texnologiyasi yordamida yumshoq bug‘doyning biotik va abiotik omillarga chidamli genotiplarini olish” mavzusi bo‘yicha olib borilgan tadqiqot natijalari asosida quyidagi xulosalar taqdim etilgan:

1. Laboratoriya va dala sinovlari natijasida Xisorak, KR12-9023 va KR12-5003 nav va tizmalari sariq zangga immunli (zararlanish 0%), KR12-5003 tizmasi yuqori haroratga o‘ta chidamli, KR12-07 tizmasi qurg‘oqchilikka chidamli 70% (IV guruh) ekanligi aniqlandi;

2. Bug‘doy namunalarini biotik va abiotik stresslarga chidamlilikka aloqador 103 ta SSR markerlari bilan genotiplash, namunalarning chidamlilik allellari bo‘yicha genetik xilma-xilligini o‘rganishga imkon berdi;

3. Bug‘doy namunalarining genetik polimorfizmi asosida ularning filogenetik shajarasi tuzildi va namunalarning o‘zaro filogenetik uzoq yoki yaqinligi ochib berildi.

4. Bug‘doy namunalaridagi genotipik va fenotipik (chidamlilik) ma‘lumotlarning statistik tahlili asosida Xgwm120\_156 juft asosli alleli (*Yr5* geni) markerining sariq zang kasalligiga, Xcfa2147\_300 markerining yuqori haroratga hamda Xgwm484\_180 markerining qurg‘oqchilikka chidamlilikka yuqori darajada aloqador va ishonchi markerlar ekanligi aniqlandi;

5. Murakkab kombinatsiyali  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-07×Shams),  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) va  $F_2$ (KR12-07×Shams)×(KR12-9023×Asr) duragaylarning 2 tadan genotipida o‘rganilayotgan barcha chidamlilik allellari (Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 va Xgwm484\_180) yagona genotipga jamlanganligi aniqlandi;

6. Uchala chidamlilik allellariga ega barcha duragay o‘simliklari zang kasalligiga immunli, yuqori haroratga o‘ta chidamli, qurg‘oqchilikka mos ravishda 85-100% (V guruh) chidamli ekanligini namoyon etdi;

7. Murakkab kombinatsiyali  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) duragaylar uchala stress omiliga chidamlilik bo‘yicha eng yaxshi natijani ko‘rsatib, 56,6% duragaylarda zangga chidamlilik alleli mavjudligi, 26% o‘simliklar fenotipik chidamli bo‘lganligi aniqlandi. 66,6% duragaylarda yuqori haroratga chidamlilik alleli kuzatilgan, 14,5% o‘simlik o‘ta chidamli ekanligi, shuningdek, 80% o‘simliklarda qurg‘oqchilikka chidamlilik allellarining mavjudligi, 36% duragaylar esa chidamli ekanligi kuzatilgan;

8. Genomida chidamlilik allellari mavjud  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-07×Shams),  $F_2$ (Xisorak×KR12-5003)×(KR12-9023×Asr) va  $F_2$ (KR12-07×Shams)×(KR12-9023×Asr) kombinatsiyalarga mansub 6 ta duragaylarni sariq zang kasalligiga, yuqori harorat va qurg‘oqchilikka chidamlilik uchun seleksion dasturlarda boshlang‘ich ashyo sifatida hamda Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 va Xgwm484\_180 DNK markerlarini ishonchli markerlar sifatida foydalanishga tavsiya etilgan.

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

---

**ИНСТИТУТ ГЕНЕТИКИ И ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ  
БИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ**

**ЭРЖИГИТОВ ДОСТОН ШЕРАЛИЕВИЧ**

**ПОЛУЧЕНИЕ ГЕНОТИПОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ,  
УСТОЙЧИВЫХ К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ  
ФАКТОРАМ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ ДНК-  
МАРКЕРОВ**

**03.00.09 – Общая генетика**

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

**ТАШКЕНТ – 2025**

**Тема диссертации доктора философии (PhD) зарегистрирована в Высшей аттестационной комиссии при Министерстве высшего образования, науки и инноваций Республики Узбекистан за номером B2024.4.PhD/B1338.**

Диссертационная работа выполнена в Институте генетики и экспериментальной биологии растений.

Автореферат диссертации на трех языках (узбекский, русский и английский (резюме)) размещён на веб-странице Научного совета ([www.genetika.uz](http://www.genetika.uz)) и Информационно-образовательном портале «ZiyoNET» ([www.ziynet.uz](http://www.ziynet.uz)).

<b>Научный руководитель:</b>	<b>Тураев Озод Суннаталиевич</b> доктор философии (PhD) по биологическим наукам
<b>Официальные оппоненты:</b>	<b>Бозоров Тохир Ахмадович</b> доктор биологических наук <b>Хамраев Нурбек Улугбекович</b> доктор философии (PhD) по биологическим наукам
<b>Ведущая организация:</b>	<b>Самаркандский государственный университет имени Шарафа Рашидова</b>

Защита диссертации состоится «\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 года в \_\_\_\_ часов на заседании Научного совета DSc.02/30.12.2019.B.53.01 при Институте генетики и экспериментальной биологии растений, (Адрес: 111208, Ташкентская область, Кибрайский район, пос Юкори-юз дом 266). Актовый зал института генетики и экспериментальной биологии растений. Тел.: (99871) 264-23-90, факс: (99871) 264-22-30. E-mail: [igebr@academy.uz](mailto: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, пос Юкори-юз. Тел.: (99871) 264-23-90, факс: (99871) 264-22-30.

Автореферат диссертации разослан «\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 года.  
(реестр протокола № \_\_\_\_ от «\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 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

**И.Т. Каххаров**

Председатель научного семинара при Научном совете по присуждению учёных степеней, д.с/х.н., профессор

## ВВЕДЕНИЕ (аннотация диссертации доктора философии (PhD))

**Актуальность и востребованность темы диссертации.** Пшеница (*Triticum aestivum* L.) является одной из наиболее широко возделываемых и питательно ценных зерновых продовольственных культур в мировом сельском хозяйстве. Рост численности населения на планете приводит к постоянному увеличению потребности в продуктах питания. Однако глобальные изменения климата, а также различные биотические и абиотические стрессовые факторы оказывают негативное влияние на урожайность пшеницы, что требует создания новых генотипов и сортов, устойчивых к данным неблагоприятным условиям. С целью смягчения последствий климатических изменений во многих странах мира активно ведутся исследования по созданию сортов пшеницы, устойчивых к биотическим и абиотическим стрессам, с применением технологии молекулярных ДНК-маркеров. Эти исследования имеют большое значение для повышения продуктивности культур и удовлетворения растущих потребностей населения в продуктах питания.

В условиях современного сельского хозяйства обеспечение стабильной продовольственной безопасности и повышение урожайности стратегических культур, таких как пшеница (*Triticum aestivum* L.), остаются приоритетными задачами. В частности, ведутся обширные исследования по выявлению генов и ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью мягкой пшеницы к высоким температурам, засухе и жёлтой ржавчине, а также по их использованию в современных селекционных технологиях для создания устойчивых сортов. Несмотря на достигнутые успехи, жёлтая ржавчина, высокая температура и засуха по-прежнему остаются серьёзными проблемами, требующими эффективного решения. В этом контексте создание высокопродуктивных и устойчивых к стрессовым условиям генотипов и сортов мягкой пшеницы представляет собой одну из актуальных задач современной селекции.

В нашей стране в области зерноводства проводятся научные исследования, направленные на создание сортов мягкой пшеницы, устойчивых к биотическим и абиотическим стрессам, с внедрением интенсивных и инновационных методов. В рамках проведенных исследований достигнуты важные результаты в создании новых перспективных сортов путем определения генотипов мягкой пшеницы, адаптированных к местным климатическим условиям и устойчивых к заболеваниям, а также применения полученных данных в селекции. В Указе Президента Республики Узбекистан от 28 января 2022 года УП-60, касающемся стратегии развития Нового Узбекистана на 2022-2026 годы, обозначены задачи по научному интенсивному развитию сельского хозяйства с целью «увеличение доходов крестьян и фермеров не менее чем в два раза, а также достижения ежегодного роста сельского хозяйства не менее 5 процентов»<sup>1</sup>.

---

<sup>1</sup> Указ Президента Республики Узбекистан № УП-60 от 28 января 2022 года «О Стратегии развития Нового Узбекистана на 2022-2026 годы»

Исходя из этих задач, объединение устойчивости к высокой температуре, засухе и желтой ржавчине в одном генотипе на основе ДНК-маркеров из образцов местных и мировых коллекций сортов мягкой пшеницы, выращиваемых в Узбекистане, имеет важное научный и практический значение.

