

**ЎСИМЛИК ВА ҲАЙВОНОТ ОЛАМИ ГЕНОФОНДИ ИНСТИТУТИ,
ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ УНИВЕРСИТЕТИ, ГЕНЕТИКА ВА
ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ ИНСТИТУТИ
ҲУЗУРИДАГИ ФАН ДОКТОРИ ИЛМИЙ ДАРАЖАСИНИ
БЕРУВЧИ 16.07.2013.В.15.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ**

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ, ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ**

АБДУЛЛАЕВ АЛИШЕР АБДУМАВЛЯНОВИЧ

**ЎЗБЕКИСТОН ҒЎЗА ГЕРМПЛАЗМАСИ КОЛЛЕКЦИЯСИНИНГ
GOSSYPIUM BARBADENSE L. ТУРИ ВАКИЛЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР
ТАВСИФЛАШ ВА АССОЦИАТИВ КАРТАЛАШТИРИШ**

**03.00.14- Геномика, протеомика ва биоинформатика
(биология фанлари)**

ДОКТОРЛИК ДИССЕРТАЦИЯСИ АВТОРЕФЕРАТИ

Тошкент - 2015 йил

Докторлик диссертацияси автореферати мундарижаси
Оглавление автореферата докторской диссертации
Content of the abstract of doctoral dissertation

АБДУЛЛАЕВ АЛИШЕР АБДУМАВЛЯНОВИЧ

Ўзбекистон ғўза гермплазмаси коллекциясининг *Gossypium barbadense* тури вакиллари молекуляр тавсифлаш ва ассоциатив карталаштириш.....3

АБДУЛЛАЕВ АЛИШЕР АБДУМАВЛЯНОВИЧ

Молекулярная характеристика и ассоциативное картирование представителей вида *Gossypium barbadense* из коллекции гермплазмы Узбекистана..... 29

ALISHER ABDUMAVLYANOVICH ABDULLAEV

Molecular characterization and association mapping of agronomic traits in *G. barbadense* varieties from cotton germplasm collection of Uzbekistan..... 55

Эълон қилинган ишлар рўйхати

Список опубликованных работ

List of published works.....78

**ЎСИМЛИК ВА ҲАЙВОНОТ ОЛАМИ ГЕНОФОНДИ ИНСТИТУТИ,
ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ УНИВЕРСИТЕТИ, ГЕНЕТИКА ВА
ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ ИНСТИТУТИ
ҲУЗУРИДАГИ ФАН ДОКТОРИ ИЛМИЙ ДАРАЖАСИНИ
БЕРУВЧИ 16.07.2013.В.15.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ**

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ, ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ**

АБДУЛЛАЕВ АЛИШЕР АБДУМАВЛЯНОВИЧ

**ЎЗБЕКИСТОН ҒЎЗА ГЕРМПЛАЗМАСИ КОЛЛЕКЦИЯСИНИНГ
GOSSYPIUM BARBADENSE L. ТУРИ ВАКИЛЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР
ТАВСИФЛАШ ВА АССОЦИАТИВ КАРТАЛАШТИРИШ**

**03.00.14- Геномика, протеомика ва биоинформатика
(биология фанлари)**

ДОКТОРЛИК ДИССЕРТАЦИЯСИ АВТОРЕФЕРАТИ

Тошкент - 2015 йил

Докторлик диссертацияси мавзуси Ўзбекистон Республикаси Вазирлар Маҳкамаси ҳузуридаги Олий аттестация комиссиясида №30.09.2014/В2014.5.В125 рақам билан рўйхатга олинган.

Докторлик диссертацияси Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтида ва Геномика ва биоинформатика марказида бажарилган.

Докторлик диссертациясининг тўла матни Ўсимлик ва ҳайвонот олами генофонди институти, Ўзбекистон Миллий университети, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти ҳузуридаги 16.07.2013.В.15.01 рақамли фан доктори илмий даражасини берувчи Илмий кенгаш веб-саҳифасида www.flora-fauna.uz манзилига жойлаштирилган.

Диссертация автореферати уч тилда (ўзбек, рус, инглиз) веб-саҳифада www.flora-fauna.uz манзилига ва “ZiyoNet” ахборот-таълим порталида www.ziyounet.uz манзилига жойлаштирилган.

Илмий маслаҳатчи:

Абдурахмонов Иброхим Юлчиевич

биология фанлари доктори, профессор

Расмий оппонентлари

Мухамедов Рустам Султанович

биология фанлари доктори, профессор

Турдикулова Шахлохон Уткуровна

биология фанлари доктори

Пратов Уктам

биология фанлари доктори, профессор

Етакчи ташкилот

Ўсимлик моддалари кимёси институти

Диссертация ҳимояси Ўсимлик ва ҳайвонот олами генофонди институти, Ўзбекистон Миллий университети, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти ҳузуридаги 16.07.2013.В.15.01. рақамли Илмий кенгашнинг 2015 йил «___» _____ соат ___ даги мажлисида бўлиб ўтади. (Манзил: 100053, Тошкент шаҳри, Боғишамол кўчаси, 232-уй, ЎҲОГИ. Тел.: (+99871) 289-04-65; факс: (+99871) 262-79-38; e-mail: botany@uzsci.net).

Докторлик диссертацияси билан Ўсимлик ва ҳайвонот олами генофонди институти Ахборот-ресурс марказида танишиш мумкин (02 рақами билан рўйхатга олинган). Манзил: 100053, Тошкент шаҳри, Боғишамол кўчаси, 232-уй, ЎҲОГИ. Тел.: (+99871) 289-04-65; факс: (+99871) 262-79-38.

Диссертация автореферати 2015 йил «___» _____ куни тарқатилди.
(2015 йил «___» _____ даги _____ рақамли реестер баённомаси)

К.Ш. Тожибаев

Фан доктори илмий даражасини берувчи Илмий кенгаш раиси б.ф.д.;

У.Т. Мирзаев

Фан доктори илмий даражасини берувчи Илмий кенгаш илмий котиби, б.ф.н., катта илмий ходим;

Ш. Юнусхонов

Фан доктори илмий даражасини берувчи Илмий кенгаш ҳузуридаги илмий семинар раиси, б.ф.д., профессор.

КИРИШ (Докторлик диссертацияси аннотацияси)

Диссертация мавзусининг долзарблиги ва зарурати. «БМТ прогнозига кўра 2050 йилга бориб 9,3 миллиард аҳолини озиқ-овқат билан таъминлаш учун ресурслар ишлаб чиқаришни икки баробар кўпайтириш лозим»¹. Глобал иқлим ва тупроқ деградацияси ёмонлашуви натижасида қишлоқ хўжалик маҳсулотларининг маҳсулдорлиги пасайиб бормоқда. Глобал экологик офатни олдини олиш ва қишлоқ хўжалиги билан бир қаторда асосий бўлган табиий ресурслардан фойдаланишда ишлаб чиқариш ва истеъмол таркибида бир қатор радикал ўзгартиришлар қилиш лозим.

Асосий қишлоқ хўжалик экинлардан бири ғўза экини (*Gossypium L.*) ҳисобланади. Мутахассисларни тахминлари бўйича 2030 йилга келиб дунёда пахта хом-ашёсига талаб 102% га ўсади, ваҳоланки пахта хом-ашёсининг йиллик генетик кўпайиш меъёрлари 7,1-8,7 кг/га ни ташкил этади. Шу билан бир қаторда, жаҳон бозорида пахта толасининг сифати бўйича рақобат талаблари ортиб бормоқда.

Хозирда етиштирилиб келинаётган навлар умумий генетик тузилмага эга бўлиб, замон талабларига тўла жавоб бераолмайди. Толанинг сифатини яхшилаш бўйича ишлар хозирги ғўза навларининг генетик базаси жуда тор бўлганлиги ва пахта толаси сифати ва ҳосилдорлик ўртасидаги салбий генетик узвий боғлиқлик мавжудлиги сабабли жуда мураккаб жараён ҳисобланади. Бу жиҳатлар селекция жараёнида фойдаланиш учун генетик хилма-хил бўлган ғўза генетик ресурсларини тадқиқот қилиш дорзарб ҳисобланади.

Замонавий ғўза навларига маркерларга асосланган селекция (МАС) ёрдамида қимматли генетик материалларни интродукция этиш маданий ғўза навлари хилма-хиллигини бойитади, яхшилайти ва жаҳон бозорида республиканинг рақобатдошлигини таъминлайди.

Геномик изланишлар ва МАСнинг катта қисми *G.hirsutum L.* тури намоёндаларига қаратилгандир. Бошқа турларга, афсуски, етарлича эътибор берилмаяпти, ваҳоланки улар ҳам бой генетик имкониятларга эгадир. Масалан толаси бўйича хозирги нав ғўза кўрсаткичларига нисбатан бирмунча устун бўлган ингичка толали ғўза (*G.barbadense L.*) геномига эътиборни қаратиш лозим.

Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2008 йил 20 октябрдаги ПҚ-4041-сон «Озиқ-овқат экинлари экиладиган майдонларни оптималлаштириш ва уларни етиштиришни кўпайтириш чора-тадбирлари тўғрисида»ги Қарорида белгиланган вазифаларни муайян даражада бажаришга мазкур диссертация тадқиқоти хизмат қилади.

¹Xiao et al. New SSR markers for use in cotton (*Gossypium spp.*) improvement. The Journal of Cotton Science 13:75–157 (2009).

Тадқиқотнинг республика фан ва технологиялари ривожланишининг устувор йўналишларига боғлиқлиги. Мазкур диссертация тадқиқоти республика фан ва технологиялар ривожланишининг ПФИ-5 «Биология, биотехнология, тупроқшунослик, сув муаммолари, генетика масалалари ҳамда ўсимлик ва ҳайвонлар селекцияси»; ППИ-6 «Замонавий геномика, протеомика, метаболомика ва биоинформатиканинг ютуқларига асосланган биотехнологиянинг ривожланиши» йўналишларига мос равишда бажарилган.

Диссертация мавзуси бўйича хорижий илмий-тадқиқотлар шарҳи.

Gossypium туркуми номоёндаларининг молекуляр-генетик тадқиқотлари бўйича дунёнинг етакчи илмий-тадқиқот марказлари ва олий ўқув муассасаларида, жумладан, Texas A&M University (TAMU), Mississippi University Washington State University (АҚШ), Nanjing Agriculture University (Хитой), CIRAD (Франция), CSIRO (Австралия) кенг қамровли илмий-тадқиқотлар олиб борилмоқда.

Ўза гермплазмасини молекуляр тавсифлаш ва ассоциатив карталаштириш юзасидан олиб борилган илмий-тадқиқотлар натижасида, қуйидаги илмий ва амалий натижалар олинган: TAMU, Nanjing Agriculture University, CIRAD институтларида ўза геноми учун SSR маркерлар (NAU, MUSS, CIR) коллекцияси олинган, *Gossypium* авлоди вакиллариининг филогенетик боғлиқлиги аниқланган; TAMU, CIRAD ва CSIRO институтларида касалликларга, қурғоқчилик ва шўрланишга чидамлик ва тола сифати каби белгилари бўйича QTL аниқланган ва генетик картаси яратилган; Mississippi University да фузариоз вилти расаларига чидамликни ассоциатив хариталаш бўйича тадқиқотлар олиб борилмоқда ва Washington State University ва TAMU институтлари билан биргаликда ўза геноми бўйича «CottonGen» халқаро маълумотлар базаси яратилган.

Ҳозирги даврда *Gossypium barbadense* гермплазмасининг коллекциясини молекуляр тавсифлаш ва генетик структурасини ҳамда тенг бўлмаган боғлиқлигини аниқлаш, *Gossypium* геноми номоёндаларини ассоциатив хариталаш, хўжалик учун фойдали бўлган белгилар билан боғланган локус ва генларни аниқлаш каби устувор йўналишларда илмий изланишлар олиб борилмоқда.

Муаммонинг ўрганилганлик даражаси. Ингичка толали ўзанинг генетик хилма-хиллигини аллозим маркерлар ёрдамида Wendel J. и Percy R. шуғулланган. Хархил ДНК маркерларни ўзада қўллаш бўйича изланишлар АҚШ (Wendel J. and Percy R.; Westengen O.), Франция (Lacape J.-M.), Хитой (Wang H.), Хиндистон (Boopathi M.) ва Миср (Adawy S.; Abdellatif K.). гермплазма коллекция намуналарида олиб борилган.

Ўрта Осиё давлатларида ингичка толали ўзани тадқиқоти ва селекцияси билан А.И.Автономов, В.П.Красичков, В.Г. Кулебаев, И.К.Максименко, В.К. Эммануилов, А.А.Автономов каби олимлар шуғулланишган.

Ўзбекистонда *G. barbadense* турига мансуб навлар яратиш ва уларни тадқиқотлари бўйича Ф.М.Маузер, А.И.Автономов, А.А.Автономов М. Иксанов, М.Кимсанбаев, П.Ибрагимов, А.Абдуллаев, Т.Мухиддинов ва

бошқа олимлар шуғулланганлар. С-6002, С-6022, С-6029, С-6030, С-6037, С-6040, Термез-14, Термез-16, Термез-31, Клейстогам-1 каби ингичка толали навлар яратилган. Ҳозирги кунга қадар *G.barbadense* тури геномининг популяция тузилмаси ҳамда номувозанат боғланиш ва унинг бўлиниши ўрганилмаган.

Шуни қайд этиш лозимки, ғўзанинг маданий ингичка толали (*G.barbadense*) намуналарининг тола ва бошқа хўжалик белгилар кўрсаткичларини ассоциативий хариталаш, шу билан бир қаторда абсолют жиҳатдан турли жуғрофий шароитларда (Ўзбекистон ва АҚШ) ўстиришни ҳисобга олган ҳолда баҳолаш ишлари хорижда амалга оширилмаган.

Диссертация мавзусининг диссертация бажарилаётган илмий-тадқиқот муассасасининг илмий-тадқиқот ишлари билан боғлиқлиги. Диссертация тадқиқоти Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти ва Геномика ва биоинформатика марказида бажарилган бўлиб, Ф5-Т024 «*Gossypium* туркумининг полиморф турларининг туричи ва турлараро биохилма-хилликларининг филогенетик қариндошлик даражаси» (2012-2016 йй.), Ф5-Т030 «Инновацион биотехнологияни яратиш учун устувор қишлоқ хўжалик экинларининг геномларини ўрганиш» мавзуларида фундаментал тадқиқотлар (2012-2016 йй.), UZB2-31016-ТА-09 «Фузариоз вилт [*Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* (FOV)] билан касалланиш учун молекуляр тавсифнома ва миқдорий белгиларнинг (QTL) генлари-локусларини ассоциациялаш ва FOVга чидамлилиги бўйича ғўзанинг яхшиланган гермплазмасини яратиш» мавзусидаги UZB2-31016-ТА-09 халқаро лойиҳаси (2009-2013 йй.), ҳамда ЎзР ФА молиявий кўмагида ФА-Ф4-Е-149 «Ғўзанинг маркер ассоциацияланган селекциясини ривожлантириш учун ғўза геноми тузилмаси ва функциясини ўрганиш» (2007-2011 йй.) грантларига мувофиқ олиб борилган.