Указ Президента Республики Узбекистан от 23 октября 2019 года № УП-5853 «О Стратегии развития сельского хозяйства Республики Узбекистан на 2020-2030 годы», Постановление Президента Республики Узбекистан от 6 марта 2020 года № ПК-4634 «О мерах по широкому внедрению рыночных принципов в выращивании, закупке и реализации зерна», а также другие нормативно-правовые акты, относящиеся к данной деятельности, определяют задачи, выполнении которых в определенной степени поддерживается настоящим диссертационным исследованием.

**Соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки и технологий республики.** Данное исследование выполнено в соответствии с приоритетными направлениями развития науки и технологий республики V. «Сельское хозяйство, биотехнология, экология и охрана окружающей среды».

**Степень изученности проблемы.** На сегодняшний день во всем мире в селекции пшеницы эффективно используется технология ДНК-маркеров. В частности, с использованием ДНК-маркеров были проведены исследования по объединению устойчивости к урожайности и желтой ржавчине в одном генотипе, такими учеными, как S. Kaur (2020), R. Liu (2020), A. Sharma (2021), F. Wang (2023), по получению генотипов с высоким содержанием и качеством белка, а также устойчивостью к ржавчине и мучнистой росе – P. Gupta (2021, 2022), X. Jin (2022), по объединению генов устойчивости к абиотическим стрессам в одном генотипе – G. Zhao (2023), по молекулярно-генетическому изучению количественных признаков растений – И.Н. Леонова (2015), Е.К. Потокина (2005), Ю.П. Алтухов (2002), Б.В. Ригин (2005), Ю.В. Чесноков (2013), Е.К. Хлесткина (2013), по созданию новых генотипов мягкой пшеницы с ценными хозяйственными признаками и оценке их устойчивости к заболеваниям – В.В. Сюков (2013) и З.Н. Керимова.

В Республике Узбекистан проведены научные исследования по генетике мягкой пшеницы, определению устойчивости к неблагоприятным факторам окружающей среды и желтой ржавчине учеными, такими как S.K. Baboyev (2008-2023), X.C. Тўрақулов (2014-2024), З.М. Зияев (2016-2023), Н.Ж. Умиров (2008-2023), а также по оценке показателей качества зерна сортов – Д.Э. Қулмаматова (2022), Н.У. Хараев (2022), по анализу SSR-маркеров и экспрессии генов, ответственных за устойчивость к абиотическим стрессам в сортах пшеницы – Ф.Н. Кушанов (2018-2024) и О.С. Тураев (2022-2024), а также по молекулярно-генетической оценке устойчивости к засухе – У.Ш. Баҳадиров (2022).

Однако в нашей стране еще недостаточно исследований, направленных на объединение устойчивости мягкой пшеницы к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе в одном генотипе на основе технологии ДНК-маркеров.

Поэтому проведение научных исследований в этой области имеет важное научное и практическое значение.

**Связь темы диссертации с научно-исследовательскими работами научно-исследовательского учреждения, где выполнена работа.**

Диссертационное исследование выполнено в рамках фундаментального проекта IL-4821091674 «Определение вклада генов, кодирующих дегидрины, в устойчивость мягкой пшеницы к засухе с целью разработки эффективных молекулярных маркеров, перспективных для создания устойчивых к засухе сортов» (2022-2024 гг.) плана научно-исследовательских работ Института генетики и экспериментальной биологии растений.

**Целью исследования** является использование технологии ДНК-маркеров для объединения признаков устойчивости к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе в одном генотипе озимой мягкой пшеницы с целью получения новых генотипов.

**Задачи исследования:**

Оценка устойчивости местных сортов мягкой пшеницы и перспективных линий из коллекции СИММУТ к высокой температуре, засухе и желтой ржавчине в полевых и лабораторных условиях;

Оценка образцов пшеницы по основным морфологическим и хозяйственным признакам;

Изучение генетического полиморфизма образцов пшеницы на основе ДНК-маркеров, генетически связанных с устойчивостью к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе;

Получение простых и сложных комбинационных гибридов по каждому изучаемому признаку с участием исследуемых образцов;

Оценка устойчивости гибридных комбинаций к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе в лабораторных и полевых условиях;

Оценка морфо-хозяйственных показателей гибридных комбинаций в лабораторных и полевых условиях;

Отбор генотипов, сочетающих признаки устойчивости к высокой температуре, засухе и желтой ржавчине, путем генотипирования сложных комбинационных гибридов второго поколения ( $F_2$ ) с помощью полиморфных ДНК-маркеров.

**Объектом исследования** послужили местные сорта мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.), выведенные в Узбекистане, а также сорта и линии, предоставленные Международным центром по улучшению кукурузы и пшеницы (СИММУТ), и гибридные комбинации, полученные с их участием.

**Предметом исследования** являются устойчивость сортов и линий озимой мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.), а также гибридов, полученных на их основе, к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе, а также генетическое разнообразие образцов сортов, их кластерный анализ и филогенетические взаимосвязи между ними с использованием ДНК-маркеров, связанных с указанными признаками.

**Методы исследования.** В ходе выполнения диссертационного исследования были использованы традиционные методы генетики и селекции пшеницы, включая простое и сложное скрещивания, сравнительную морфологию, фенологические наблюдения, оценку устойчивости, а также молекулярно-генетические методы, такие как выделение геномной ДНК, ПЦР-анализ, гель-электрофорез и генотипирование.

**Научная новизна исследования заключается в следующем:**

впервые комплексная оценка устойчивости к высокой температуре, засухе и бурой ржавчине была проведена у местных сортов мягкой пшеницы и линий из коллекции СИММУТ на фенотипическом и генотипическом уровнях с использованием ДНК-маркеров;

в условиях Узбекистана была проведена валидация (подтверждение) маркеров Xgwm120\_156, ассоциированного с устойчивостью к жёлтой ржавчине, Xcfa2147\_300 – к высокотемпературному стрессу и Xgwm484\_180 – к засухе, при этом их высокая эффективность в идентификации устойчивости к соответствующим биотическим и абиотическим стрессовым факторам была научно обоснована;

определены наследуемость и изменчивость ценных хозяйственных признаков и устойчивости к стрессовым факторам в гибридных комбинациях, полученных с использованием простого и сложного скрещивания;

впервые с использованием технологии ДНК-маркеров у F<sub>2</sub>-растений со сложными комбинациями были созданы новые перспективные генотипы путём объединения в одном генотипе аллелей устойчивости к бурой ржавчине, высокотемпературному стрессу и засухе;

среди изученных сложных комбинаций F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) продемонстрировала высокие показатели устойчивости и отобрана в качестве ценного источника для использования в селекционном процессе.

**Практические результаты исследования заключается в следующем:**

были отобраны иммунные к жёлтой ржавчине сорта и линии Xisorak, KR12-9023 и KR12-5003, линия KR12-5003, обладающая высокой устойчивостью к повышенным температурам, а также линия KR12-07, устойчивая к засухе. Указанные генотипы выделены в качестве исходного материала для последующего использования в селекционном процессе;

соответственно, маркеры Xgwm120\_156 (ассоциированный с устойчивостью к жёлтой ржавчине), Xcfa2147\_300 (к высокой температуре) и Xgwm484\_180 (к засухе) были выделены для использования в практическом селекционном процессе с целью оперативной и точной оценки генотипов пшеницы на устойчивость к соответствующим стрессовым факторам;

из сложных комбинаций гибридов отобраны 6 перспективных генотипов, устойчивых к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе. Также выделены 6 генотипов, устойчивых к желтой ржавчине и высокой температуре, 6 генотипов, устойчивых к желтой ржавчине и засухе, и 10 генотипов, устойчивых к высокой температуре и засухе.

**Достоверность результатов исследования** обоснована использованием современных методов и подходов в генетике и селекции, статистической

обработки числовых данных на основе анализа вариации (ANOVA, Origin Pro), а также применением традиционных и молекулярно-генетических методов. Результаты теоретического и практического характера, полученные на основе научных подходов, соответствуют друг другу, что подтверждается сопоставлением с зарубежным и местным опытом. Заключение и выявленные закономерности основываются на надежных данных. Результаты научных и практических исследований обсуждались на международных и республиканских научно-практических конференциях и были опубликованы в научных изданиях.

#### **Научная и практическая значимость результатов исследования.**

Научная значимость результатов исследования заключается в комплексной оценке устойчивости пшеницы к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе в условиях Узбекистана на фенотипическом и генотипическом уровнях, исследовании генетических основ устойчивости, валидации ДНК-маркеров, связанных с этими стресс-факторами, а также в изучении устойчивости и ценных хозяйственных признаков новых генетических комбинаций, полученных через сложное скрещивание.

Практическое значение результатов исследования заключается в получении генотипов, обладающих комплексной устойчивостью к биотическим и абиотическим стрессам, а также в подтвержденной с применением молекулярно-генетических методов надёжности ДНК-маркеров Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 и Xgwm484\_180, ассоциированных с устойчивостью к данным стрессовым факторам.

**Внедрение результатов исследований.** С использованием технологии ДНК-маркеров для получения генотипов мягкой пшеницы, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам, были получены следующие результаты:

выявленные в ходе исследований ДНК-маркеры были использованы в рамках выполнения бюджетной (базовой) программы на 2020–2024 годы на тему: «Определение молекулярно-генетического разнообразия возбудителей жёлтой ржавчины пшеницы и фузариозного вилта хлопчатника» (справка № 4/1255-1153 от 12 мая 2025 года Академии наук Республики Узбекистан). Эти маркеры были применены для выделения линий пшеницы, устойчивых к жёлтой ржавчине, а также для определения типов генов Yr, присутствующих в устойчивых образцах. В результате применения молекулярных маркеров, таких как Barc8 (Yr15), Gwm413 (Yr15), Wmc44 (Yr29) и csLV34 (Yr18), удалось провести точную идентификацию генов устойчивости к жёлтой ржавчине у мягкой пшеницы.

по итогам исследований, из местных сортов пшеницы Узбекистана (Xisorak, Asr, Shams) и линий, предоставленных организацией CIMMYT (KR12-07, KR12-5003 и KR12-9023), были выделены 6 генотипов, обладающих устойчивостью к высоким температурам, засухе и жёлтой ржавчине. Эти генотипы были рекомендованы Международным центром сельскохозяйственных исследований в засушливых районах (ICARDA) в

качестве исходного материала для селекционных и генетических исследований (справка ICARDA № ИСТ/1705 от 4 декабря 2024 года). Таким образом, полученные генотипы способствуют развитию прикладных работ, направленных на повышение стрессоустойчивости пшеницы, обогащение её генетической базы, адаптацию к климатическим изменениям и обеспечение продовольственной безопасности.

**Апробация результатов работы.** Результаты данного исследования были обсуждены на 6 научно-практических конференциях, включая 2 международных и 4 республиканские.

**Опубликованность результатов исследования.** По теме диссертационной работы опубликовано всего 11 научных работ, из которых 5 статей в научных изданиях, рекомендованных Высшей аттестационной комиссией при Министерстве высшего образования, науки и инноваций Республики Узбекистан для публикации основных научных результатов докторских диссертаций, в том числе 3 в республиканских и 2 в зарубежных журналах.

**Структура и объем диссертации.** Структура диссертации состоит из введения, четырех глав, выводов, список использованной литературы и приложений. Объем диссертации составляет 113 страниц.

## ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

**Во введении** обосновываются актуальность и значимость исследования, охарактеризованы цель и задачи, объект и предмет исследований, а также указывается соответствие приоритетным направлениям развития науки и технологий республики. Также представлены сведения о научной новизне и практических результатах исследования, научной и практической значимости полученных данных, внедрении результатов в практику, опубликованных работах и структуре диссертации.

Первая глава диссертации, под названием **«Выявление локусов количественных признаков у пшеницы и их применение в молекулярной селекции»**, содержит обзор исследований, проведенных зарубежными и отечественными учеными по молекулярно-генетической идентификации признаков устойчивости к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе у пшеницы. Особое внимание уделено технологии ДНК-маркеров, ее значению, преимуществам и эффективности, которые в настоящее время используются учеными всего мира в исследованиях по селекции мягкой пшеницы. Кроме того, в данной главе раскрываются генетические основы устойчивости к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе у пшеницы.

Вторая глава диссертации, под названием **«Место и условия проведения исследования, исходный материал и методы»**, содержит информацию о месте проведения эксперимента, его условиях, исследовательском материале, их описании, методах проведения исследования, работе по выполнению традиционных и молекулярно-генетических методов в лабораторных и полевых условиях, а также статистических методах, используемых для

анализа полученных результатов. Указано, что исследования проводились в 2021-2024 годах в Института генетики и экспериментальной биологии растений.

Исследования по диссертационной работе и применяемые в ней методы проводились в следующей последовательности: традиционным способом скрещивание генотипов пшеницы между собой, получение сложных комбинационных гибридов и увеличение их потомства, выделение геномной ДНК из тканей растений, полимеразная цепная реакция (ПЦР) на основе маркеров устойчивости, гель-электрофорез и генотипирование, методы построения филогенетического древа, а также анализ полученных цифровых данных с использованием статистических методов.

В третьей главе «Оценка исследуемых образцов на основе ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью, и фенологического анализа» представлены результаты исследований по выделению устойчивых образцов и надежных ДНК-маркеров на основе оценки устойчивости исследуемых образцов к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе с помощью фенологического анализа и ДНК-маркеров.

Первый раздел этой главы посвящен результатам оценки устойчивости к желтой ржавчине образцов пшеницы, отобранных в качестве исходного материала. Устойчивость исследуемых образцов к желтой ржавчине оценивалась в полевых условиях на искусственном инфекционном фоне, созданном методом McIntosh (1995), в течение трех лет. По результатам исследования образцы Хисорак, KR12-5003 и KR12-923 продемонстрировали абсолютную устойчивость к желтой ржавчине и были выявлены как иммунные к этому заболеванию (таблица 1).

По результатам ПЦР-анализа из 34 ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью к желтой ржавчине, 11 проявили генетический полиморфизм между образцами пшеницы.

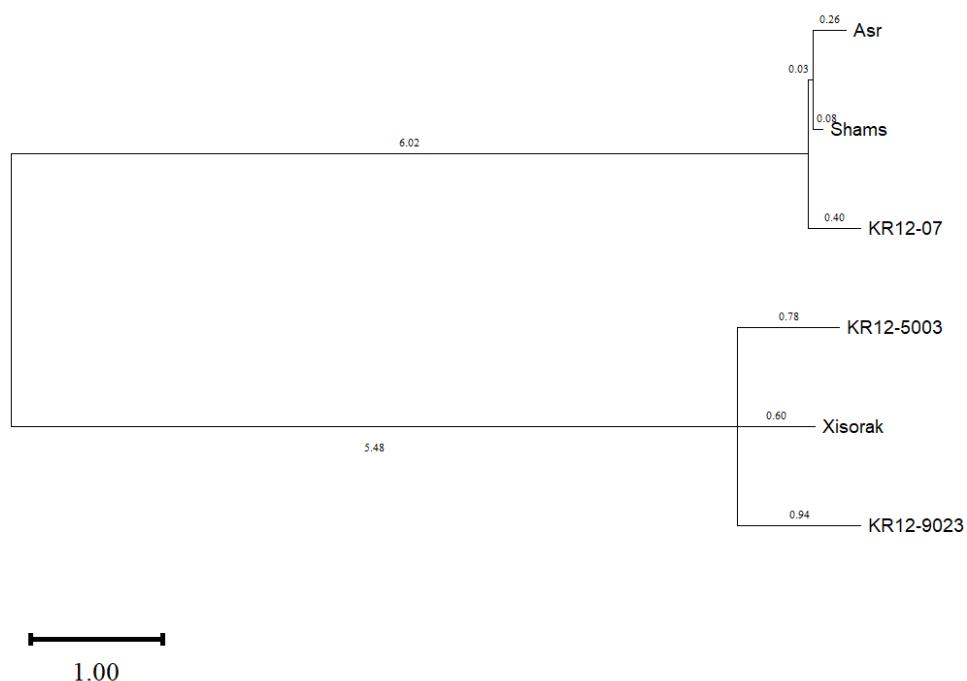
Из полиморфных маркеров только аллель ДНК-маркера Xgwm120, имеющий 156 пар нуклеотидов (связанный с геном Yr5), был обнаружен в геноме вышеупомянутых иммунных устойчивых образцов. У остальных образцов этот аллель не встречалась.

**Таблица 1.**  
**Степень поражения и реакция растений в различных фазах роста.**

№	Сорта	Фазы роста растений																	
		Кущение						Выколашивание						Цветение					
		Степень поражения и реакция (по годам)																	
		Степень			Реакция			Степень			Реакция			Степень			Реакция		
		2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024	2022	2023	2024
1	Асп	5	20	15	S	S	S	15	40	30	MS	S	MS	20	50	40	MS	MS	MS

2	Шамс	5	10	15	S	S	S	10	30	30	MS	S	MS	20	40	45	MS	MS	MS
3	Хисорак	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	KR-12-07	10	15	20	S	S	S	10	50	40	S	S	S	40	70	60	S	S	S
5	KR-12-5003	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	KR-12-9023	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Это свидетельствует о высокой степени связи данного генетического маркера с устойчивостью. Эти результаты также нашли свое отражение в филогенетическом древе, построенном на основе аллелей устойчивости. Кластерный анализ показывает степень генетического сходства или различий между образцами. Дендрограмма разделена на два основных кластера. В первом большом кластере расположились образцы Хисорак, KR-12-5003 и KR-12-9023, что указывает на их генетическую близость по аллелям устойчивости к жёлтой ржавчине (рис. 1).