Тадқиқотнинг мақсади Ўзбекистон ғўза гермплазмасининг жаҳон коллекциясидаги ингичка толали ғўза (*G.barbadense*)нинг маданий намоёндаларини молекуляр-генетик хилма-хиллигини баҳолаш, популяция тузилмасига баҳо бериш ва толанинг қимматли белгилари билан ассоциацияланган генетик локусларини идентификация қилишдан иборат.

Белгиланган мақсадга эришиш учун қуйидаги **тадқиқот вазифалари** кўйилган:

Ўзбекистон ғўза гермплазмаси коллекциясидаги ингичка толали (*G.barbadense*) ғўза намоёндаларини тасодифий танлаш ва тола параметрларини, ҳамда морфологик белгиларни икки турли экологик минтақаларга (Ўзбекистон ва АҚШ) боғлиқ ҳолда тадқиқот қилиш;

ингичка толали нав намуналарини мавжуд микросателлит (SSR) маркерлар коллекцияси ёрдамида геном ДНКни ажратиб олиш, молекуляр-генетик скрининг ва генотиплаш ҳамда генетик таҳлил ва селекция ишлари учун фойдали бўлган ингичка толали ғўза генотипларини аниқлаш;

G.barbadense тури гермоплазмасида у ёки бошқа генотипларини аниқ дискриминациялаш учун ноёб локусларни идентификациялаш билан молекуляр полиморфизм даражасини аниқлаш. Молекуляр таҳлил асосида

G. barbadense тури филогенетик дарахтни тузиш ва ўрганилаётган намуналар орасидаги генетик масофани аниқлаш;

Ўзбекистон ғўза гермоплазмаси коллекциясидаги *G. barbadense* тури маданий намоёндаларида SSR генотиплар асосида молекуляр ҳилма-хилликни, генетик қариндошлик, популяциялар тузилмаси баҳолаш.

ДНК маркерлари ёрдамида *G. barbadense* маданий тури геноми учун номувозанат боғланиш (рекомбинация блокларнинг ўртача хажми)ни аниқлаш ва НС, популяция ва филогения тузилмаси даражаси асосида муносиб ассоциатив хариталаш усулини аниқлаш;

G. barbadense турининг маданий намоёндаларидан ажратиб олинган тола белгиларини баҳолаш ва генетик таҳлил этиш. Ассоциатив хариталашнинг янги стратегияси асосида асосий тола белгиларини хариталаш. QTL билан статистик аҳамиятга эга бўлган тола сифати ва бошқа белгиларнинг маркер локусларини идентификациялаш;

QTL билан тола сифати ва бошқа белгиларни хромосома ва маркерларнинг хромосомавий локализациясини аниқлаш ҳамда уларнинг тетраплоид ғўзанинг интеграциялашган халқаро эталон генетик харитаси билан бирлаштириш;

Маркер-ассоциатив белгилар олдида жойлашган генларни аниқлаш.

Тадқиқот объекти - сифатида ЎЗР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти Ғўза систематикаси ва интродукцияси лабораториясида сақланаётган ғўзанинг жахон коллекциясидаги жуғрофий келиб чиқиши жиҳатидан турли бўлган ингичка толали ғўза (*G. barbadense*) нинг 288 нав намуналаридан фойдаланилди.

Тадқиқот предмети - молекуляр-генетик хилма-хиллик, тола сифати ва бошқа қимматли-хўжалик белгилари кўрсаткичлари билан ассоциацияланган популяция тузилмаси ва генетик локуслари ҳисобланади.

Тадқиқот усуллари. Изланишларда ғўза генетикаси ва селекциясининг классик услублари ҳамда молекуляр генетика ва геномика, статистика ва биоинформатика соҳаларининг замонавий ёндошишларидан фойдаланилди.

Тадқиқотнинг илмий янгилиги куйидагилардан иборат:

илк бор Ўзбекистон ғўза гермоплазмаси коллекциясидаги *G. barbadense* тури 288 нав намуналарининг катта жамламаси икки мустақил эко-жуғрофий шароитларда (Ўзбекистон ва АҚШ) қимматли хўжалик белгилар комплекси бўйича баҳоланган;

турли эко-жуғрофий ўсиш шароитларида қизиқтирган белгилар бўйича юқори барқарорликка эга бўлган экотиплар ҳамда толанинг бир неча белги кўрсаткичлари ва қимматли морфологик кўрсаткичларни ўзида бириктирган энг яхши кўрсаткичлари Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида аниқланган;

G. barbadense тури нав намуналарининг молекуляр-генетик ҳилма-хиллиги SSR маркерлар ёрдамида ўрганилди ва *G. barbadense* турининг маданий намоёндалари геноми таҳлили учун информатив микросателлит маркер локуслари аниқланган;

G. barbadense тури гермоплазмасининг маданий намоёндаларида SSR маркер локусларининг сони, ўзгарувчанлиги, аллелларнинг тақсимланиш

частотаси аниқланди ва ДНК-маркер локуслари даражасида генетик хилма-хилликга баҳо берилган.

ингичка толали ғўза маданий намоёндалари коллекциясидаги навуналарининг генетик масофаси, генетик фарқи ва филогенетик муносабатлари аниқланган;

G.barbadense тури маданий намоёндалари популяцияларнинг генетик тузилмаси, популяциянинг генетик дифференциацияси ва хусусан генетик хилма-хил бўлган экотиплар аниқланган;

популяцияларо ва популяцияичи генетик дифференциацияси аниқланган;

G.barbadense тури маданий намоёндалари геномида боғланиш бўйича номувозанатлик ва унинг бўлинишини баҳолаш ўтказилган;

G.barbadense тури маданий намоёндалари гермплазмаси ресурсларидан фойдаланилган ҳолда қимматли белгиларнинг ассоциатив хариталаш амалга оширилди ва Ўзбекистон ҳамда АҚШ шароитларида тола белгилари билан жиддий ассоциацияга эга бўлган маркер-ассоциацияланган белгилар аниқланган;

тетраплоид ғўзанинг интеграциялашган генетик харитасига аниқлик киритилиб, янги ва маълум бўлган маркер-ассоциатив белгилар орасидаги масофалари, ҳамда хромосомаларда айрим QTL қимматли-хўжалик белгиларнинг аниқ жойланиши аниқланган;

комплекс компьютер таҳлилидан фойдаланган ҳолда «in silico chromosome walking» услуби синаб кўрилиб, SSR маркер локуслар ёнидаги айрим маркер-ассоциацияланган белгиларнинг намоён бўлишини таъминлайдиган гомологик генларнинг кетма-кетлигини аниқлашга имкон яратилган.

Тадқиқотнинг амалий натижаси. аниқланган энг информатив маркерлар молекуляр тавсифномалаш бўйича ишларда фойдаланиш, *G.barbadense* тури маданий намоёндалари гермплазма популяцияларида эволюция ва филогения генетик масофаларини аниқлаш ҳамда ҳали ўрганилмаган қимматли белгиларни ассоциациявий хариталаш ва келгусида МАСда фойдаланиш учун тавсия этилади;

G.barbadense тури геномида аниқланган номувозанат блоклари ва уларнинг бўлинишининг ўртача қиймати генларни хариталаш учун зарур бўлган маркерларни аниқлаш ва ғўза гермплазмасини ассоциациявий хариталаш бўйича тадқиқотларнинг аниқ дизайни учун фойдаланиш тавсия этилади;

тола ва бошқа қимматли белгилар билан аҳамиятли ассоциациясини кўрсатган маркерлар турли гермплазма ичида МАС дастурларида кенг фойдаланиш учун тавсия этилади;

ушбу ишларда фойдаланилган тадқиқот натижалари, тадқиқот дизайни, геномик ва биоинформатик ёндошишлар илмий-тадқиқот институтлари илмий кадрларини тайёрлашда ўқув дастурларига киритиш, келгуси изланишларда геномика ва молекуляр генетика соҳасида қўлланма сифатида фойдаланиш, ҳамда олий ўқув юртлари ихтисослик бўйича дипломолди ва

дипломдан сўнг босқич ўқув жараёнларида ўқув материали сифатида фойдаланиш мақсадга мувофиқдир.

Тадқиқот натижаларининг ишончлилиги. Халқаро журналларда нашр қилиш давомида, шунингдек халқаро анжуманлардаги муҳокамаларда илмий жамоатчилик томонидан тан олинган ва амалда тасдиқлаган. Бундан ташқари, натижалар замонавий, бир-бирини тўлдирувчи, молекуляр генетик ёндашувлардан фойдаланиш натижасида тасдиқланган. Олинган маълумотлар классик статистик, параметрик ва нопараметрик тестлар билан ишланган; бош компонентлар фактор таҳлили, бир факторли ва кўп факторли дисперсион таҳлили (ANOVA) ва молекуляр вариациялар таҳлили (AMOVA)дан фойдаланилган ҳолда таҳлил этилди; маълумотларга Бонферрони тузатишлари ва Байесов текшируви қўланилди; умумлашган чизиқли моделлар (GLM) ва аралашма чизиқли моделлар (MLM)нинг замонавий ёндошишларидан фойдаланилди; замонавий статистик ва биоинформатик дастурлар пакетидан фойдаланилди.

Тадқиқот натижаларининг илмий ва амалий аҳамияти. Ушбу изланишда фойдаланилган ДНК-маркерлар асосида фойдали локусларни молекуляр хариталаш бўйича экспериментал ва услубий тадқиқотлар ёғзанинг қатор мураккаб микдорий белгилари ва уларнинг генларини ўрганиш ишларини жадаллаштиради ҳамда маҳаллий ва жаҳон фанида кам ўрганилган *G.barbadense* ёғза тури геномини хариталаш бўйича янги йўналишларини дунёда ва Ўзбекистонда ривожлантиради.

Ёғза геномида номувозанат бўйича боғланишни баҳолаш ва билиш самарали MAS дастурларни олиб бориш учун зарурий бўлган ДНК маркерларнинг минимал миқдорини аниқлаш имкониятини беради. Модомики, аниқланган SSR маркерлар пахта толаси белгиларига маъсул бўлган локуслар билан аҳамиятли боғланишга эга бўлар экан, улар MAS услуби орқали турли фойдали белгиларга эга бўлган ёғзанинг элита навларига ушбу локусларни ўтказиш учун селекция ишларида қимматли восита бўлиб хизмат қилиши мумкин ва шу орқали юқори иқтисодий ва экологик аҳамиятга эга бўлади.

Қимматли белгиларнинг тадқиқотларда локаллашган аниқ минтақалари билан аниқланган референс генетик хариталар рекомбинация жараёнларини ўрганиш, геномнинг «қизғин нуқталари»ни аниқлаш, комплекс белгиларнинг ўтказилиши ва мустақамланиши, қизиқтирган белгиларни таъминлайдиган генларни аниқлаш ва уларнинг функционал таҳлилида муҳим аҳамиятга эга.

Аниқланган муҳим белгиларни сақловчи генотиплар селекция ишларида ишлатилиши зарур.

Тадқиқот материаллари илмий-таълим жараёнларида биология мутахасислиги бўйича талабалар учун маърузалар курсини ишлаб чиқишда фойдаланиш мумкин.

Тадқиқот натижаларининг жорий қилиниши. Диссертация тадқиқоти натижасида олинган назарий ва амалий ёндошишлар ҳамда ДНК маркер таҳлили асосида ишлаб чиқилган услубият Bioversity International, Глобал Экологик Фонд (GEF) ва БМТнинг Ташқи муҳит бўйича Дастури (UNEP)

доирасидаги «Марказий Осиёда агрохилма-хилликни *In situ/On farm* сақлаш ва фойдаланиш» (2009-2013 йй.) грантнинг турли хил қишлоқ хўжалиги экинларини молекуляр генетик баҳолашда қўлланилган (Bioversity International, 07.10.2015 й. хати);

диссертацияда келтирилган нотенглик боғланишнинг таҳлили услуби, ассоциатив хариталаш ва бошқа услубий ёндошишлар АҚШ Қишлоқ хўжалик Департаменти (USDA- Agricultural Research Service) кўмагида «Ўза генетик ресурсларини сақлаш, генетик таҳлили ва фойдаланиш» лойиҳаси (қайд рақами № 3096-21000-019-02) доирасида дунё тадқиқотчилари томонидан фойдаланилди;

Ўза нав намуналари генотиплари тўғрисидаги маълумот, Ўза гермоплазмаси локал электрон базасини яратиш ва жорий этишда, Ўза генофонди бўйича Миллий ахборот тизимини яратиш бўйича ПЗ-2014-0909182632 идоралараро амалий лойиҳаси доирасида фойдаланилмоқда.

Тадқиқот натижаларининг апробацияси. Диссертация материаллари куйидаги тадбирларда апробациядан ўтган: «ICGI-International Cotton Genome Initiative» Ўза геномикаси бўйича халқаро илмий-амалий конференцияси, Ухань, ХХР, 2014 й.; «Workshop on Dynamics of Ecosystems and Environment in Central Asia» Марказий Осиёда экосистемалар ва ташқи муҳит динамикаси бўйича халқаро семинар, Шэньчжень ш., ХХР, 2014 й.; «Селекция ва уруғчилик бўйича илмий тадқиқотларни ташкил этишнинг муҳим йўналишлари» республика илмий-амалий конференцияси, ТошДАУ, Тошкент ш., 2013 й.; Ўсимликларни ўрганиш бўйича Вена халқаро ассоциацияси (VIPCA) томонидан ташкил этилган «Molecular Mapping & Marker Assisted Selection» молекуляр хариталаш ва маркер ассоциацияланган селекция бўйича халқаро конференцияси, Вена ш., Австрия в 2012 й.; AAAS кўмагида ўтказилган «UZ-US Life Sciences Collaboration: Defining the Opportunities» халқаро конференция, Тошкент ш., 2012; «Мевали экинлар ва уларнинг ёввойи авлодлари хилма-хиллигини сақлаш ва барқарор фойдаланиш» халқаро илмий-амалий конференцияси, Тошкент ш., 2011 й.; «ICGI-International Cotton Genome Initiative» Ўза геному бўйича халқаро илмий-амалий конференцияси, Канберра ш., Австралия, 2010 й.; «Cotton World Germplasm diversity- a basis of fundamental and applied research» халқаро конференцияси, Тошкент ш., 2010 й.; «Фаннинг долзарб муаммоларига ёш олимларнинг назари» республика илмий конференцияси, Тошкент ш., 2010 й.

Тадқиқот натижаларининг эълон қилиниши. Диссертация мавзуси бўйича жами 37 та илмий иш нашр этирилган, жумладан, миллий журналларда 13 та, халқаро журналларда 4 та, илмий анжуманларда 18 та, шунингдек, 2 та халқаро монография нашр этилган.

Диссертациянинг ҳажми ва тузилиши. Диссертация кириш, 5 та боб, хулоса, ишлаб чиқаришга тавсиялар, фойдаланилган адабиётлар рўйхати, 207 саҳифадан иборат матн, 23 та расм, 30 та жадвал ва 23 та иловадан иборат.

ДИССЕРАТЦИЯНИНГ АСОСИЙ МАЗМУНИ

Кириш қисмида мавзунинг долзарблиги асосланган, тадқиқотнинг мақсади ва вазифалари, унинг илмий янгилиги, натижаларнинг назарий ва амалий аҳамияти ифодаланади, ҳимояга олиб чиқилган мавзунинг мазмуни таърифланади, олинган изланиш натижаларининг амалиётга жорий этилишининг асоси келтирилади.