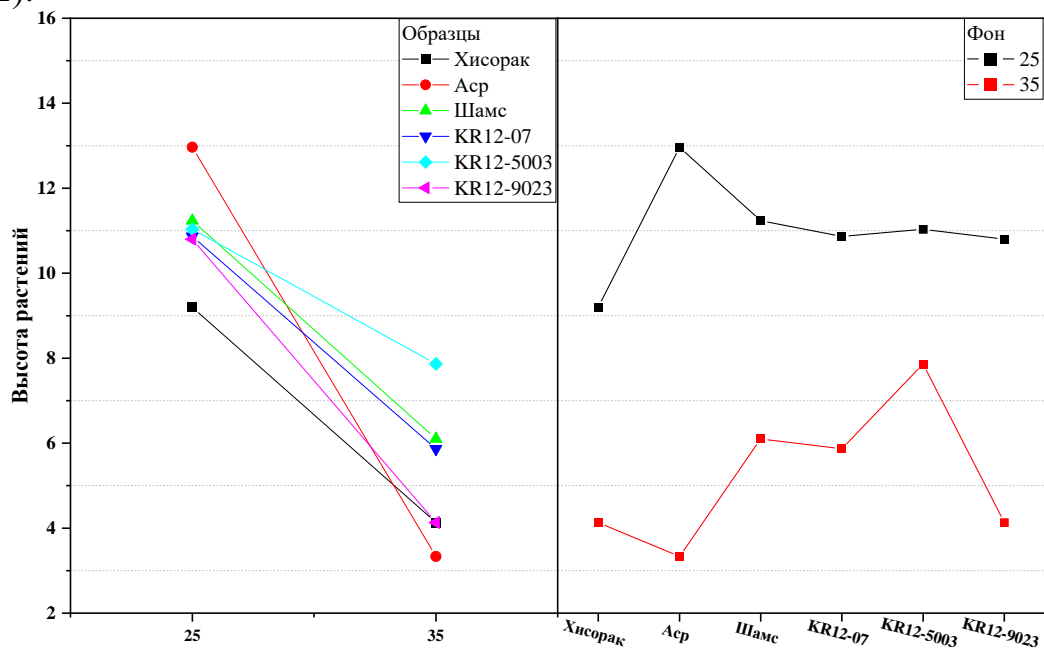


**Рисунок 1.** Кластерный анализ образцов исследования, основанный на аллелях устойчивости к жёлтой ржавчине.

Второй раздел главы посвящен результатам исследования по определению устойчивости образцов пшеницы к высокой температуре. Здесь устойчивость образцов оценивалась путем выращивания их при стрессе высокой температуры (35°C) в специальных камерах для выращивания растений по методу Alsamadaniy (2016), а также с помощью анализа ДНК-маркеров.

Устойчивость к высокой температуре определялась путем расчета индекса устойчивости растений. Индекс устойчивости (ИУ) показывает, насколько сохраняется рост в условиях высокой температуры по сравнению с оптимальной температурой. Самые высокие показатели ИУ наблюдались у сортов KR12-5003 (71,8%) и Шамс (54,5%). Это указывает на то, что данные сорта являются наиболее устойчивыми к высокой температуре. Самые низкие показатели ИУ наблюдались у сортов Аср (25,4%) и Хисорак (44,6%). Это

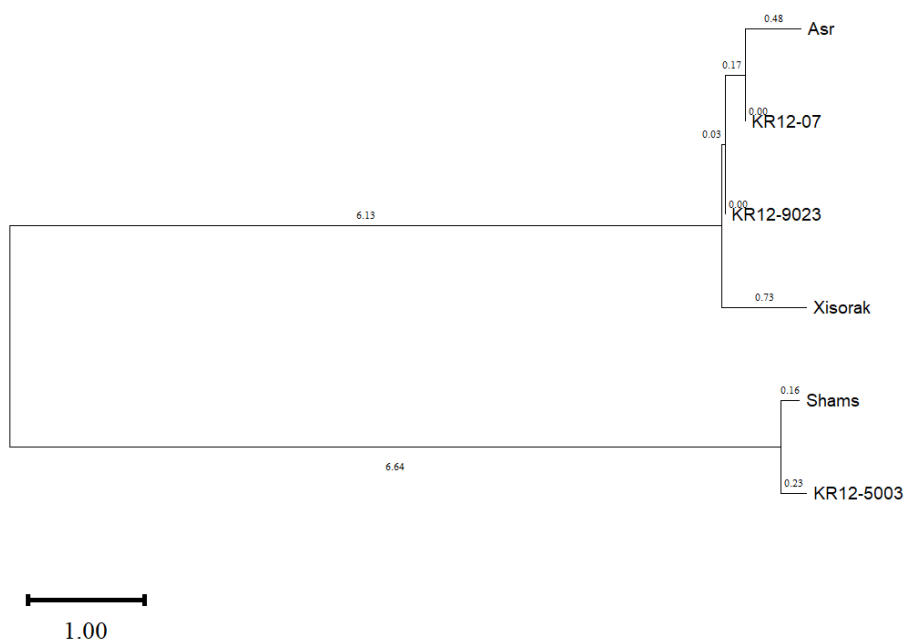
указывает на то, что данные сорта менее устойчивы к высокой температуре (рис. 2).



**Рисунок 2.** Показатели высоты растений образцов пшеницы в «оптимальных» и «стрессовых» условиях.

В результате ПЦР-анализа, проведенного с целью изучения устойчивости пшеницы к высокой температуре, 24 из 40 связанных с устойчивостью ДНК-маркеров выявили генетический полиморфизм. Среди этих полиморфных маркеров особое значение имеет маркер Xcfa2147, аллель которого, состоящая из 300 пар нуклеотидов, была обнаружена у устойчивых образцов. Это указывает на тесную связь маркера Xcfa2147 с устойчивостью к высокой температуре (рис. 3).

Анализ кластеризации, основанный на маркерных аллелях устойчивости, также подтвердил этот результат, и устойчивые образцы (KR12-5003 и Шамс) сформировали отдельную группу. Эти результаты показали возможность использования маркера Xcfa2147 для определения устойчивости пшеницы к высокой температуре.



**Рисунок 3.** Кластерный анализ образцов исследования, основанный на аллелях устойчивости к высокой температуре.

В третьем разделе главы представлены результаты оценки устойчивости исследуемых образцов к засухе. Устойчивые образцы были выявлены путем анализа таких признаков, как всхожесть семян в лабораторных условиях с использованием раствора сахарозы под давлением 16 атмосфер (17,6%) по методам Осипова (1970) и Коюшко (1982) (таблица 2), а также путем анализа высоты растений, количества кустов, количества корней, длины корней в оптимальных и стрессовых условиях через 33 дня после прорастания образцов в пластиковых контейнерах по методу Хассана (2015).

**Таблица 2.**  
**Уровень устойчивости к засухе отцовских и материнских форм.**

№	Образцы	Группа устойчивости*	Степень устойчивости, %	Классификация устойчивости
1	Хисорак	III	50	Среднеустойчивые
2	Аср	II	25	Слабоустойчивые
3	Шамс	I	20	Неустойчивые
4	KR12-07	IV	70	С устойчивостью выше средней
5	KR12-5003	II	30	Слабоустойчивые
6	KR12-9023	IV	65	С устойчивостью выше средней

\*Чем выше группа устойчивости, тем выше устойчивость.

Результаты показывают, что линии KR12-07 и KR12-9023 устойчивы к засухе обоими методами. При этом, по методу Осипова и Коюшко, образцы показали соответственно 70% и 65% (таблица 2), а по методу Хассана индекс устойчивости образцов составил соответственно 93,5% и 94,7%, что свидетельствует о более высокой устойчивости по сравнению с другими образцами (таблица 3).

Таблица 3.

**Показатель высоты растений исследуемых образцов в двух разных средах.**

№	Образцы	Высота растений, см		Индекс устойчивости (ИУ, %)
		Оптимальные условия	Стрессовые условия	
1	Хисорак	35,6±0,7	29,8±0,9	83,7
2	Аср	40,2±0,6	36,1±1,4	89,8
3	Шамс	37,9±0,7	32,5±0,9	85,7
4	KR12-07	41,7±0,3	39,0±1,0	93,5
5	KR12-5003	38,0±1,0	33,0±1,0	86,8
6	KR12-9023	35,7±0,9	33,8±1,0	94,7

Результаты анализа ДНК-маркеров показали, что из 29 ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью к засухе, 11 были полиморфными между образцами. Среди этих полиморфных маркеров аллель маркера Xgwm484, состоящая из 180 пар нуклеотидов, была обнаружена у устойчивых к засухе образцов. Это указывает на связь маркера Xgwm484 с устойчивостью к засухе. Филогенетическое дерево, построенное на основе аллелей маркеров устойчивости, также подтвердило этот результат и показало, что устойчивые образцы образуют отдельную группу (рис. 4).

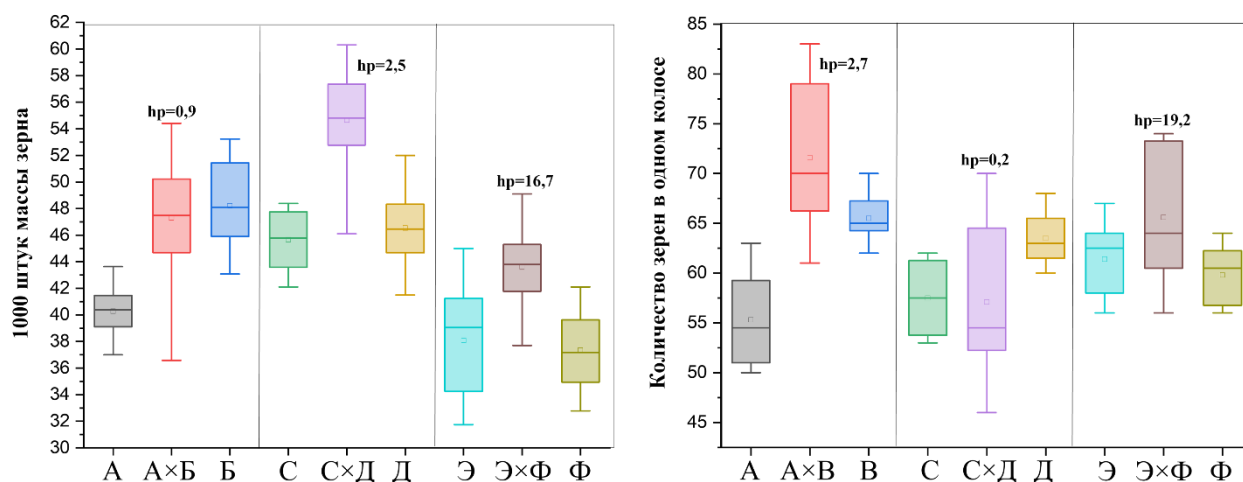


**Рисунок 4.** Кластерный анализ образцов исследования, основанный на аллелях устойчивости к засухе.

Эти результаты показывают, что маркер Xgwm484 может быть использован для определения устойчивости пшеницы к засухе.

Четвертая глава диссертации «Получение сложных комбинационных гибридов, генотипирование на основе полиморфных маркеров и оценка устойчивости» посвящена результатам исследований по получению простых и сложных комбинационных гибридов и оценке морфобиологических признаков, устойчивости к биотическим и абиотическим стрессовым факторам, а также отбору генотипов, обладающих аллелями маркеров устойчивости.

Раздел главы, посвященный получению сложных комбинационных гибридов и оценке морфобиологических признаков, освещает исследования по получению простых и сложных комбинационных гибридов, их описанию и определению объема наследования и изменчивости признаков. Согласно результатам исследования, признак числа зерен в одном колосе у отцовских форм в гибридных комбинациях  $F_1$ (Хисорак×KR12-5003) ( $h_p=2,7$ ) и  $F_1$ (KR12-07×Шамс) ( $h_p=19,2$ ) наследовался по сверхдоминантному типу. У гибридов комбинации  $F_1$ (KR12-9023×Асп) коэффициент наследования составил  $h_p=0,2$ , что свидетельствует о неполной доминантности наследования признака. Выявлено, что признак массы 1000 зерен у отцовских форм в гибридных комбинациях  $F_1$ (KR12-9023×Асп) ( $h_p=2,5$ ) и  $F_1$ (KR12-07×Шамс) ( $h_p=16,7$ ) наследовался по сверхдоминантному типу. В гибридной комбинации  $F_1$ (Хисорак×KR12-5003)  $h_p=0,9$ , что свидетельствует о неполном наследовании (рис. 5).



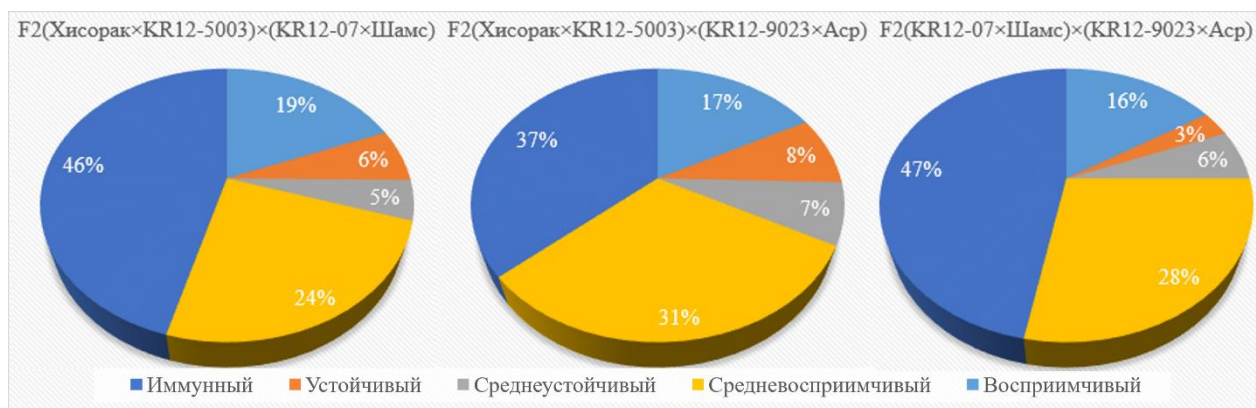
**Рисунок 5.** Наследование показателей числа зерен в одном колосе и массы 1000 зерен в гибридных комбинациях первого поколения ( $F_1$ ). А - Хисорак, А×Б -  $F_1$ (Хисорак×KR12-5003), Б - KR12-5003, С - KR12-9023, С×Д -  $F_1$ (KR12-9023×Асп), Д - Асп, Э - KR12-07, Э×Ф -  $F_1$ (KR12-07×Шамс), Ф - Шамс.

У изучаемых гибридных комбинаций  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003),  $F_2$ (KR12-9023×Асп) и  $F_2$ (KR12-07×Шамс) наследование массы 1000 зерен составило  $h^2=0,71$ ,  $h^2=0,68$  и  $h^2=0,74$  соответственно. Относительно высокое наследование этого признака у сложных комбинационных гибридов  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс),  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) и  $F_2$ (KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп) подтверждает высокое генотипическое участие в наследовании признака ( $h^2=0,55$ ;  $h^2=0,69$  и  $h^2=0,65$ ).

Эти результаты обосновывают более высокое значение метода сложного скрещивания по сравнению с простым скрещиванием и возможность получения положительных трансгрессивных и рекомбинантных форм наряду с образцами, имеющими отрицательные показатели.

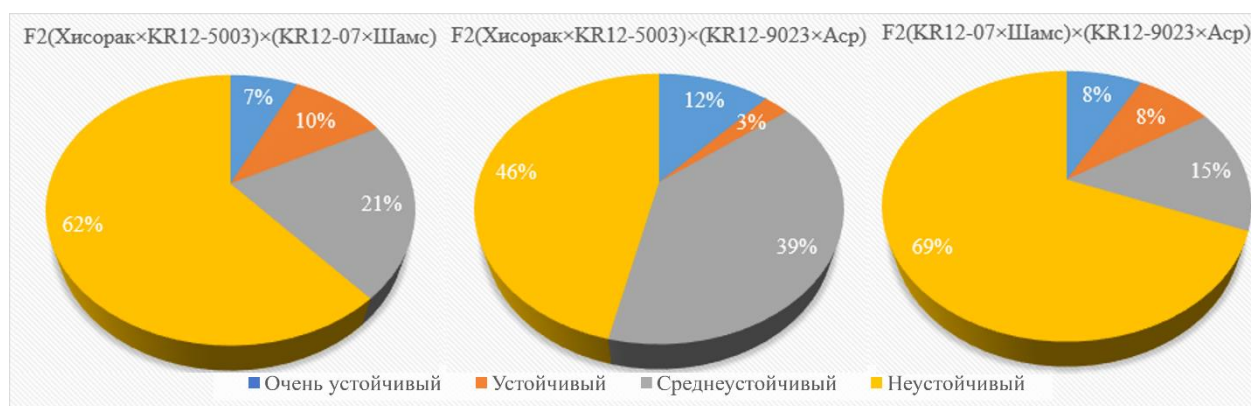
Во втором разделе данной главы представлены результаты оценки устойчивости гибридов к жёлтой ржавчине, высокой температуре и засухе в полевых и лабораторных условиях, а также результаты ПЦР-анализов и анализа устойчивости у сложных комбинационных гибридов F<sub>2</sub>.

Устойчивость гибридов к жёлтой ржавчине оценивалась по степени поражения и реакции растений в фазах кущения и колошения. В результате оценки было установлено, что в гибридной комбинации F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс) из 127 генотипов 25,0% были устойчивыми, 75,0% - восприимчивыми; в комбинации F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) из 110 генотипов 25,0% были устойчивыми, 75,0% - восприимчивыми; в комбинации F<sub>2</sub>(KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп) из 100 генотипов 19,0% были устойчивыми, 81,0% - восприимчивыми (рис. 6).