Биринчи боб «**Ёўза гермплазмасини такомиллаштириш учун ассоциатив хариталашнинг ўрни ва *G. barbadense* L. тури бўйича тадқиқотлар**»да *G. barbadense* тури генетик хилма-хиллигининг тарихи, келиб чиқиши ва тавсифи масалалари очиб берилди. Ингичка толали ёўзанинг селекция дастурларини яхшилашдаги имконияти муаммолари ва истиқболлари, унинг генетик хилма-хиллигини ўрганиш, ёўзанинг қимматли хўжалик белгилари мажмуини генетик хариталаш, ассоциатив хариталашнинг (АХ) услубияти ва концепцияси, боғланиш бўйича нотенглик (НТ) ҳолатларини ўрганиш, унинг бузилиши ва ўсимликларда боғланиш бўйича НТ асосида АХ нинг амалий қўлланиши келтирилади. Селекцион дастурларга ингичка толали ёўзанинг генетик имкониятларини жалб этиш масалалари очиб берилди.

Иккинчи боб «***G. barbadense* тури вакиллариининг ашёси, ўрганиш услублари ва шароити**» да тадқиқотларда фойдаланилган ашёлар ва услублар ҳам баён этилган.

Учинчи боб «***G. barbadense* тури маданий вакилларида парваришлаш шароитларидан келиб чиқган ҳолда тола сифати курсаткичлари бўйича морфо-географик тавсифи ҳамда уларнинг генетик корреляцияси ва узгарувчанлиги**» бўйича олиб борилган тадқиқотлар натижалари келтирилган.

Гермплазманинг генетик коллекциясидаги ингичка толали *G. barbadense* турига мансуб 288 намунани жуғрофий ва морфологик хилма-хиллигига баҳо берилди. Олиб борилган тадқиқотлар натижасида ингичка толали ёўза гермоплазмаси намуналари 18 морфологик белгилар ва фузариоз вилтга чидамлилиги бўйича статистик баҳоланди. Ўрганилган белгилар ва тавсифий статистика натижалари 1-жадвада келтирилган.

Морфологик белгиларнинг корреляцияси. Дисперсион таҳлилдан (ANOVA) фойдаланган ҳолда бирқанча морфологик ва фенотипик кўрсаткичлар бўйича ҳам ижобий ҳам салбий узвий боғлиқлик аниқланди. Энг кўп ижобий узвий боғлиқлик сони Ўзбекистон ва Туркменистон нав намуналарида намоён бўлди. Морфологик белгиларнинг узвий боғлиқлиги таҳлили натижалари ҳамда уларнинг жуғрофий келиб чиқишига боғлиқлигида ўзаро узвий боғлиқлиги таҳлилининг тўлиқ натижалари 2-3-жадвалларда келтирилган.

1-жадвал

Вўзаанинг *G.barbadense* тури 288 нав намуналари ўртасидаги морфологик белгилари* бўйича статистик маълумотлар

Белгилар	Ўртача мин.**	Ўртача макс.**	Ўртача	Стандарт. фарқ	Стандарт. хаго	t	P	95% ишончли интервал	
								пастки	юқори
Ўсимлик бўйи	50,33	235,00	113,36	32,13	2,28	49,77	0,00	108,87	117,86
HS	3,67	9,40	5,83	1,02	0,07	80,67	0,00	5,68	5,97
Моноподиялар	1,00	5,00	1,78	0,74	0,06	32,04	0,00	1,67	1,89
Симподиялар	10,00	35,67	21,50	5,02	0,36	60,39	0,00	20,79	22,20
Бўғимлар сони	14,33	44,80	27,47	5,23	0,37	74,05	0,00	26,74	28,20
Кўчак шакли	1,00	5,00	2,86	0,84	0,06	48,33	0,00	2,75	2,98
Чаноқлар сони	3,30	5,00	3,45	0,22	0,02	222,15	0,00	3,41	3,48
Кўсаклар сони	8,00	93,33	35,28	11,40	0,81	43,67	0,00	33,69	36,88
Ётиб қолиши	0,00	1,00	0,28	0,43	0,03	8,07	0,00	0,21	0,34
Барг бўлмалари сони	3,40	5,00	3,51	0,11	0,01	456,91	0,00	3,49	3,52
Барг шакли	1,00	4,00	2,52	0,65	0,05	52,04	0,00	2,42	2,62
Шохланиш тури	1,00	3,00	2,48	0,73	0,07	36,05	0,00	2,34	2,62
Гултожи баргдаги доғлар	1,00	2,00	1,39	0,48	0,05	27,12	0,00	1,29	1,49
Бир хиллик	1,00	2,00	1,09	0,27	0,03	37,46	0,00	1,03	1,15
Антоциан	0,00	3,00	1,00	0,67	0,06	16,81	0,00	0,89	1,12
Тукланиши	1,00	7,00	1,31	1,03	0,09	14,24	0,00	1,13	1,49
Поя шакли	3,00	5,00	3,76	0,92	0,08	45,90	0,00	3,60	3,93
Кўсакларнинг умуй сони	8,00	93,33	32,86	11,22	0,66	49,97	0,00	31,56	34,15
Вилтга чидамлик	0,00	4,00	1,91	0,59	0,03	55,79	0,00	1,85	1,98

* -жадвалда миқдорий ва сифат белгилари келтирилган. Сифат белгилари (кўсак, барг ва поя шакллари, тукланиш, ётиб қолиши ва бошқалар) учун жадвалда ҳалқаро стандартлари асосида ишлаб чиқилган кодировка кўрсаткичлари кўрсатилган.

** - ҳар бир нав намунаси рендомизация блокларида етиштирилган, 4 блокда, ҳар бир блокда 10 та ўсимлик, блоклардаги ўртача қийматлар блокларда суммалаштирилгандан сўнги ҳисоблар асосида аниқланган.

2-жадвал

Географик келиб чиқиши турли хил бўлган ғўзанинг ингичка толали нав намуналарида морфологик белгиларнинг корреляцияси

Ўзбекистон/Африка [†]	Ўзбекистон /Туркменистон	Ўзбекистон /АҚШ	АҚШ/Туркменистон
Ўсимлик бўйи (z=3,4023***) Ўтувчанлик (z=2,9682*) Барг шакли (z=5,3513***) Шохланиш типи (z=5,3513***) Гулдаги антоциан доғ (z=4,1373***) Бир хиллик (z=3,0712**)	hs (z=4,1536***) Кўсак шакли (z=3,8275***) Ўтувчанлик (z=3,1349***) Барг шакли (z=4,3062***) Шохланиш типи (z=4,3062***) Гулдаги антоциан доғ (z=2,5375**) Бир хиллик (z=3,7068***)	Ўтувчанлик (z=3,2842***) Барг шакли (z=4,2236***) Шохланиш типи (z=4,2236***) Гулдаги антоциан доғ (z=4,0861**) Бир хиллик (z=3,0730**)	hs (z=3,3484***) Гулдаги антоциан доғ (z=2,7835**)

[†] келтирилган натижаларни соддалаштириш учун Африка мамлакатларидан келтирилган барча намуналар “Африка” гуруҳига бирлаштирилди; Характерли кадриятлар киймати бўлса сезиларли даражада фарк килади z>1,9600; ** - z>2,9352; *** - z>3,0381 (0.05). киймат p=0.05, p=0,01, p=0,001, p=0,0001 критик кийматга тўғри келади z=1,96, z=2,17, z=2,58 и z=3,28

3 –жадвал

G. barbadense L тури вакиллариининг морфологик ва фенотипик кўрсаткичларининг корреляцион таҳлил натижалари (Пирсон бўйича).

	Ўсимлик бўйи	HS	Моноподия	Симподия	Бўғинлар сони	Кўсак шакли	Чаноклар сони	Кўсақлар сони	Ўтувчанлик	Бўлакчалар сони	Барг шакли	Шохланиш типи	Гулдаги антоциан доғ	Бир хиллик	Антоциан доғ	Тукланиш даражаси	Туп шакли
Ўсимлик бўйи	1																
HS	0,341(**)	1															
Моноподия	-0,02	0,165(*)	1														
Симподия	0,715(**)	0,191(**)	0,03	1													
Бўғинлар сони	0,725(**)	0,387(**)	0,15(*)	0,967(**)	1												
Кўсак шакли	0,011	-0,098	0,03	0,128	0,098	1											
Чаноклар сони	0,024	0,027	0,01	0,012	0,031	-0,267(**)	1										
Кўсак сони	0,097	0,099	0,05	0,108	0,153(*)	0,026	-0,11	1									
Ўтувчанлик	0,181(*)	-0,045	0,03	0,063	0,068	-0,055	-0,1	-0,107	1								
Бўлакчалар сони	0,021	0,017	0,02	-0,059	-0,041	-0,162(*)	0,59(**)	0,029	0,052	1							
Барг шакли	-0,160(*)	0,054	0,02	-0,263(**)	-0,251(**)	0,016	-0,06	0,131	-0,292(**)	-0,055	1						
Шохланиш типи	0,233(*)	0,250(**)	0,01	0,259(**)	0,293(**)	0,311(**)	-0,34(**)	-0,237(*)	0,439(**)	-0,198(*)	-0,302(**)	1					
Гулдаги антоц.н доғ	0,299(**)	0,066	0,08	0,096	0,126	0,214(*)	0,03	-0,405(**)	0,587(**)	0,068	-0,602(**)	0,603(**)	1				
Бир хиллик	0,122	0,088	0,29(**)	0,270(*)	0,301(**)	-0,134	0,23 (*)	-0,21	-0,241(*)	-0,033	0,013	-0,347(**)	-0,259(*)	1			
Антоциан доғ	0,064	-0,03	-0,16	-0,021	-0,02	-0,124	0,06	0,096	-0,051	0,136	0,058	-0,055	0,1	0,03	1		
Тукланиш даражаси	-0,047	-0,01	-0,03	-0,03	-0,023	-0,162	0,72 (**)	-0,096	-0,215(*)	0,501(**)	0,016	-0,320(**)	-0,01	0,14	0,19(*)	1	
Туп шакли	0,201(*)	0,211(*)	0,02	0,293(**)	0,270(**)	0,09	0,04	-0,240(**)	-0,349(**)	-0,082	0,034	0,076	-0,155	0,03	-0,09	0,07	1
Вилтга чидам.к	0,1	-0,037	0,12	0,109	0,111	0,09	0,05	-0,116	-0,069	0,108	-0,309(**)	0,09	0,083	0,26(*)	-0,05	0,02	0,02
Географик. худуд	-0,239(**)	-0,045	-0,10	-0,123	-0,13	0,168(*)	0,03	0,075	-0,232(**)	0,015	0,362(**)	-0,245(**)	-0,355(**)	0,01	-0,02	0,06	0,04

* Корреляция куйидаги кийматда ахамиятли p=0.05 ; ** Корреляция куйидаги кийматда ахамиятли p=0.001

Тола кўрсаткичларини баҳолаш. HVI услуги ёрдамида ғўза гермплазмасининг ингичка толали иккита турли эколого-географик шароитларда (Ўзбекистон ва АҚШ) етиштирилган 288 та вакилларида толанинг 4 та асосий кўрсаткичлари (микронейр, пишиқлиги, узунлиги, бирхиллилик) статистик баҳоланди. Иккала эколого-географик шароитларда ҳам белгиларнинг ўзгариш коэффицентлари 1,63-1,89 (бирхиллилик) дан 11,45-12,22 (микронейр) гача ўзгарувчанлиги аниқланди. Иккита давлатда етиштирилган ғўза толаси белгиларининг статистик кўрсаткичлари 4-жадвалда келтирилган.

4-жадвал
***G. barbadense* тури 288 нав намуналарини белгиларини Ўзбекистон ва АҚШ шароитларидаги номоён бўлиш статистикаси**

	Кол-во	Сред. (X)	Min.	1-й кватиль	Медиана	3-й кватиль	Мах.	10% перцентиль	90% перцентиль	SD	CV
Ўзбекистон											
Микрон	247	4,25	3,0	3,9	4,3	4,6	6,3	3,6	4,9	0,51	12,2
Пишиқ	247	38,81	26,4	37,4	38,8	40,4	49,3	35,7	42,3	2,95	7,62
Узунлиги	247	1,30	0,95	1,26	1,32	1,36	1,5	1,19	1,4	0,08	6,51
Бир текислиги	247	84,74	78,9	83,8	84,8	85,9	88,6	82,7	86,6	1,60	1,89
АҚШ											
Микрон	278	4,06	2,6	3,7	4,1	4,4	5,3	3,4	4,6	0,46	11,4
Пишиқ	278	36,50	26,7	34,9	36,4	38,1	43,7	33,6	40,1	2,61	7,16
Узунлиги	278	1,36	1,0	1,32	1,36	1,41	1,58	1,26	1,45	0,08	6,04
Бир	278	87,30	81,6	86,5	87,5	88,3	90,0	85,5	89,0	1,42	1,63

† ингичккалик хусусиятлари ва ҳаво ўтказувчанлиги билан белгиланадиган пахта толасини етилганлигини билдирадиган индекс; * дюймда (1 дюйм = 25,4 мм) белгиланган стандартларга мувофиқ HVI узунлиги; ** толани ўртача узунлигини юкори ўртача узунлигига процент нисбати.

G. barbadense турининг хархил географик гурухи нав намуналарининг Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида тола кўрсаткичларининг таққосий натижалари 5 жадвалда келтирилган.

Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида *G.barbadense* хархил географик гуруҳларининг тола кўрсаткичларини солиштириш.

	Микронеир		Прочность		Длина		Равномерность	
	Узб.	АҚШ	Узб.	АҚШ	Узб.	АҚШ	Узб.	АҚШ
Африка	$\bar{X}=4,26$ $S=0,59$	$\bar{X}=4,1$ $S=0,44$	$\bar{X}=37,85$ $S=3,77$	$\bar{X}=36,01$ $S=3,21$	$\bar{X}=1,29$ $S=0,10$	$\bar{X}=1,35$ $S=0,11$	$\bar{X}=84,30$ $S=1,91$	$\bar{X}=87,1$ $S=1,72$
Ўзбекистон	$\bar{X}=4,31$ $S=0,49$	$\bar{X}=4,1$ $S=0,49$	$\bar{X}=39,08$ $S=2,44$	$\bar{X}=36,78$ $S=2,09$	$\bar{X}=1,31$ $S=0,08$	$\bar{X}=1,36$ $S=0,07$	$\bar{X}=84,89$ $S=1,52$	$\bar{X}=87,3$ $S=1,17$
АҚШ	$\bar{X}=4,38$ $S=0,64$	$\bar{X}=4,0$ $S=0,44$	$\bar{X}=38,39$ $S=3,09$	$\bar{X}=36,83$ $S=2,09$	$\bar{X}=1,28$ $S=0,07$	$\bar{X}=1,35$ $S=0,07$	$\bar{X}=83,66$ $S=2,13$	$\bar{X}=87,2$ $S=0,80$
Туркменистон	$\bar{X}=4,18$ $S=0,51$	$\bar{X}=4,0$ $S=0,47$	$\bar{X}=38,57$ $S=3,11$	$\bar{X}=36,32$ $S=3,01$	$\bar{X}=1,31$ $S=0,09$	$\bar{X}=1,36$ $S=0,09$	$\bar{X}=84,77$ $S=1,57$	$\bar{X}=87,3$ $S=1,61$

* Корреляция куйидаги қийматда ахамиятли $p=0.05$; ** Корреляция куйидаги қийматда ахамиятли $p=0.001$

Тола белгиларининг корреляцияси . G.barbadense нав намуналарини Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида тола белгиларининг корреляция таҳлиллари олиб борилганда, ўрганилаётган белгилар ўртасидаги боғлиқлик ижобий ва салбий эканлигини кўрсатди (6 ва 7 жадвал).

6-жадвал

Ўзбекистон (Тошкент) шароитида ингичка толали ғўзанинг 288 та нав намуналарида тола кўрсаткичларининг кенгайтирилган корреляция таҳлили

	MIC	STR	LEN	UNF	SFI	ELY	CG	RD
MIC	1							
STR	-0,258**	1						
LEN	-0,560**	0,505**	1					
UNF	-0,297**	0,634**	0,610**	1				
SFI	0,272**	-0,604**	-0,66**	-0,78**	1			
ELY	0,211**	-0,291**	-0,148*	-0,156*	0,004	1		
CG	-0,035	-0,08	-0,058	-0,049	0,097	0,054	1	
RD	-0,125*	-0,03	0,087	0,042	0,002	-0,212**	-0,174**	1
+b	0,091	0,109	-0,023	0,022	-0,079	0,198**	0,047	-0,758**

* Корреляция $p \leq 0.05$ қийматда ахамиятли; ** Корреляция $p \leq 0.001$ қийматда ахамиятли; ELY- Растяжимость (определяется как полное удлинение при разрыве и выражается в процентах к первоначальной длине); MIC – микронеир, STR – пишиклиги, LEN – узунлиги, UNF – бир текислиги, SFI – калта тола индекси; CG – ифлослиги; RD – ёруғликни кайтариш коэффициенти; +b – сарғишлиги (рангдорлиги).

7-жадвал

АҚШ (Калифорния) шароитида ингичка толали ғўзанинг 288 та нав намуналарида тола кўрсаткичларининг корреляция таҳлили

	MIC	STR	LEN	UNF
MIC	1			
STR	-0,068	1		
LEN	-0,427 (**)	0,155(*)	1	
UNF	-0,241 (**)	0,219 (**)	0,774(**)	1

Тола белгилари ўзгарувчанлигининг дисперсия таҳлили (ANOVA) ва нисбатан турғун нав намуналарини аниқлаш. Тола белгиларининг географик шароитларда етиштирилишига боғланган ўзгарувчанлигининг аниқ кўриниши аниқланди. (Жадвал. 8). АҚШ (Калифорния) шароитида толанинг узунлиги, бир текислиги ва микронейр кўрсаткичларини яхшироқ намоён бўлиши учун кўлайлироқ эканлигини кўрсатди. Натижаларга кўра, толанинг микронейри, узунлиги, пишиқлиги ва бир текислиги бўйича қийматлари иккала шароит ўртасида сезиларли фарқланди.

8-жадвал

Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида ўстирилганда тола белгилари боғлиқлигининг вариациялар дисперсия таҳлил натижалари

	Микронейри	Пишиқлиги	Узунлиги	Бир текислиги
X ² ;	18,84;	97,10;	57,62;	244,92;
p-value	0,000014	0,000000	0,000000	0,000000
F-Ratio;	23,15;	94,15;	57,88;	390,55;
p-value	0,000002*	0,000000*	0,000000*	0,000000*
Power (б =0,05)	0,9977	1	1	1
SS country	5,61	724,10	0,397	892,66
SS S(A)	131,51	4176,40	3,726	1241,13
MS country	5,61	724,10	0,397	892,66
MS S(A)	0,24	7,69	6,86E-03	2,28
SS Total	137,12	4900,51	4,123	2133,79
DF country	1	1	1	1
DF S(A)	574	574	574	574

1-Статистик қийматларини аниқлашда F параметрининг alpha=0,05 аниқлик қийматидан фойдаланди. * б = 0,05 қийматда аҳамиятли.

Шу билан бир вақтда, ўтказилган тадқиқотлар нав намуналарини ўстириш шароитидан қатъи назар деярли бир хил кўрсаткичларда қолишини аниқлаш имконини берди. (9-жадвал).

SSR маркерларининг генетик хилма-хиллик даражаси ва унинг полиморфизми. Нав намуналаридаги полиморфизмни 750 ДНК маркерлар ёрдамида тадқиқот қилинди. Ушбу маркерлардан 108 таси (14%) *G.barbadense* намуналари орасида полиморф эканлиги аниқланди. Аниқланган 108 та полиморф SSR маркерлар *G.barbadense* нав намуналарида 301 маркер

локуслари амплификация қилинди. Умумий локуслар сони 2дан 5 гача бўлиб хар бир SSR маркерлари ўзаро 3,5 даражада фарқланади.

9-жадвал

Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида кучли турғунлик намоён этган намуналар

Белгилар	Нав намуналар миқдори	Кўрсаткичлари
Тола пишиқлиги	92	>37гр/текс
Микронейри	41	$\geq 3,7 \leq 4,2$
Тола узунлиги	9	$\geq 1,5$ дюйм
Бир текислиги	7	>87%
4 та белги бўйича	7	

Тўртинчи боб «Ўзанинг ингичка толали маданий турлари популяцияларининг филогенияси, молекуляр-генетик хилма хиллиги ва полиморфлик даражаси» да молекуляр-генетик таҳлил бўйича батафсил маълумотлар келтирилган.

Ўтказилган тадқиқотларда ўрганилган 60 та (55%) мултилокус бўлиб (3 ва ундан ортиқ) қолган бошқа локуслар эса (81%) 2 ва 3 локусни ташкил этди (10.11 жадвал).

Маркерларни полиморф информациясини таркибий қисмини баҳолашда ўртача информация PIC-029 (CD=0,16) ташкил этади. Аллелларнинг ўртача частотаси мос равишда энг кам ва энг кўп 0,02 ва 0,996 кўрсаткичлар билан 0,424 (SD = 0.33)ни ташкил этди. Аниқланган 301 та маркер аллел локусларини 66 таси (~22%) кам ҳолда учрайдиган аллеллар бўлиб уларни учраб қолиш даражаси популяцияда 5% ташкил этади. Ушбу ҳолатда минор аллелларнинг юқори, ўрта ва паст ҳолатдаги кўрсаткич даражаси мос равишда 0,02, 0,05, 0,028 (SD=0,014)ни ташкил этди. Ўзбек коллекциясининг *G.barbadense* кенг кўламда ўтказилган таҳлисида генетик хилма-хиллик ҳамма SSR локуслари учун ўртача даражада бўлиб 0,33ни ташкил қилди, аммо уларни диапозони анча кенг бўлиб (0,02 дан 0,71гача) уларни MAS учун етарли даражада фойдаланиш имкониятини беради.

10-жадвал

108 SSR маркерлар ичида локуслар сонининг тақсимланиши.

Маркерлар сони	Аллеллар сони	Локуслар сони
48	2	96
40	3	120
15	4	60
5	5	25
Умумий:	108	301

G.barbadense турининг 288 нав намуналари орасидаги генетик масофа аниқланди. Ўрганилган нав намуналари орасидаги генетик масофа етарли

даражада бўлиб қисқа ва узун масофаларда (0,01 ва 0,67) 0,19(SD=0,11) ни ташкил этди. NJ ва (UPGMA) услубларида нав намуналарини ўзаро боғланиши дендрограммаси тузилиб, унинг асосида 2 асосий А ва В гуруҳни ташкил этди ва уларни орасидаги масофа >50% бўлиб, яна 5 та аниқ фарқланадиган гуруҳчалардан иборат эканлиги аниқланди (1 - расм).

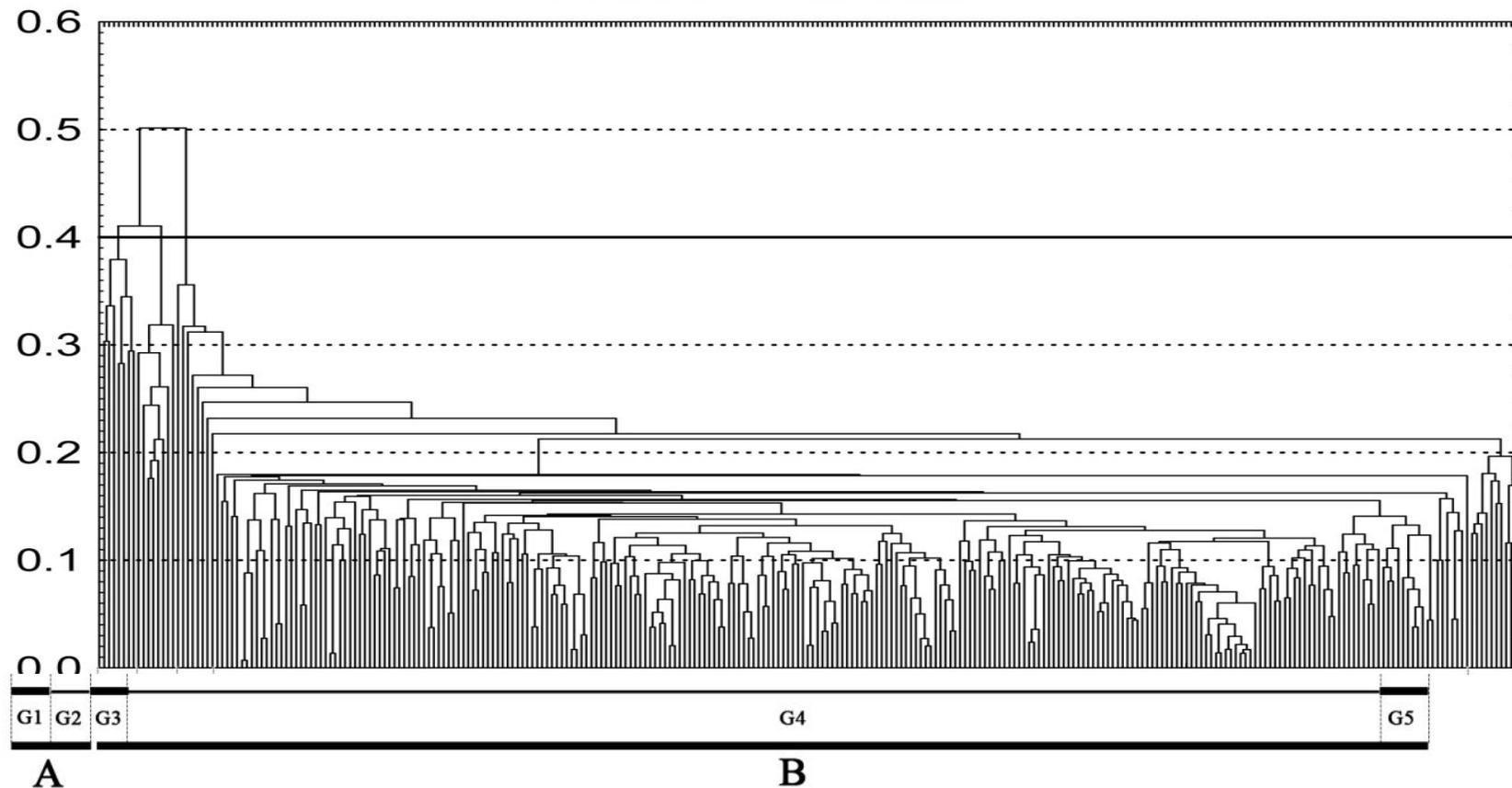
Хар бир гуруҳнинг таркиби генетик фарқланиш даражаси билан батафсил тасвирланган. Группаларни (кластерларни) бўлиши популяцияларни ўзга генетик шаклларни популяцияга интродукцияси натижасида ўтган генетик дифференциациясини кўрсатади. Кластер анализга асосланган ҳолда коллекцион навларни ташкил топишида асосан Африка Афроамерика ва Америка генотиплари қатнашган деган хулосага келдик. Бундан ташқари генетик мутаносиблик хар бир ўрганилган нав орасида борлиги аниқланди. Олинган генетик далилларга асосан қайд қилиш мумкинки *G.barbadense* ни Ўрта Осиёни турли кўп йиллик агро-экологик шароитидаги селекцияси жараёнида ўзбек ва туркман навларини шаклланиши натижасида алоҳида Ўрта Осиё экотипи ташкил бўлди.

Нодир аллелларни қатнашиши ва кўп микдордаги аллел комбинацияларни бўлиши бизга нав намуналарини экотиплар бўйича дифференция қилиш ёки навларни географик келиб чиқишини 90% аниқлаш имкониятини берди.

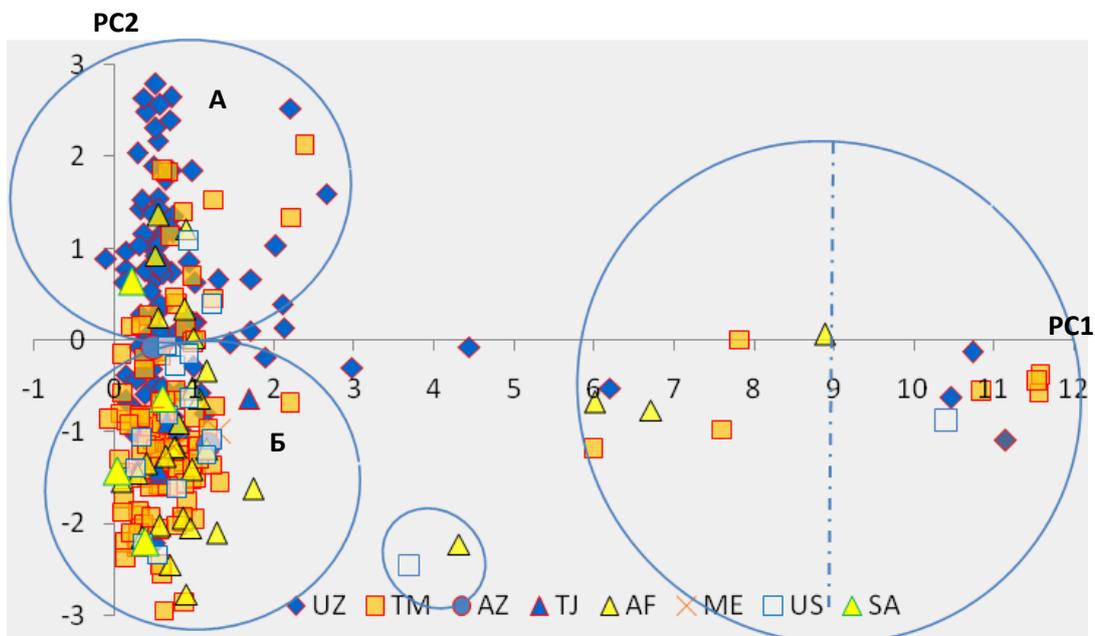
G.barbadense турининг молекуляр хилма хиллиги, панелининг структураси ва қариндошлиги. Кўпўлчовли шкалалаш (компонентлар тахлили). Филогенетик анализни тасдиқлаш ва популяция структурасини аниқлаш мақсадида асосий компонентлар анализ қилинди. Ўтказилган анализларда аниқландики биринчи 13 компонент 51%, биринчи ва иккинчи асосий компонентлар эса популяцияларда 20% генетик вариацияни ташкил этди. Биринчи асосий компонент (PC1) 15% дисперсияни ташкил қилиб популяцияни 2 та субпопуляцияга ажратади. (2-расм).