**Рисунок 6.** Устойчивость сложных комбинационных гибридов F<sub>2</sub> к жёлтой ржавчине.

По устойчивости к высокой температуре у гибридной комбинации F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс) из 127 генотипов было выявлено 7% очень устойчивых, 10% устойчивых, 21% средневосприимчивых и 62% восприимчивых; у комбинации F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) из 110 генотипов - 12% очень устойчивых, 3% устойчивых, 39% средневосприимчивых и 46% восприимчивых; у комбинации F<sub>2</sub>(KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп) из 100 генотипов - 8% очень устойчивых, 8% устойчивых, 84% средневосприимчивых и восприимчивых (рис. 7).



**Рисунок 7.** Степень устойчивости сложных комбинационных гибридов к воздействию высокой температуры.

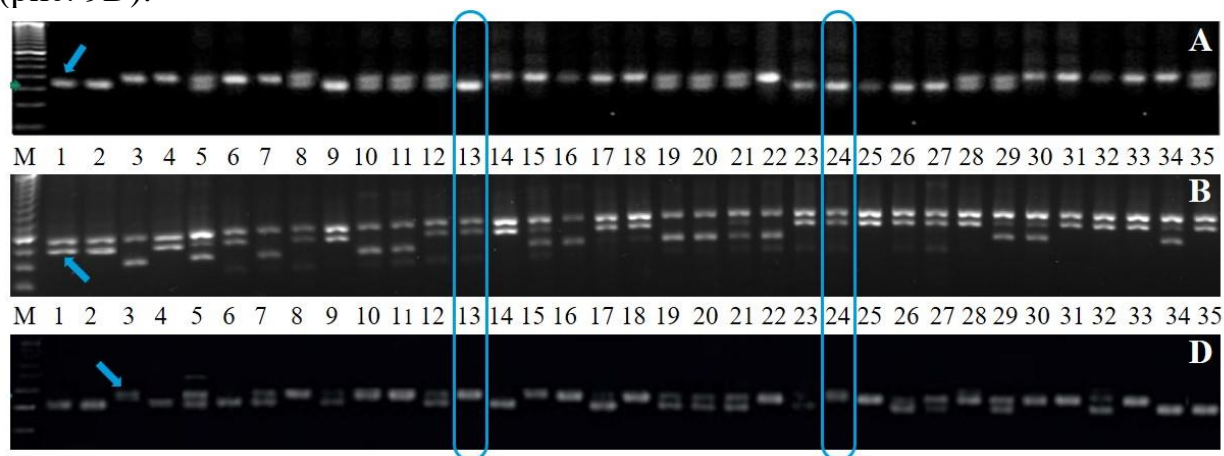
По устойчивости к засухе у гибридов F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс) был проанализирован в общей сложности 127 образцов, из которых образцы V группы, относящиеся к очень устойчивым к засухе, составили 10,0%, образцы IV группы, относящиеся к устойчивым, - 13,0%, образцы III группы, относящиеся к среднеустойчивым, - 17,0%, образцы II группы, относящиеся к средневосприимчивым, - 13,0%, а количество восприимчивых образцов I группы составило 47,0%. В гибридной комбинации F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) в общей сложности 110 генотипов были разделены на следующие группы по степени устойчивости к засухе: образцы V группы (очень устойчивые) - 23,0%, образцы IV группы (устойчивые) - 13,0%, образцы III группы (среднеустойчивые) - 9,0%, образцы II группы (средневосприимчивые) - 15,0%, образцы I группы (восприимчивые) - 40,0%. При анализе в общей сложности 100 образцов в рамках комбинации F<sub>2</sub>(KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп) было установлено, что по степени устойчивости к засухе образцы V группы (очень устойчивые) составили 16,0%, образцы IV группы (устойчивые) - 14,0%, образцы III группы (среднеустойчивые) - 16,0%, образцы II группы (средневосприимчивые) - 21,0%, а образцы I группы (восприимчивые) - 33,0% (рис. 8).



**Рисунок 8.** Степень устойчивости сложных комбинационных гибридов F<sub>2</sub> к засухе.

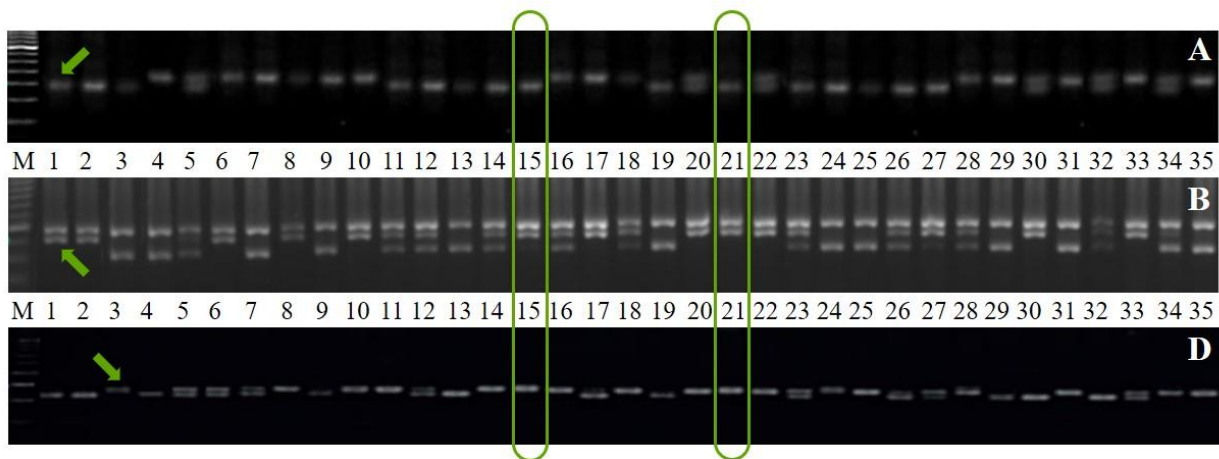
Согласно ПЦР-анализам, у 7 из 30 гибридов F<sub>2</sub>(Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс) аллель Хgwm120\_156, связанный с устойчивостью к

ржавчине, был обнаружен в гомозиготном состоянии, у 10 - в гетерозиготном состоянии, а в геноме остальных 13 образцов данный аллель не был выявлен (рис. 9А). Анализ аллелей маркера Xcfa2147\_300, связанного с устойчивостью к высокой температуре, у данной гибридной комбинации показал, что у 17 гибридов он находился в гомозиготном состоянии, у 5 - в гетерозиготном, а в геноме остальных 8 он полностью отсутствовал (рис. 9В). Кроме того, анализ аллеля Xgwm484\_180, связанного с устойчивостью к засухе, выявил наличие аллеля устойчивости в гомозиготном состоянии у 14 образцов, в гетерозиготном состоянии - у 11, а у 5 образцов амплификации не произошло (рис. 9D).



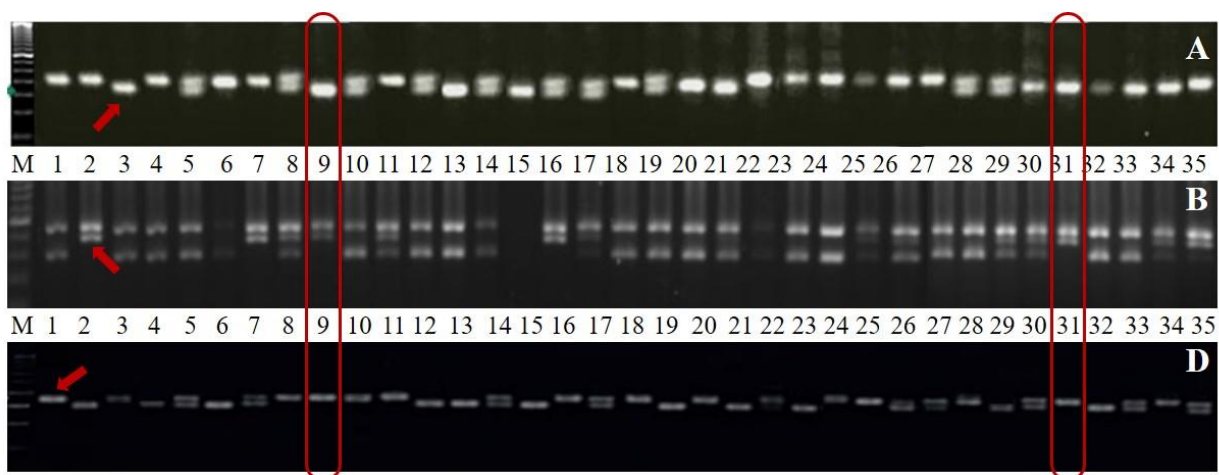
**Рисунок 9.** Гель-электрофореграмма сложной гибридной комбинации  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс). **М** - маркер молекулярной массы, **А** - Xgwm120 (156 пар оснований), **В** - Xcfa2147 (300 пар оснований), **Д** - Xgwm484 (180 пар оснований), **1** - Хисорак, **2** - KR12-5003, **3** - KR12-07, **4** - Шамс, **5** -  $F_1$ , **6-35** - гибриды  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс).