Иккинчи 5% дисперсияни ташкил қилучи асосий (PC2) компонент ёрдамида эса 273 субпопуляция намуналарини шартли равишда А ва В билан белгиланган икки бирига бирига мутаносиб гуруҳчаларга бўлинди. (2-Расм, 11-жадвал).

Структуравий тахлил. Олинган натижаларни юқори даражада аниқликни тасдиқлаш мақсадида генетик структурани кўшимча равишда Байесовнинг кластер тахлил услубидан фойдаланиб STRUCTURE дастури бўйича аниқланди. Камида 2 та субпопуляцияларнинг мавжудлиги аниқланган кичик ва катта гермоплазма мажмуасида уларнинг фоизи 5,2% ва 94,8%ни ташкил этди. Популяция мажмуасининг кейинги тақсимланиши, уни 3 та субпопуляцияга дифференциация қилишга имкон берди, у ерда кичик кластер ўзгаришсиз қолган (5,2%), катта кластер эса 37,5% ва 57,3%дан иборат 2 та субпопуляция ташкил қилган (3-расм, К3).



Расм 1. *G.barbadense* 288 нав намуналарининг 301 полиморф SSR локусларга асосланган таққосланмаган жуфт ўртача (UPGMA) усули ёрдамида қурилган фарқлар дендрограммаси. Горизонтал чизиклар генетик масофаларни остона қийматларини ифодалаб беради. Пастда турли гуруҳлар ва кичик гуруҳлар кўрсатилган. А ва Б гуруҳлар > 50% да фарқлар асосида, G1, G2 и G3 гуруҳчалар эса 40% юқори чегара фарқи асосида бўлса, G4 и G5 гуруҳчалар - 20% юқори чегараасосида олинган.



2-расм. Асосий компонентлар таҳлили келтирилган бўлиб, бу ерда диаграмма ҳамда SSR генотиплар мажмуаси бўйича 2 асосий координатлар текислигида *G.barbadense* турига мансуб 288 навуналарининг кўрсатилган тақсимланиши.

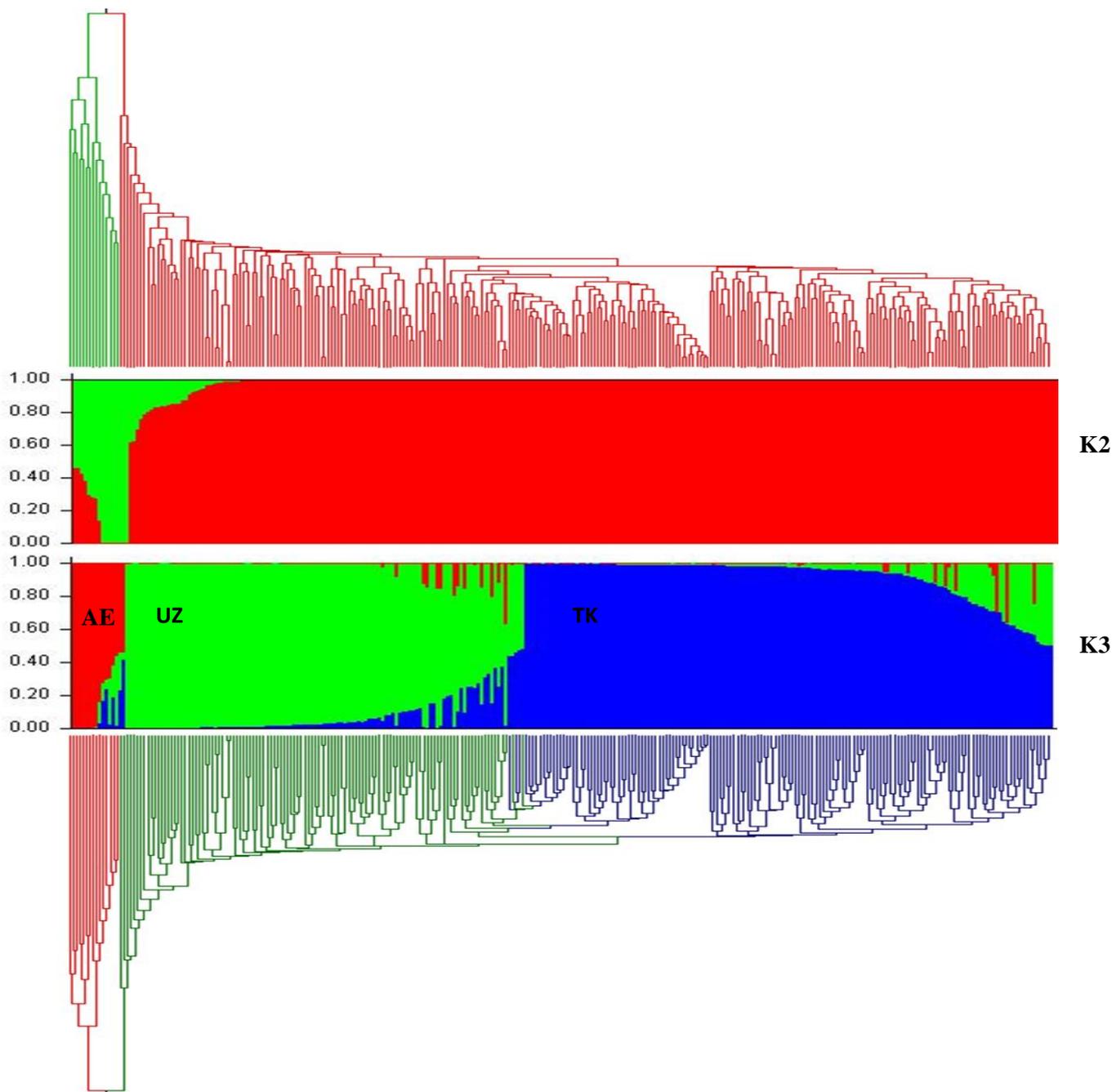
PC- асосий компонентлар; А и Б- 1-субпопуляциянинг генетик кенжа гуруҳлари, уларнинг асосий қисмини Ўзбекистон ва Туркменистон навуналари ташкил этади; Кичик халқа билан, генетик номуносаб бўлган, Б кенжа гуруҳига мансуб Африка навуналари ажратилган. Катта халқа билан 2-субпопуляцияга мансуб, генетик жиҳатдан дифференцияланган навуналар ажратилган. UZ- Ўзбекистон, TM- Туркменистон, TJ- Тожикистон, AF- Африка, US- АҚШ, SA- Жанубий Америка.

Ингичка толали ғўзанинг 288 навунасининг структураси филогенетик таҳлиliga мос келади, бу эса ўз навбатида, Q-матрицасига устма-уст тушиши билан тасдиқланади (3-расм). Навуналар генетик профили асосида, Миср-Америка, Ўзбекистон ва Туркменистон экотипига мансуб навуналарига аниқ тақсимланган

11-жадвал

Асосий компонентлар таҳлили ва генетик таҳлил асосида дифференцияланган *G.barbadense* турининг 288 навунаси

	Субпопуляция 1		Субпопуляция 2
	А гуруҳчаси	Б гуруҳчаси	
Ўзбекистон	81	24	4
Туркменистон	17	99	7
АҚШ	3	11	1
Африка	6	25	3
бошқалар	1	6	-
Жами:	108	165	15



3-расм. STRUCTURE дастури натижаларининг филогенетик дарахтни таҳлил қилиш натижалари асосида *G.barbadense* турининг 288 намуналарини график кўриниши.

Молекуляр вариациялар таҳлили (AMOVA). Олдиндан аниқланган экотиплар ичидаги ва орасидаги генетик дифференциациясини генетик баҳолаш учун Райт индексини F_{st} AMOVA статистик таҳлили натижасида гуруҳлар орасидаги дифференциация жуда сезиларли эканлиги ($p \leq 0,001$), 67,2% умумий генетик ўзгарувчанлик субпопуляциялар ичида аниқланган ҳолда, олдиндан аниқланган гуруҳларнинг орасидаги генетик ўзгарувчанлик

умумий генетик ўзгарувчанликка нисбатан 32,8%ни ташкил этди (12-жадвал).

Фиксация индексининг (F_{st}) умумий қиймати 0,328 ($p \leq 0,001$)га тенг. F_{st} индексининг 3 та гуруҳ орасида қўшалок солиштириш натижасида, энг катта генетик дифференциация Африка ва Туркманистон гуруҳларида мавжудлиги аниқланди ($F_{st} = 0,58$; $p < 0,001$) (13-жадвал).

12-жадвал

AMOVA тахлилининг натижалари

Source of variation	dF	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation	p-value
Among populations	2	1312,320	11.769	32.797	≤ 0.001
Within populations	285	6791.922	24.115	67.203	≤ 0.001
Total	287	8104.242	35.884		

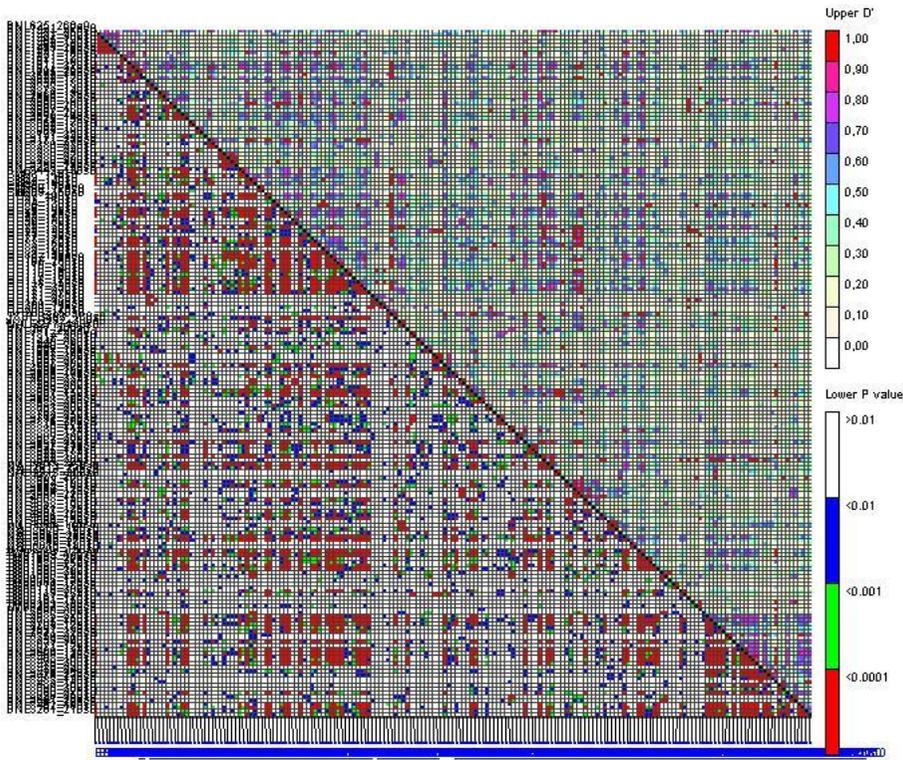
13-жадвал

F_{st} қийматини ҳар бир экотип учун махсус жуфт солиштириш

	Африка	Ўзбекистон	Туркманистон
Африка	0.00000		
Ўзбекистон	0.57568	0.00000	
Туркманистон	0.58432	0.11723	0.00000

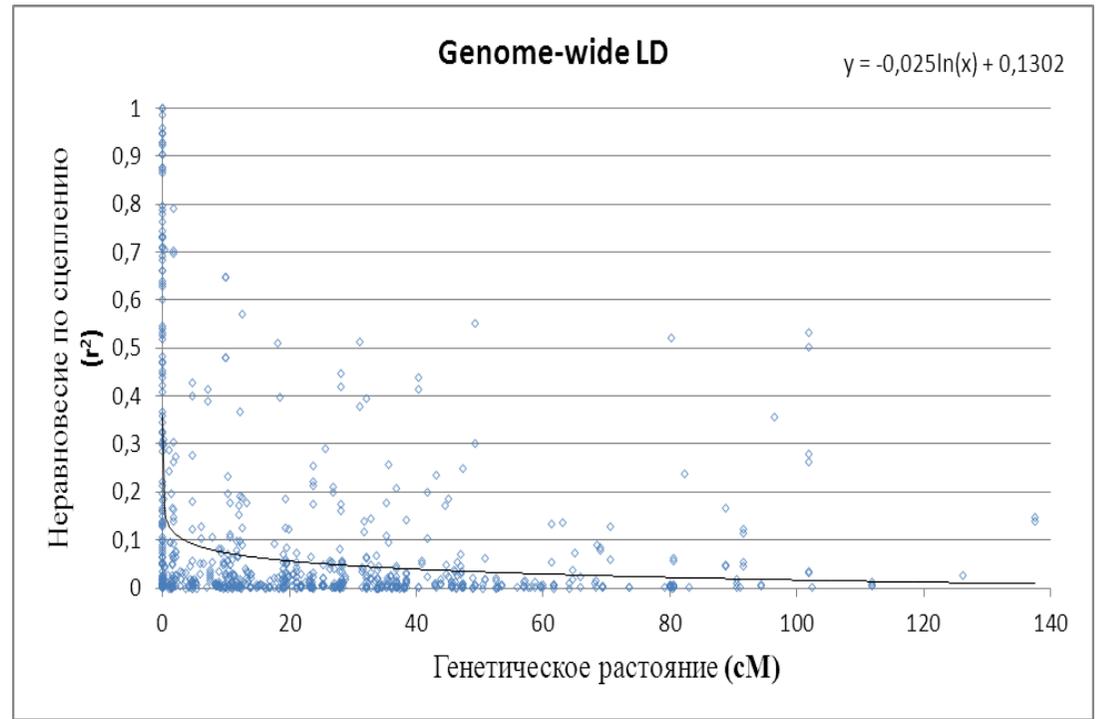
Бешинчи боб «*G. barbadense* геномида нотенглик боғланиш ва тола белгиларини ассоциатив хариталаш» да қуйидаги натижалар келтирилган:

Маданий *G. barbadense* гўза тури геномидаги боғланиш бўйича нотенглик. SSR маркер локуси 27252 қўшжуфт комбинациялардан $r^2 \geq 0,05$ и $p \leq 0,005$ 4576 (16,8%) ишончли бошланғич қийматида 16.8% маркер жуфтлари боғланиш бўйича ишончли нотекислик кўрсаткичлари аниқланди. Бошланғич кўрсаткичларнинг сезиларли юқори қийматларга кўтарилганда $r^2 \geq 0,1$ ($p < 0,001$) и $r^2 \geq 0,2$ ($p < 0,0001$) 2188 (8%) ва 1187 (4,3%) SSR маркерлар қўшжуфт комбинацияларида боғланиш бўйича нотекислик сақланиб қолиши кузатилди. Геномнинг рекомбинацион қисмларини кўриниши учун боғланиш бўйича нотекисликнинг чизиқли матрицаси қурилди, у ерда маркер жуфтлари ўртасидаги боғлиқлик D' ва r қийматлари билан белгиланган (Расм 4). Маданий ингичкатолали гўзанинг геномида НС блоклари асосий ўлчамини аниқлаш *G. barbadense* турининг геномида SSR локуслари жуфтларининг боғланиш бўйича (r^2) нотекислигининг ўртача қиймати $r^2 \geq 0,05$ бўлганда 24.8 сМ га тенг бўлишини кўрсатди (5-расм).