У сложных комбинационных гибридов  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) по состоянию аллеля маркера устойчивости к жёлтой ржавчине Xgwm120\_156 из 30 образцов у 12 было выявлено гомозиготное состояние, у 5 - гетерозиготное, а у остальных 13 гибридов данный аллель отсутствовал (рис. 10А). Также было установлено, что соответствующий аллель маркера устойчивости к высокой температуре Xcfa2147\_300 присутствует в гомозиготном состоянии у 9 гибридов, в гетерозиготном - у 11, а в геноме остальных 10 гибридов он не обнаружен (рис. 10В). Кроме того, по аллелю маркера устойчивости к засухе Xgwm484\_180 у 16 гибридов было выявлено гомозиготное состояние, у 6 - гетерозиготное, а в геноме остальных 8 гибридов данный аллель устойчивости отсутствовал (рис. 10D).



**Рисунок 10.** Гель-электрофореграмма сложной гибридной комбинации  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп). **М** - маркер молекулярной массы, **А** - Xgwm120 (156 пар оснований), **В** - Xcfa2147 (300 пар оснований), **Д** - Xgwm484 (180 пар оснований), **1** - Хисорак, **2** - KR12-5003, **3** - KR12-9023, **4** - Асп, **5** -  $F_1$ , **6-35** - гибриды  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп).

В ходе нашего исследования результаты ПЦР-анализа гибридов  $F_2$ (KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп) с маркером устойчивости к ржавчине Xgwm120\_156 показали, что у 10 гибридов аллель устойчивости находился в гомозиготном состоянии, а у 9 - в гетерозиготном. У остальных 11 гибридов аллель устойчивости к жёлтой ржавчине не был обнаружен (рис. 11А). Анализ аллеля маркера устойчивости к высокой температуре Xcfa2147\_300 выявил его гомозиготное состояние у 5 гибридов, гетерозиготное - у 8, а у остальных 17 гибридов аллель устойчивости отсутствовал в геноме (рис. 11В). При генотипировании гибридов по аллелю маркера устойчивости к засухе Xgwm484\_180 было установлено, что у 12 из них данный аллель находился в гомозиготном состоянии, у 9 - в гетерозиготном, а в геноме остальных 9 гибридов он не был обнаружен (рис. 11Д).



**Рисунок 11.** Гель-электрофореграмма сложной гибридной комбинации  $F_2$ (KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп). **М** - маркер молекулярной массы, **А** - Xgwm120 (156 пар оснований), **В** - Xcfa2147 (300 пар оснований), **Д** - Xgwm484 (180 пар оснований), **1** - KR12-07, **2** - Шамс, **3** - KR12-9023, **4** - Асп, **5** -  $F_1$ , **6-35** - гибриды  $F_2$ (KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп).

Таким образом, на основе традиционных и молекулярно-генетических анализов образцов исследования среди гибридов второго поколения сложных комбинаций были получены новые трансгрессивные формы, объединившие маркерные аллели устойчивости к жёлтой ржавчине, высокой температуре и засухе в едином генотипе и обладающие комплексом признаков. В частности, из гибридной комбинации  $F_2(\text{Хисорак} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Шамс})$  были выделены семьи 21 и 67, из комбинации  $F_2(\text{Хисорак} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Асп})$  - семьи 40 и 49, а из комбинации  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Шамс}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Асп})$  - семьи 20 и 85 в качестве новых трансгрессивных форм.

Результаты исследования показали, что технология ДНК-маркеров играет важную роль в создании новых генотипов пшеницы, устойчивых к абиотическим и биотическим стрессам. Созданные у пшеницы сложные комбинационные гибриды, обладающие широким генетическим разнообразием, решают проблему генетического сужения, возникшую в ходе исторических селекционных процессов. Данные гибриды представляют собой ценные исходные селекционные материалы, включающие важные для селекции пшеницы признаки, и позволяют создавать новые сорта путём отбора генотипов с улучшенными характеристиками внутри популяции.

## ВЫВОДЫ

В результате проведенных исследований по теме «**Получение генотипов мягкой пшеницы, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам, с помощью технологии ДНК-маркеров**» сделаны следующие выводы:

1. В результате лабораторных и полевых испытаний установлено, что сорта и линии Хисорак, KR12-9023 и KR12-5003 иммунны к желтой ржавчине (поражение 0%), линия KR12-5003 обладает высокой устойчивостью к высокой температуре, а линия KR12-07 устойчива к засухе на 70% (IV группа);
2. Генотипирование образцов пшеницы 103 SSR-маркерами, связанными с устойчивостью к биотическим и абиотическим стрессам, позволило изучить генетическое разнообразие образцов по аллелям устойчивости;
3. На основе генетического полиморфизма образцов пшеницы было построено их филогенетическое древо и выявлено филогенетическое родство или удаленность образцов друг от друга;
4. На основе статистического анализа генотипической и фенотипической (устойчивость) информации образцов пшеницы было установлено, что маркер Xgwm120\_156 (аллель из 156 пар оснований гена Yr5) высоко связан с устойчивостью к желтой ржавчине, маркер Xcfa2147\_300 - с высокой температурой, а маркер Xgwm484\_180 - с устойчивостью к засухе, и являются надежными маркерами;
5. У 2 генотипов сложных комбинационных гибридов  $F_2(\text{Хисорак} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-07} \times \text{Шамс})$ ,  $F_2(\text{Хисорак} \times \text{KR12-5003}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Асп})$  и  $F_2(\text{KR12-07} \times \text{Шамс}) \times (\text{KR12-9023} \times \text{Асп})$  было обнаружено, что все

изучаемые аллели устойчивости (Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 и Xgwm484\_180) объединены в единый генотип;

6. Все гибридные растения, имеющие три аллеля устойчивости, показали, что они иммунны к ржавчине, обладают высокой устойчивостью к высокой температуре и устойчивы к засухе соответственно на 85-100% (V группа);

7. Сложные комбинационные гибриды  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) показали наилучшие результаты по устойчивости к трем стрессовым факторам: обнаружено, что у 56,6% гибридов имеется аллель устойчивости к ржавчине, 26% растений были фенотипически устойчивыми; у 66,6% гибридов наблюдалась аллель устойчивости к высокой температуре, 14,5% растений были очень устойчивыми; кроме того, у 80% растений обнаружена аллель устойчивости к засухе, а 36% гибридов были устойчивыми;

8. Рекомендовано использовать 6 гибридов, принадлежащих к комбинациям  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-07×Шамс),  $F_2$ (Хисорак×KR12-5003)×(KR12-9023×Асп) и  $F_2$ (KR12-07×Шамс)×(KR12-9023×Асп), имеющих аллели устойчивости в геноме, в качестве исходного материала в селекционных программах по устойчивости к желтой ржавчине, высокой температуре и засухе, а также ДНК-маркеры Xgwm120\_156, Xcfa2147\_300 и Xgwm484\_180 в качестве надежных маркеров.

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

---

**INSTITUTE OF GENETICS AND PLANT EXPERIMENTAL  
BIOLOGY**

**ERJIGITOV DOSTON SHERALIYEVICH**

**OBTAINING BREAD WHEAT GENOTYPES RESISTANT TO  
BIOTIC AND ABIOTIC FACTORS USING DNA MARKER  
TECHNOLOGY**

**03.00.09 – General genetics**

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

**TASHKENT – 2025**

**The title of Doctor of Sciences dissertation (PhD) has been registered by the Supreme Ministry of Higher Education, Science and Innovation of the Republic of Uzbekistan with registration number of B2024.4.PhD/B1338.**

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

The abstract of the dissertation is posted in three languages (Uzbek, Russian, English) on the website of the Scientific Council ([www.gegetika.uz](http://www.gegetika.uz)) and on the website of “ZiyoNet” Information-educational portal ([www.ziynet.uz](http://www.ziynet.uz)).

**Scientific supervisor:**

**Turaev Ozod Sunnatalievich**  
Doctor of Philosophy

**Official opponents:**

**Bozorov Tohir Axmadovich**  
Doctor of Biological Sciences

**Khamraev Nurbek Ulugbekovich**  
Doctor of Philosophy

**Leading organization:**

**Samarkand State University named after Sharof Rashidov**

The defence of the dissertation will take place on «\_\_\_» june 2025 at \_\_\_ at the meeting of Scientific council DSc 02/30.12.2019.B.52.01 in Institute of Genetics and Plant Experimental Biology, (Address: 111208, Tashkent region, Kibray district. Yukori-Yuz, 266). Conference hall of the palace of the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Phone: (99871) 264-23-90, Fax: (99871) 264-22-30 E-mail: [igebr@academy.uz](mailto:igebr@academy.uz).

The dissertation is registered in the Information - resource Center of the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology (with registration No. \_\_\_\_\_ where can be familiarized in the Informational Resource Centre. Adress: 111208, Tashkent region, Qibray district, Yukori-Yuz, 266. Tel.: (99871) 264-23-90, fax: (99871) 264-22-30. E-mail: [igebr@academy.uz](mailto:igebr@academy.uz).

The abstract of dissertation sent out on “\_\_\_” \_\_\_\_\_ 2025 y.

Protocol at the registr No. \_\_\_\_\_ dated “\_\_\_” \_\_\_\_\_ 2025 y).

**A.A. Narimanov**

Chairman of the scientific council  
for award of scientific degrees,  
Doctor of Agricultural sciences,  
professor

**I.Dj. Kurbanbayev**

Scientific secretary of scientific  
council for awarding of scientific  
degrees, Doctor of biological  
sciences, professor

**I.T. Kahharov**

Chairman of Scientific seminar at  
scientific council on award the  
scientific degrees, Doctor of  
agricultural sciences, professor

## INTRODUCTION (abstract to the dissertation of Doctor of Philosophy (PhD))

**The aim of the research work.** To obtain new genotypes by combining the traits of yellow rust, high temperature, and drought tolerance into a single genotype using DNA marker technology in winter soft wheat.

**The object of the research** included local varieties of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) developed in Uzbekistan, as well as varieties and lines provided by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), along with hybrid combinations derived from their crosses.

**The scientific novelty of the research** is as follows:

for the first time, the resistance of local soft wheat varieties and lines from the CIMMYT collection to high temperature, drought, and yellow rust disease was comprehensively evaluated at both phenotypic and genotypic levels (using DNA markers).

under the conditions of Uzbekistan, validation of the molecular markers Xgwm120\_156 (associated with resistance to yellow rust), Xcfa2147\_300 (to high-temperature stress), and Xgwm484\_180 (to drought) was carried out. Their high efficiency in identifying resistance to the respective biotic and abiotic stress factors was scientifically substantiated.

the inheritance and variability of valuable agronomic traits and resistance to stress factors were determined in hybrid combinations obtained through simple and complex crossing methods.

for the first time, using DNA marker technology, new promising genotypes were created in complex cross F<sub>2</sub> hybrids. This was achieved by combining alleles for resistance to all three stress factors (yellow rust, high temperature, and drought) into a single genotype.

Among the studied complex hybrid combinations, the F<sub>2</sub>(Xisorak × KR12-5003) × (KR12-9023 × Asr) combination exhibited a high level of resistance and was identified as a valuable genetic resource for use in breeding programs.

**Implementation of research results.**

Based on the results obtained using DNA marker technology to develop genotypes of soft wheat resistant to biotic and abiotic factors:

the DNA markers identified during the research were utilized within the framework of the state-funded (baseline) research program for 2020–2024 entitled “Molecular-genetic characterization of the pathogens of wheat yellow rust and cotton Fusarium wilt” (Reference No. 4/1255-1153, dated May 12, 2025, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan). These markers were applied to identify wheat lines resistant to yellow rust and to determine the types of Yr resistance genes present in the resistant genotypes. As a result of using molecular markers such as Barc8 (Yr15), Gwm413 (Yr15), Wmc44 (Yr29), and csLV34 (Yr18), precise identification of yellow rust resistance genes in bread wheat was achieved.

based on the research findings, six genotypes were identified from local Uzbek wheat varieties (Xisorak, Asr, Shams) and CIMMYT-provided lines (KR12-07, KR12-5003, and KR12-9023) that exhibited resistance to high temperatures, drought, and yellow rust. These genotypes were recommended by the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA) as initial material for further breeding and genetic research (ICARDA reference No. IST/1705, dated December 4, 2024). Thus, the identified genotypes contribute to the development of applied breeding efforts aimed at enhancing wheat stress tolerance, enriching its genetic base, adapting to climate change, and ensuring food security.

**The structure and size of the dissertation.** The dissertation consists of an introduction, four chapters, a conclusion, a list of references and appendices. The length of the dissertation is 113 pages.

**E'LON QILINGAN ISHLAR RO'YXATI**  
**СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ**  
**LIST OF PUBLISHED WORKS**

**I bo'lim (I часть; Part I)**

1. Turaev O.S., Baboev S.K., Ziyayev Z.M., Norbekov J.K., Erjigitov D.Sh., Bakhadirov U.Sh., Tursunmurodova B.T., Dolimov A.A., Turakulov Kh.S., Ernazarova D.K., Kushanov F.N. Present status and future perspectives of wheat (*Triticum aestivum* L.) Research in Uzbekistan. //SABRAO Journal of Breeding and Genetics 55 (5) 2023.-P. 1463-1475, <http://doi.org/10.54910/sabrao2023.55.5.2>. <http://sabraojournal.org/> pISSN 1029-7073; eISSN 2224-8978. **IF=1.6**

2. Bakhadirov U.Sh., Yuldashov U.Kh., Turaev O.S., Erjigitov D.Sh., Mansurov Kh.G., Iskandarov A.A., Khidirov M.T., Gapparov B.M., Ruziyev F.A., Dolimov A.A. Determining close relationships between wheat cultivars (*Triticum aestivum*) using DNA markers. //Frontiers in Health Informatics, 13 (3), 2024. -P. 5807-5814. (ISSN-Online: 2676-7104)

3. Эржигитов Д.Ш., Тешаева Ф.И., Тураев О.С., Зияев З.М., Кушанов Ф.Н. Юмшоқ буғдой нав ва линияларининг юқори ҳароратга чидамлилигини баҳолаш. //NamDU ilmiy axborotnomasi. Namangan-2022-yil. 9-Son. -Б. 118-125. (03.00.00. №17)

4. Turayev O.S., Bakhadirov U.Sh., Norbekov J.K., Erjigitov D.Sh., Dolimov A.A., Tursunmurodova B.T., Ziyayev Z.M., Kushanov F.N. DNK markerlar texnologiyasining O'zbekistondagi yumshoq bug'doy (*Triticum aestivum* L.) tadqiqotlarida qo'llanilishi. //Academic Research in Educational Sciences Volume 4 Issue 2/2023. -B.175-182.

5. Erjigitov D.Sh., Turaev O.S., Dolimov A.A., Muhammadiyev O.A., Allayarova N.M., Kushanov F.N. Kuzgi yumshoq bug'doy navlarining qurg'oqchilikka chidamliligini molekulyar baholash. //Oziq ovqat xavfsizligi: Milliy va global muammolar ilmiy jurnali 1-son, Samarqand-2024yil. -B. 45-49. (03.00.00. №25)

**II bo'lim (II часть; Part II)**

6. Erjigitov D.Sh. Use of DNA markers technology to identify high temperature resistant genotypes of common wheat (*Triticum aestivum* L.). //Materials of the international scientific and practical conference «modern science: new approaches and modern research» April 18, Kuzylorda-2024. -P. 747-751.

7. Erjigitov D.Sh., Turaev O.S., Dolimov A.A., Kushanov F.N. Molecular analysis of drought tolerance in soft wheat cultivars and lines. //Актуальные вопросы Современных Научных исследований Сборник статей, XIII Международной научно-практической конференции, Состоявшейся 20 сентября в г. Пенза-2024 г. -С. 14-17.

8. Эржигитов Д.Ш., Муҳаммадиев О.А., Орипова Б.Б., Рафиева Ф.У., Қудратова М. Қ., Кушанов Ф.Н. «Gene pyramyding» усули ёрдамида буғдойда қимматли хўжалик белгиларини такомиллаштириш. //International scientific confer-ence of young scientists “science and innovation-2021” Toshkent-2021. -В. 139-141.

9. Erjigitov D.Sh., Turaev O.S., Ernazarova D.K., Tesheyeva F.I., Eshonkulova D.Sh., Mukhammadiev O.A., Kushanov F.N. Evaluation of heat-stress resistance of some bread wheat varieties. //Генетика, геномика ва Биотехнологиянинг замонавий Муаммолари Республика илмий анжумани 18 май. Ташкент-2022. - Б. 181-182.

10. Erjigitov D.Sh., Turaev O.S., Salimova S.Sh., Ibrohimova N.M., Kushanov F.N. Yumshoq bug‘doy nav namunalarining issiqqa chidamliligini baholash. //Oziq-ovqat xavfsizligi: Global va milliy muammolar V xalqaro miqyosidagi ilmiy-amaliy anjuman Ilmiy ishlari to‘plami 13-14-oktyabr, 2023-yil, Samarqand. -В. 368-369.

11. Turayev O.S., Erjigitov D.Sh., Ibrohimova N.M. DNK markerlar texnologiyasi asosida qurg‘oqchilikka chidamli bahorgi bug‘doy genotiplarini aniqlash. //Ilm-fan va innovatsiya ilmiy-amaliy konferensiyasi, Toshkent-2024. -В. 66-67.