4-расм. Маданий *G.barbadense* турининг геномидаги полиморф маркер локусларнинг тенгсизлик матрицаси.

Полиморф маркер локуслари X ва Y ўқларида жойлашган. НС (D^2) кўшалок хисобот диагонал устида берилган, диагонал тагида эса з қийматига тўғри келадиган қийматлар берилган (Фишер тести). Ранглар билан D^2 ва p қиймати расмнинг ўнг чегарасида берилган қийматлар шкаласида берилган.



5-расм. *G.barbadense* турининг 288 нав намуналари орасидаги полигеном НС парчаланиши графиги.

Тренд чизиғи текисликка нисбатан r^2 чизиксиз логарифмик регрессия холида берилган. НС парчаланиши $r^2 < 0,1$ қийматида берилган.

Яна аниқландики $r^2 \geq 0,1$ бўлганда НС ўртача 3,36 сМ масофада сақланиши, сўнгра эса боғланиш бўйича нотекислик парчаланиши кузатилади. Аммо, геномнинг баъзи қисмларида $r^2 \geq 0,1$ бўлганда 35.7 сМ масофада НСнинг максимал парчаланиш қиймати кузатилди.

Тола белгиларини ассоциатив хариталаш. Хар битта ўсиш шароити учун алоҳида тола белгиларни ва бошқа морфобиологик кўрсаткичлар бўйича ассоциатив хариталаш ўтказилди. Идентификациялаштирилган маркерларни солиштирган холда ўсишнинг иккала шароитида ҳам ассоциацияни ҳаққоний сақлаб қолган (MLM таҳлили; $p \leq 0,05$) маркерлар аниқланди. Натижада 100 маркерлар Ўзбекистон ва АҚШ шароити учун бир хил бўлиб қатъий корреляция сақланади. (14-жадвал).

14-жадвал

Ассоциатив карталаш натижалари бўйича тола сифати белгилари билан боғлиқни намоён қилган маркерларнинг йиғма жадвали (MLM ва GLM услублари билан TASSEL программасида).

Белгилар	Аҳамиятли ассоциациялар сони*			BF $\leq 0,13$ асосида тасдиқланган ассоциациялар сони		
	Ўзбекистон	АҚШ	Умумий маркерлар**	Ўзбекистон	АҚШ	Умумий маркерлар**
Микронейр	30 (2)	28 (2)	12 (2)	9	6 (1)	3
Тола пишиқлиги	62 (9)	59 (6)	41 (2)	6	3 (1)	2
Тола узунлиги	31 (6)	36 (7)	22 (5)	10 (1)	2	4
Узунлик бўйича бир хиллик индекси (Unif)	47 (0)	42 (1)	25 (1)	8	5	2
Сариқлик даражаси (b+)	39 (1)	-	-	12	-	
Нур қайтариш коэффициенти (Rd)	53	-	-	10	-	
Узилишдаги узайиш (Elg)	23 (2)	-	-	2	-	
Тола чиқими	-	30 (2)	-	-	2	

Изоҳ: *Жадвалда, 1,000- карралик тартибини ўзгартириш MLM таҳлили натижалари асосида аҳамиятли ассоциация кўрсатган маркерлар кўрсатилган. Қавслар ичида, бошқа тадқиқотларда белгиланган, тасниф этилган тола белгиси билан ассоциялашган, тўғри келган SSR маркерлар сони кўрсатилган; ** Хар иккала шароитда аналогик ассоциация (MLM, P 005) кўрсатган маркерлар. Келтирилган кўрсаткичлар бўйича Ўзбекистон ёки АҚШ шаротларида баҳо берилмаган.

Хромосомалар харитасида белгига ассоциациялашган маркерларнинг холатини аниқлаш. Хаммаси бўлиб 14 та белги билан ассоциациялашган 210 SSR маркерлар локализациясини қилдик. (15-жадвал). Фақат 7(A7) хромосомада белгилар билан ассоциациялашган бирорта маркер топилмади, 16(D7) хромосомада эса тола белгилари билан ассоциациялашган маркерлар аниқланмади. Қолган хромосомаларда, детекторланган маркерлар сони 1 дан

(A2 хромосома) 17 гачани (A6 ва D6 хромосомалар) ташкил этди. Тола белгилари билан ассоциациялашган маркерлар сони кўпроқ куйдаги хромосомаларда A6- 12 маркерлар, A10- 10 маркерлар, D10- 11 маркерлар, D6- 13 маркерлар ва D12- 10 маркерлар аниқланган. Шу билан бирга тола пишиқлиги билан ассоциациялашган 52 та маркерлар фақат 7(A7), 8(A8), 12(A12) ва 16 (D7) хромосомалардан ташқари барча хромосомаларда локализацияланганлиги кўрсатилди.

15-жадвал

Хромосомалар бўйича бўлинган белги- ассоциаланган маркер локуслар йиғма жадвали.

Белгилар (маркерлар) сони															
Хромосома	FL	FS	FM	FU	FY	b+	Rd	FE	SW	BN	PH	HS	S	WR	Х.б.у
A1(Chr.1)	1	2		1		1			1	2	1	1	2	1	13
A2(Chr.2)		1													1
A3(Chr.3)	1	2	2	1											6
A4(Chr.4)		3		1		1	1								6
A5(Chr.5)	1	4		3			1					3	2		14
A6(Chr.6)	1	3		4		2	2		2		1	1	1		17
A7(Chr.7)															0
A8(Chr.8)			1			1	1	1							4
A9(Chr.9)	2	2	1	2	1				1	2					11
A10(Chr.10)	4	3		3										2	12
A11(Chr.11)	3	4		2											9
A12(Chr.12)	1		2	3						1	1				8
A13(Chr.13)	3	3		2							1				9
D1(Chr.15)	2	1		1					1			1		3	9
D2(Chr.14)	1	1													2
D3(Chr.17)		5	1	1										1	8
D4(Chr.22)		3	1	3		1									8
D5(Chr.19)	1	1	2	1					1			1	1		8
D6(Chr.25)	1	2	2	3	1	2	2			2		1	1		17
D7(Chr.16)									1					1	2
D8(Chr.24)	2	2	1	1					1		1				8
D9(Chr.23)		1	1	1	1			1		1					6
D10(Chr.20)	2	3	2	2		1	1								11
D11(Chr.21)	2	2												1	5
D12(Chr.26)	2	3	2	3						1	1				12
D13(Chr.18)	1	1	1								1				4
Белгилар бўйича умумий	31	52	19	38	3	9	8	2	8	9	7	8	7	9	210

A- A-геномдан хромосома; D- D- геномдан хромосома. Қискартиришлар: FL- тола узунлиги; FS- тола пишиқлиги; FE- тола узайиши; FM- микронейр; FY- тола чиқми; FU- биртекслик; SW- 1000 дона чигит вази; BN- кўсақлар сони; PH- ўсимлик баландлиги; HS- биринчи хосил шохи бўғимининг баландлиги; S- симподиялар; WR- вилтга чидамлилиқ. Х.б.у.- хромосома бўйича умумий кўрсаткич

Белгига-ассоцирланган маркерлар ёнида жойлашган ген номзодларини қидириши. SSR маркерини қуршаб турувчи 20Mb (миллионлаб нуклеотид жуфтликлар) атрофидаги маркер локусларидан юқори ва паст жойлашган регионлар ўрганилди. Шундай қилиб ҳар бир аниқланган SSR маркерлар учун умумий ҳажми 40Mb бўлган регионлар NCBI орқали таҳлил қилинди.

Натижада BNL4003, NAU2913, NAU3306, TMB0161, Gh77, TMB1538, BNL3955, Gh75 маркерлар олдида жойлашган битта псевдоген ва 17 та ген-кодлаштирувчи кетма-кетликларни аниқланди. Барча аниқланган кетма-кетликлар, генетик маълумотлар базасидаги аннотация қилинган генлар билан ўртача 82% ўхшашликларни кўрсатди. Шундай қилиб, 8 та SSR ёнида жойлашган 17 ген идентификацияланди. Улардан 8 та геннинг функциялари адабиёт манбаларида келтирилган функцияларни солиштириш асосида, аниқланган маркер-белги ассоциациялари билан сезиларли тўғри келиши қайд этилди.

Олтинчи боб “*G.barbadense* тури геноми тадқиқотининг ғўзани замонавий селекцияси учун аҳамияти» да олинган натижалар адабиётларда келтирилган олдинги йилларда олиб борилган тадқиқотлар билан таққосий ўрганилиб батафсил таҳлил қилинган ва олинган натижаларнинг ғўза геномикасини ривожлантириш ҳамда янги навларни селекциянинг классик ва замонавий услублари ёрдамида яхшилашдаги ўрни келтирилган.

ХУЛОСА

1. Жамланган қимматли хўжалик белгилар бўйича бир-бирига боғлиқ бўлмаган 2 хил эко-географик шароитларда Ўзбекистон ғўза гермплазма коллекциясидан *G.barbadense* турига мансуб 288 нав намуналарнинг хилма-хиллигига баҳо берилди. Турли эко-географик шароитларда ўсувчи, муҳим белгиларнинг бақарорлиги билан характерланувчи, шу билан бирга, селекция ишларига жалб этиш учун биринчи даражали бўлган. Ўзбекистон ва АҚШ шароитларида қимматли морфобиологик кўрсаткичларини мужассамлаштирган экотиплар аниқлади.

2. SSR маркерлар ёрдамида *G.barbadense* геномининг молекуляр-генетик хилма-хиллиги ўрганилган. 301 маркер локусга амплифицирланган 108 полиморф SSR маркерлар аниқланган. Локуслар сони 2 дан 5 гача тебраниб, 1 та SSR маркерга ўртача қийматда 3,5 локус тўғри келди. Тадқиқотлар натижасида 60 (55%) та маркер мултилокусли (3 ва ундан зиёд локуслар) эканлиги, кўпчилик локуслар эса (81%) 2 ва 3 аллеллардан ташкил топиши аниқланди. Маданий *G.barbadense* вакиллариининг гермплазмасида кўп миқдордаги янги аллеллар мавжудлиги кўрсатилган. Аниқланган маркерлар асосида экотиплар ва уларнинг қайси навга мансублигини аниқловчи панел яратилди, ҳар бир намуна учун ноёб генетик профил (ДНК-баркод) олинди.

3. Кенг диапазонда (0,02-0,71) тебранган ДНК маркер локуслари даражасидаги, ўртача генетик хилма-хиллик (~33%) аниқланди. Ўртача қиймати 0,19га тенг бўлган 0,01-0,67 атрофида ўзгарувчан генетик масофа асосида *G.barbadense* нав намуналарининг филогенетик муносабатлари

аниқланди. Икки субпопуляциялардан ташкил топган популяциянинг генетик структураси аниқланган.

4. Ички популяцион ўзгарувчанликнинг юқори (67,2%) ва популяцияларнинг ўртасидаги дифференциациянинг ўртача даражаси (32,8%) аниқланган. Африка ва Туркменистон (0,584), Африка ва Ўзбекистон (0,575) субпопуляциялари ўртасида жуда кучли генетик дифференциация, Ўзбекистон ва Туркменистон субпопуляциялари ўртасида эса ўртача генетик дифференциация ($F_{st} = 0,117$) аниқланган. Нав намуналар тўпламининг шаклланишида африка, афро-американ ва америка генотиплари қатнашган. Туркменистон селекциясининг навлари кўпдан зиёд генетик хилма-хилликка эга. Ўзбекистон ва Туркменистон селекцияси навларининг генетик номуносивблиги яққол кўриниб, Ўрта Осиё экотипи шаклланганлиги кузатилган.

5. Маданий *G.barbadense* турининг геномида боғланиш бўйича нотекистик, $r^2 \geq 0,1$ ва $r^2 \geq 0,2$ критик қийматларида 8% ва шунга мувофиқ SSR маркерларнинг қўш жуфт комбинацияларида 4,3% сақланган.

6. Маданий *G.barbadense* турининг геномида НС нинг парчаланиши минимал остонада $r^2 \geq 0,05$ ўртача 24,8 сМ ташкил қилади $r^2 \geq 0,1$ юқори остона қийматида ўртача 3,36сМ гача масофада НС сақланиб қолади.

7. Белгиларнинг MLM ассоциатив карталаш асосида Ўзбекистон ва АҚШ шароитида тола белгилари билан ассоциациясини қатъий сақлаб қолган 100 та белги ассоциациялашган маркерлар аниқланди. Жумладан улардан 85 та маркер биринчи марта идентификация қилинган. МАС фойдаланиш учун муҳим аҳамиятга эга бўлган яққа географик шароитда бир, икки ва ундан зиёд қимматли хўжалик белгилар билан юқори даражада ассоциациялашган ($BF \leq 0,15$) маркерлар аниқланган.

8. Тетраплоид ғўзанинг янги ва олдиндан маълум бўлган белги-ассоциациялашган маркерлар ўртасида масофалари аниқлаштирилган интерграциялашган генетик карта олинган ҳамда хромосомаларда баъзи QTL қимматли хўжалик белгиларнинг нисбатан аниқ жойлашиши кўрсатилган.

9. «*In silico chromosome walking*» услуби комплекс компьютер тахлили қўлланилиши асосида синовдан ўтказилди ва SSR маркерлар кетма-кетликлари аниқланиб, 17 та ген идентификация қилинди. Жумладан, 8 геннинг аниқланган маркер-белги ассоциациялари сезиларли равишда адабиёт манбаларида кўрсатилган функциялари билан тўғри келган.

**НАУЧНЫЙ СОВЕТ ПО ПРИСУЖДЕНИЮ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
ДОКТОРА НАУК 16.07.2013.В.15.01 ПРИ ИНСТИТУТЕ ГЕНОФОНДА
РАСТИТЕЛЬНОГО И ЖИВОТНОГО МИРА, НАЦИОНАЛЬНОМ
УНИВЕРСИТЕТЕ УЗБЕКИСТАНА, ИНСТИТУТЕ ГЕНЕТИКИ И
ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ**

**ИНСТИТУТ ГЕНЕТИКИ И ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ
РАСТЕНИЙ, ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ**

АБДУЛЛАЕВ АЛИШЕР АБДУМАВЛЯНОВИЧ

**МОЛЕКУЛЯРНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА И АССОЦИАТИВНОЕ
КАРТИРОВАНИЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ВИДА *GOSSYPIUM
BARBADENSE* ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ГЕРМПЛАЗМЫ УЗБЕКИСТАНА**

03.00.14 – Геномика, протеомика и биоинформатика

АВТОРЕФЕРАТ ДОКТОРСКОЙ ДИССЕРТАЦИИ

Ташкент 2015 год

Тема докторской диссертации зарегистрирована под номером №30.09.2014/В2014.5.В125 в Высшей аттестационной комиссии при Кабинете Министров Республики Узбекистан.

Докторская диссертация выполнена в Институте генетики и экспериментальной биологии растений и Центре геномики и биоинформатики

Полный текст докторской диссертации размещен на веб-странице www.flora-fauna.uz Научного совета 16.07.2013.В.15.01 при Институте генофонда растительного и животного мира, Национальном университете Узбекистана, Институте генетики и экспериментальной биологии растений.

Автореферат диссертации на трех языках (узбекском, русском, английском) размещен на веб-странице по адресу www.flora-fauna.uz и информационно-образовательном портале “ZiyoNet” по адресу www.ziyo.net

Научный консультант:	Абдурахмонов Иброхим Юлчиевич доктор биологических наук, профессор
Официальные оппоненты:	Мухамедов Рустам Султанович Доктор биологических наук, профессор Турдикулова Шахлохон Уткуровна доктор биологических наук, профессор Пратов Уктам доктор биологических наук, профессор
Ведущая организация:	Институт химии растительных веществ

Защита диссертации состоится «___» _____ 2015 г в ___ часов на заседании Научного совета 16.07.2013.В.15.01 при Институте генофонда растительного и животного мира, Национальном университете Узбекистана, Институте генетики и экспериментальной биологии растений по адресу: 100053, г.Ташкент, ул. Богишамол, 232, ИГРЖМ. Тел.: (+99871) 289-04-65; факс: (+99871) 262-79-38; e-mail: botany@uzsci.net.

С докторской диссертацией можно ознакомиться в Информационно-ресурсном центре Института генофонда растительного и животного мира (зарегистрировано за № 02). Адрес: 100053, г.Ташкент, ул. Богишамол, 232, ИГРЖМ. Тел.: (+99871) 289-04-65; факс: (+99871) 262-79-38.

Автореферат диссертации разослан «___» _____ 2015 года
(протокол рассылки № _____ от «___» _____ 2015 года)

К.Ш. Тожибаев
председатель Научного совета по присуждению ученой степени доктора наук, д.б.н.;

У.Т. Мирзаев
ученый секретарь Научного совета по присуждению ученой степени доктора наук, к.б.н., старший научный сотрудник;

Ш. Юнусонов
председатель научного семинара при Научном совете по присуждению ученой степени доктора наук, д.б.н., профессор.

ВВЕДЕНИЕ (Аннотация докторской диссертации)

Актуальность и востребованность диссертационной работы. «Согласно прогнозам ООН к 2050 году производство пищевых ресурсов должно быть увеличено вдвое, что бы прокормить приблизительно 9.3 млрд. людей»¹. С ухудшением глобальных климатических условий и деградацией почв происходит падение продуктивности сельхозпроизводства. Во избежание глобальной экологической катастрофы необходимы радикальные изменения в структуре производства и потребления ряда ключевых природных и сельскохозяйственных ресурсов, в том числе хлопчатника.

Хлопчатник (*Gossypium L.*) является одной из важнейших сельскохозяйственных культур. По оценкам экспертов, к 2030 г. мировой спрос на хлопковую продукцию вырастет более чем в два раза, в то время как ежегодный генетический прирост урожайности хлопка сырца, составляет всего 7,1-8,7 кг/га. Наряду с этим, конкуренция на мировом рынке приводит к росту требований к качеству хлопкового волокна.

Большинство сортов современного культивируемого хлопчатника обладают общей генетической структурой, которая не способна в полной мере удовлетворять современным требованиям. Работы по улучшению качества волокна - очень сложный процесс из-за узкой генетической базы современных сортов хлопчатника и отрицательной генетической корреляции между качеством хлопкового волокна и урожайностью. Это указывает на необходимость исследовать генетические ресурсы хлопчатника, для использования в селекционном процессе его генетического разнообразия.

Для обеспечения высокой конкурентоспособности хлопковой продукции, в Узбекистане применяют современные подходы для повышения урожайности и качества хлопкового волокна.

Интродукция ценного генетического материала, методами маркер-ассоциированной селекции (МАС) обогатит и улучшит современные сорта и обеспечит конкурентоспособность продукции республики на мировом рынке. Большая часть геномных исследований и МАС сконцентрирована на представителях вида *G. hirsutum*. Другим видам, к сожалению, не уделяется должного внимания, в тоже время они имеют богатейший генетический потенциал. Например, необходимо сконцентрировать на геноме тонковолокнистого хлопчатника (*G. barbadense*), волокно которого по качеству значительно превосходит показатели современных сортов.

Данное диссертационное исследование в определенной степени служит для выполнения задач по реализации Указа Президента Республики Узбекистан от 20 октября 2008 года №УП-4041 «О мерах по оптимизации посевных площадей и увеличению производства продовольственных культур».

¹ Xiao et al. New SSR markers for use in cotton (*Gossypium spp.*) improvement. The Journal of Cotton Science 13:75–157 (2009)

Соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки и технологий республики. Диссертационная работа выполнена в соответствии с приоритетными направлениями ГНТП фундаментальных исследований на 2012-2016 гг., ПФИ-5 "Биология, биотехнология, почвоведение, водные проблемы, вопросы генетики, селекции растений и животных", а также прикладных исследований ППИ-6 "Развитие биотехнологий, основанных на достижениях современной геномики, протеомики, метаболомики и биоинформатики".

Обзор международных научных исследований по теме диссертации.

Молекулярно-генетическими исследованиями представителей рода *Gossypium* занимаются в ведущих научно-исследовательских центрах, институтах и университетах, в том числе Texas A&M University (TAMU), Mississippi University, Washington State University (США), Nanjing Agriculture University (Китай), CIRAD (Франция), CSIRO (Австралия).

На основе молекулярной характеристики и ассоциативного картирования гермплазм хлопчатника получены следующие научные и практические результаты: TA&MU, Nanjing Agriculture University, CIRAD получены коллекции SSR маркеров (NAU, MUSS, CIR) для генома хлопчатника, определены филогенетические связи представителей рода *Gossypium*; в TAMU, CIRAD и CSIRO созданы генетические карты, выявлены QTL таких признаков как качество волокна, устойчивость к болезням, засухе и засолению; в Mississippi University проводится ассоциативное картирование устойчивости к расам фузариозного увядания, создана открытая международная база данных по геному хлопчатника «CottonGen» совместно с Washington State University и TAMU.

В настоящее время, в мире приоритетными являются исследования по молекулярной характеристике и определению генетической структуры коллекций гермплазм *Gossypium barbadense*, определения неравновесного сцепления и ассоциативного картирования представителей генома *Gossypium*, выявления локусов и генов, ассоциированных с полезными признаками.

Степень изученности проблемы. Изучением генетического разнообразия тонковолокнистого хлопчатника при помощи аллозимных маркеров занимались Wendel и Percy. Исследования с использованием различных ДНК маркеров проводили на коллекциях гермплазм США (Wendel J. and Percy R., Westengen O.), Франции (Lacape J-M.), Китая (Wang H.), Индии (Voorpathi M.), Египта (Adawy S.; Abdellatif K.).

В государствах Средней Азии изучение, освоение и селекцию тонковолокнистого хлопчатника вели такие ученые как А.И. Автономов, В.П. Красичков, В.Г. Кулебяев, И.К. Максименко, В.К. Эммануилов, А.А. Автономов.

В Узбекистане, изучению, а также выведению сортов вида *G. barbadense* посвящены работы таких ученых как Ф. М. Мауер, А.И. Автономов, А.А. Автономов, М. Иксанов, М. Кимсанбаев, П. Ибрагимов, А. Абдуллаев, Т. Мухиддинов и другие. Созданы такие тонковолокнистые сорта как С-6002, С-6022, С-6029, С-6030, С-6037, С-6040, Термез-14, Термез-16,

Термез-31, Клейстогам-1. До настоящего времени исследование структуры популяции, оценки неравновесного сцепления локусов и его распад в геноме сортового разнообразия *G. barbadense* не проводили. Особую важность имеют работы по ассоциативному картированию параметров волокна и других ценных хозяйственных признаков, с учетом оценки произрастания в двух абсолютно различных географических условиях (Узбекистан и США), у культивируемого тонковолокнистого хлопчатника (*G. barbadense*), поскольку таких исследований не только в Узбекистане, но и за рубежом не осуществляли.

Связь диссертационной работы с тематическими планами научно-исследовательских работ. Работа выполнена в Институте генетики и экспериментальной биологии растений и Центра геномики и биоинформатики, в рамках проектов фундаментальных исследований Ф5-Т024 «Степень филогенетического родства внутри и межвидового разнообразия полиморфных видов рода *Gossypium*», Ф5-Т030 «Исследование генома приоритетных сельхоз культур для создания инновационной биотехнологии» (2012-2016 гг.), в рамках международного проекта UZB2-31016-ТА-09 «Молекулярная характеристика и ассоциация генов/локусов количественных признаков (QTL) для заболевания фузариозным вилтом [*Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum* (FOV)] и разработка улучшенной гермплазмы хлопчатника по устойчивости к FOV» (2009-2013 гг.), в рамках фундаментального проекта ФА-Ф4-Е-149 «Изучение структуры и функции генома хлопчатника для развития маркер-ассоциированной селекции хлопчатника» (2007-2011 гг.).

Целью исследований является оценка молекулярно-генетического разнообразия, структуры популяции и идентификация генетических локусов ассоциированных с ценными признаками волокна у культивируемых представителей тонковолокнистого хлопчатника (*G. barbadense*) из мировой коллекции гермплазмы хлопчатника Узбекистана.

Согласно цели были поставлены следующие **задачи**:

отбор в случайном порядке культивируемых представителей тонковолокнистого хлопчатника (*G. barbadense*) из коллекции гермплазмы хлопчатника Узбекистана и изучение параметров волокна и морфологических признаков в зависимости от условий произрастания, в двух различных экологических регионах (Узбекистан и США);

молекулярно-генетический скрининг и генотипирование сортообразцов тонковолокнистого хлопчатника с помощью микросателлитных (SSR) маркеров и определение генотипов тонковолокнистого хлопчатника, полезных для генетического анализа и селекционных работ;

выявление уровня молекулярного полиморфизма в панели гермплазмы *G. barbadense*, с идентификацией маркерных локусов, и четкой дискриминации генотипов. Построение, филогенетического дерева и определение генетического расстояния между исследуемыми образцами;

оценка молекулярного разнообразия, генетического родства, структуры популяции и ее дифференциации у культивируемых представителей вида *G. barbadense* из коллекции гермплазмы хлопчатника Узбекистана;

определение неравновесного сцепления (среднего размера блоков рекомбинации) для генома культивируемого вида *G. barbadense* и определение подходящего метода ассоциативного картирования на основе уровня НС, структуры популяции и филогении;

оценка и генетический анализ признаков волокна отобранных культивируемых представителей *G. barbadense*. Идентификация маркерных локусов статистически значимо ассоциированных с QTL признаков качества волокна и другими признаками и картирование основных признаков волокна на основании новой стратегии ассоциативного картирования;

определение хромосом и хромосомной локализации маркеров, ассоциированных с QTL качества волокна и другими признаками, и их объединение с международной интегрированной эталонной генетической картой тетраплоидного хлопчатника;

выявление генов расположенных возле признак-ассоциированных маркеров.

Объект исследования. В качестве исследуемого объекта использовали сортообразцы тонковолокнистого хлопчатника (*G. barbadense*) различного географического происхождения из мировой коллекции хлопчатника сохраняющейся при Институте генетики и экспериментальной биологии растений.

Предмет исследования. Предметом исследования являются: молекулярно-генетическое разнообразие, структура популяции и генетические локусы, ассоциированные с параметрами качества волокна и другими ценными хозяйственными признаками.

Методы исследований. В исследовании были использованы классические методы генетики и селекции хлопчатника, а также современные подходы молекулярной генетики и геномики, статистики и биоинформатики.

Научная новизна диссертационного исследования заключается в том, что впервые:

проведена оценка разнообразия большой выборки из 288 сортообразцов *G. barbadense* из коллекции гермплазмы хлопчатника Узбекистана в двух независимых эко-географических условиях (Узбекистан и США) по комплексу ценных хозяйственных признаков;

определены экотипы, обладающие наибольшей стабильностью по интересующим признакам в различных экогеографических условиях произрастания, а так же сочетающие в себе наилучшие показатели нескольких признаков волокна и ценных морфо-биологических показателей, как в условиях Узбекистана, так и в условиях США;

оценено молекулярно-генетическое разнообразие сортообразцов *G. barbadense* при помощи SSR маркеров и определены информативные

микросателлитные маркерные локусы для анализа генома культивируемых представителей вида *G. barbadense*;

выявлено количество, вариабельность и распределение частот аллелей SSR маркерных локусов у представителей культивируемой гермплазмы *G. barbadense* L и дана оценка генетического разнообразия на уровне ДНК-маркерных локусов;

определены генетические расстояния, генетические различия и филогенетические отношения сортообразцов из коллекции культивируемых представителей тонковолокнистого хлопчатника;

определена генетическая структура популяции культивируемых представителей *G. barbadense*, выявлена генетическая дифференциация популяции и определены наиболее генетически разнообразные экотипы.

определена межпопуляционная и внутривидовая генетическая дифференциация;

проведена оценка неравновесия по сцеплению и его распад в геноме культивируемого вида *G. barbadense*;

проведено ассоциативное картирование ценных признаков с использованием ресурсов гермплазмы культивируемого вида *G. barbadense* и выявлены признак-ассоциированные маркеры, сохранившие строгую ассоциацию с признаками волокна, как в условиях Узбекистана, так и США;

уточнена интегрированная генетическая карта тетраплоидного хлопчатника, на которой были определены расстояния между новыми и уже известными признак-ассоциированными маркерами, определено более точное расположение некоторых QTL хозяйственно-ценных признаков на хромосомах;

опробован метод «*in silico* chromosome walking» с применением комплексного компьютерного анализа, который позволил выявить последовательности, возле SSR маркерных локусов, гомологичные генам обуславливающим проявление некоторых маркер-ассоциированных признаков.

Практические результаты исследования заключаются в следующем:

выявлены, наиболее информативные маркеры для использования в работах по молекулярной характеристике, определения генетических расстояний, эволюции и филогении в популяции гермплазмы культивируемых представителей *G. barbadense*, а также для ассоциативного картирования еще не изученных ценных признаков и дальнейшего применения в МАС;

выявлены средние значения неравновесных блоков и их распад в геноме *G. barbadense*, для определения маркеров необходимых для картирования генов и точного дизайна экспериментов по ассоциативному картированию гермплазмы хлопчатника;

выявлены маркеры, показавшие существенную ассоциацию с признаками волокна и другими ценными признаками, для широкого использования в программах МАС среди различных гермаплазм;

результаты исследования, экспериментальный дизайн, геномные и биоинформатические подходы, использованные в настоящей работе, целесообразно включить в учебные программы при подготовке научных кадров НИИ, использовать в качестве руководства для последующих исследований в области геномики и молекулярной генетики, а также использовать в качестве учебного материала в образовательном процессе на до- и пост дипломном этапах на профильных кафедрах ВУЗов;

Достоверность полученных результатов подтверждена на практике и признана международным научным сообществом в ходе рецензирования публикаций в реферируемых журналах, а так же обсуждения на международных конференциях. Более того, результаты подтверждены применением современных, взаимодополняющих молекулярно-генетических подходов; полученные данные обработаны классическими статистическими, параметрическими и непараметрическими тестами; проанализированы с использованием факторного анализа главных компонент, однофакторного и многофакторного дисперсионного анализа (ANOVA) и анализа молекулярных вариаций (AMOVA); к данным применялась поправка Бонферрони и проверка Байесовским методом; использованы современные подходы обобщенных линейных моделей (GLM) и смешанных линейных моделей (MLM); использованы пакеты современных статистических и биоинформатических программ.

Теоретическая и практическая значимость результатов. Экспериментальные и методологические опыты по молекулярному картированию полезных локусов из генома хлопчатника на основе ДНК-маркеров, использованных в данной работе, ускорят изучение ряда других сложных количественных признаков хлопчатника и их генов, а также будут развивать новое направление по картированию малоизученного генома хлопчатника вида *G. barbadense* в мировой науке и Узбекистане.

Оценка и знание неравновесия по сцеплению в геноме хлопчатника дает возможность определить минимальное количество ДНК маркеров необходимое для проведения эффективной программы MAS. Поскольку обнаруженные SSR маркеры имеют существенную связь с локусами ответственными за признаки хлопкового волокна, они могут служить ценным инструментом в селекционных работах для переноса этих локусов методами MAS в элитные сорта хлопчатника, обладающие различными полезными признаками, что будет иметь огромное экономическое и экологическое значение.

Референсная генетическая карта с определенными в исследовании регионами локализации ценных признаков необходима для изучения процессов рекомбинаций, определения «горячих точек» генома, переноса и закрепления комплексных признаков, выявления генов обуславливающих интересующие признаки и их функционального анализа.

Выявленные генотипы, сочетающие ценные признаки, необходимо использовать в селекционной работе.

Материалы работы могут быть использованы в научно-образовательном процессе при создании курсов лекций для студентов профильных биологических специальностей.

Внедрение результатов исследования. Теоретические и практические подходы и разработанная методология, в частности технология ДНК маркерного анализа, представленные в диссертационной работе были использованы при молекулярно-генетической оценке разнообразия сельхоз культур в рамках проекта “*In situ/On farm* сохранение и использование агробиоразнообразия в Центральной Азии” (2009-2013) при поддержке Bioversity International, Глобального Экологического Фонда (GEF) и Программы ООН по Окружающей Среде (UNEP) (письмо Bioversity International от 07.10.2015);

предложенный метод анализа неравновесного сцепления, ассоциативного картирования и другие подходы, представленные в диссертационной работе, используются исследователями в рамках проекта «Сохранение, генетический анализ и использование генетических ресурсов хлопчатника» (2013-2018) при поддержке Департамента Сельского хозяйства США (USDA-Agricultural Research Service) № 3096-21000-019-02;

информация о генотипах сортообразцов хлопчатника, используется при создании и внедрении локальной электронной базы по гермплазме хлопчатника, в рамках прикладного межведомственного проекта ПЗ-2014-0909182632 «Создание Национальной информационной системы по генофонду хлопчатника».

Апробация работы. Материалы диссертации апробировались на международных и республиканских конференциях: по геному хлопчатника «ICGI-International Cotton Genome Initiative» Ухань, КНР, 2014 г.; по динамике экосистем и окружающей среды в Центральной Азии “Workshop on Dynamics of Ecosystems and Environment in Central Asia”, Шэньчжень, КНР, 2014 г.; «Селекция ва уруғчилик бўйича илмий тадқиқотларни ташкил этишнинг муҳим йўналишлари», Аграрный Университет, Ташкент, 2013 г.; «Molecular Mapping & Marker Assisted Selection» Венской международной ассоциацией по изучению растений (VIPCA), Вена, Австрия, 2012 г.; «UZ-US Life Sciences Collaboration: Defining the Opportunities» при поддержке AAAS, Ташкент, 2012 г.; Международной научно-практической конференции «Сохранение и устойчивое использование биоразнообразия плодовых культур и их диких сородичей», Ташкент, 2011 г.; «ICGI-International Cotton Genome Initiative», Канберра, Австралия, 2010 г.; Международной конференции «Cotton World Germplasm diversity – a basis of fundamental and applied research», Ташкент, 2010 г.; Республиканской научной конференции “Взгляд молодых ученых на актуальные проблемы науки”, Ташкент, 2010 г.

Публикация результатов. Результатам исследования посвящены 37 публикации, включая 2 международные монографии, 4 международные статьи, 13 статей в местных журналах, 18 тезиса в международных и республиканских конференциях.

Объем и структура диссертации. Диссертация написана на русском языке на 207 страницах машинописного текста и состоит из литературного обзора, материалов и методов, результатов и обсуждений, выводов, рекомендаций, а также 30 таблиц, 23 рисунков и 23 приложений. Список использованных литературных источников включает 627 наименований, из них 601 работа иностранных авторов.

ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

Во введении обоснована актуальность темы, сформулированы цель и задачи диссертационной работы, её научная новизна, научная и практическая значимость результатов исследования, формулируются положения, выносимые на защиту, даётся обоснование практического внедрения полученных результатов исследования.

В первой главе **«Исследования вида *G. barbadense* L. и ценность ассоциативного картирования для улучшения гермплазмы хлопчатника»** раскрываются вопросы истории, происхождения, характеристики и генетического разнообразия вида *G. barbadense*. Проблемы и перспективы потенциала тонковолокнистого хлопчатника в улучшении селекционных программ, изучение его генетического разнообразия, картирование комплексных признаков хлопчатника, методология и концепция ассоциативного картирования (АК), изучение неравновесия по сцеплению (НС), его распад и практическое применение АК на основе НС у растений. Задачи по вовлечению генетического потенциала тонковолокнистого хлопчатника в селекционные программы

Во второй главе **«Материал, условия и методы исследования представителей вида *G. barbadense*»**, подробно описаны материалы, методы и условия проведения исследования.

В третьей главе диссертации **«Морфо-географическая характеристика, корреляция и изменчивость параметров качества волокна культивируемых представителей вида *G. barbadense* L. в зависимости от условий произрастания»** представлено следующее:

Дана оценка географического разнообразия 288 образцов представителей культивируемого тонковолокнистого хлопчатника вида *G. barbadense* из генетической коллекции гермплазмы. Проведена оценка морфологического разнообразия по 18 морфологическим признакам и устойчивости к фузариозному вилту. Изученные признаки и результаты описательной статистики приведены в Табл 1.

Таблица 1.

**Статистические данные по морфологическим признакам* среди 288
сортообразцов хлопчатника вида *G.barbadense***

Признаки	Сред. Минимум**	Сред. Максимум**	Среднее	Стандартное откл.	Стандартная ошибка	t	P	95% доверительный интервал	
								Нижний	Верхний
Высота растения	50,33	235,0	113,3	32,1	2,28	49,7	0,0	108,87	117,86
HS	3,67	9,40	5,83	1,02	0,07	80,6	0,0	5,68	5,97
Моноподии	1,00	5,00	1,78	0,74	0,06	32,0	0,0	1,67	1,89
Симподии	10,00	35,67	21,50	5,02	0,36	60,3	0,0	20,79	22,20
Кол-во узлов	14,33	44,80	27,47	5,23	0,37	74,0	0,0	26,74	28,20
Форма коробочки	1,00	5,00	2,86	0,84	0,06	48,3	0,0	2,75	2,98
Кол-во створок	3,30	5,00	3,45	0,22	0,02	222,	0,0	3,41	3,48
Кол-во коробочек	8,00	93,33	35,28	11,4	0,81	43,6	0,0	33,69	36,88
Полегаемость	0,00	1,00	0,28	0,43	0,03	8,07	0,0	0,21	0,34
Кол-во лопастей	3,40	5,00	3,51	0,11	0,01	456,	0,0	3,49	3,52
Форма листа	1,00	4,00	2,52	0,65	0,05	52,0	0,0	2,42	2,62
Тип ветвления	1,00	3,00	2,48	0,73	0,07	36,0	0,0	2,34	2,62
Пятно на лепестке	1,00	2,00	1,39	0,48	0,05	27,1	0,0	1,29	1,49
Однородность	1,00	2,00	1,09	0,27	0,03	37,4	0,0	1,03	1,15
Антоциан	0,00	3,00	1,00	0,67	0,06	16,8	0,0	0,89	1,12
Опушенность	1,00	7,00	1,31	1,03	0,09	14,2	0,0	1,13	1,49
Форма куста	3,00	5,00	3,76	0,92	0,08	45,9	0,0	3,60	3,93
Общее кол-во	8,00	93,33	32,86	11,2	0,66	49,9	0,0	31,56	34,15
Вилтоустойчивость	0,00	4,00	1,91	0,59	0,03	55,7	0,0	1,85	1,98

*- в таблице представлены как количественные, так и качественные признаки. Для качественных признаков в таблице указаны значения, которые присваивали на основании разработанной в соответствии с международными стандартами кодировки.** - каждый сортообразец выращивали рандомизированными блоками, 4 блока по 10 растений в блоке, после суммирования подсчетов в блоках определяли средние значения.

Корреляция морфологических признаков. В результате корреляционного анализа (ANOVA), что выявлена как положительная, так и отрицательная корреляция по нескольким морфологическим и фенотипическим параметрам. Наибольшее количество положительных корреляций выявлено у сортообразцов из Узбекистана и Туркменистана. Результаты корреляционного анализа морфологических признаков, а так же их корреляция в зависимости от географического происхождения представлены в Табл. 2 и Табл.3.

Оценка параметров волокна. Методом HVI, образцы статистически оценены по 4 основным признакам волокна (микронеир, крепость, длина, равномерность), выращенных в двух разных эко-географических условиях (Узбекистан и США). Коэффициент экспериментальной изменчивости признаков в обоих условиях варьировал от 1,63-1,89 (равномерность) до 11,45-12,22 (микронеир) соответственно. Описательная статистика признаков волокна выращенных в двух странах представлена в Табл. 4. Сравнение показателей волокна различных географических групп сортообразцов *G.barbadense* в условиях Узбекистана и США представлена в Табл. 5.

Таблица 2.

Корреляция морфологических признаков у сортообразцов тонковолокнистого хлопчатника в зависимости от географического происхождения

Узбекистан/Африка [†]	Узбекистан/Туркменистан	Узбекистан/США	США/Туркменистан
Высота растения (z=3,4023***) Полегаемость (z=2,9682*) Форма листа (z=5,3513***) Тип Ветвления (z=5,3513***) Пятно на цветке (z=4,1373***) Однородность (z=3,0712**)	hs (z=4,1536***) Форма коробочки (z=3,8275***) Полегаемость (z=3,1349***) Форма листа (z=4,3062***) Тип Ветвления (z=4,3062***) Пятно на цветке (z=2,5375**) Однородность (z=3,7068***)	Полегаемость (z=3,2842***) Форма листа (z=4,2236***) Тип Ветвления (z=4,2236***) Пятно на цветке (z=4,0861**) Однородность (z=3,0730**)	hs (z=3,3484***) Пятно на цветке (z=2,7835**)

[†] для простоты представления данных все образцы из африканских стран были объединены в группу «Африка»; Значения признака существенно отличаются, если значение * - $z > 1,9600$; ** - $z > 2,9352$; *** - $z > 3,0381$ (при значении $\alpha=0.05$). Значениям $p=0.05$, $p=0,01$, $p=0,001$, $p=0,0001$ соответствуют критические значения $z=1,96$, $z=2,17$, $z=2,58$ и $z=3,28$ соответственно

Таблица 3.

Результаты корреляционного анализа (по Пирсону) морфологических и фенотипических параметров у представителей *G. barbadense*

	Высота растения	HS	Моноподии	Симподии	Кол-во узлов	Форма коробочки	Кол-во створок	Кол-во коробочек	Полегаемость	Кол-во лопастей	Форма листа	Тип ветвления	Пятно на цветке	Однородн.	Антоц. загар	Опушенность	Форма куста
Высота растения	1																
HS	0,341(**)	1															
Моноподии	-0,02	0,165(*)	1														
Симподии	0,715(**)	0,191(**)	0,03	1													
Кол-во узлов	0,725(**)	0,387(**)	0,15(*)	0,967(**)	1												
Форма коробочки	0,011	-0,098	0,03	0,128	0,098	1											
Кол-во створок	0,024	0,027	0,01	0,012	0,031	-0,267(**)	1										
Кол-во коробочек	0,097	0,099	0,05	0,108	0,153(*)	0,026	-0,11	1									
Полегаемость	0,181(*)	-0,045	0,03	0,063	0,068	-0,055	-0,1	-0,107	1								
Кол-во лопастей	0,021	0,017	0,02	-0,059	-0,041	-0,162(*)	0,59(**)	0,029	0,052	1							
Форма листа	-0,160(*)	0,054	0,02	-0,263(**)	-0,251(**)	0,016	-0,06	0,131	-0,292(**)	-0,055	1						
Тип ветвления	0,233(*)	0,250(**)	0,01	0,259(**)	0,293(**)	0,311(**)	-0,34(**)	-0,237(*)	0,439(**)	-0,198(*)	-0,302(**)	1					
Пятно на цветке	0,299(**)	0,066	0,08	0,096	0,126	0,214(*)	0,03	-0,405(**)	0,587(**)	0,068	-0,602(**)	0,603(**)	1				
Однородность	0,122	0,088	0,29(**)	0,270(*)	0,301(**)	-0,134	0,23 (*)	-0,21	-0,241(*)	-0,033	0,013	-0,347(**)	-0,259(*)	1			
Антоциан. загар	0,064	-0,03	-0,16	-0,021	-0,02	-0,124	0,06	0,096	-0,051	0,136	0,058	-0,055	0,1	0,03	1		
Опушенность	-0,047	-0,01	-0,03	-0,03	-0,023	-0,162	0,72 (**)	-0,096	-0,215(*)	0,501(**)	0,016	-0,320(**)	-0,01	0,14	0,19(*)	1	
Форма куста	0,201(*)	0,211(*)	0,02	0,293(**)	0,270(**)	0,09	0,04	-0,240(**)	-0,349(**)	-0,082	0,034	0,076	-0,155	0,03	-0,09	0,07	1
Вилтоустойчив.	0,1	-0,037	0,12	0,109	0,111	0,09	0,05	-0,116	-0,069	0,108	-0,309(**)	0,09	0,083	0,26(*)	-0,05	0,02	0,02
Географич. регион	-0,239(**)	-0,045	-0,10	-0,123	-0,13	0,168(*)	0,03	0,075	-0,232(**)	0,015	0,362(**)	-0,245(**)	-0,355(**)	0,01	-0,02	0,06	0,04

* Корреляция существенна при значении $p=0.05$; ** Корреляция существенна при значении $p=0.001$

Таблица 4.

Описательная статистика проявления признаков волокна у 288 сортообразцов вида *G.barbadense* в условиях Узбекистана и США

	Кол-во	Среднее (\bar{X})	Min.	1-квартиль	Медиана	3-квартиль	Max.	10% Перцентиль	90% Перцентиль	SD	CV
Узбекистан											
Микронеир	247	4,25	3,0	3,9	4,3	4,6	6,3	3,6	4,9	0,5	12,22
Прочность	247	38,81	26,4	37,4	38,8	40,4	49,3	35,7	42,3	2,9	7,62
Длина	247	1,30	0,95	1,26	1,32	1,36	1,5	1,19	1,4	0,0	6,51
Равномерн	247	84,74	78,9	83,8	84,8	85,9	88,6	82,7	86,6	1,6	1,89
США											
Микронеир	278	4,06	2,6	3,7	4,1	4,4	5,3	3,4	4,6	0,4	11,45
Прочность	278	36,50	26,7	34,9	36,4	38,1	43,7	33,6	40,1	2,6	7,16
Длина	278	1,36	1,0	1,32	1,36	1,41	1,58	1,26	1,45	0,0	6,04
Равномерн	278	87,30	81,6	86,5	87,5	88,3	90,0	85,5	89,0	1,4	1,63

Таблица 5.

Сравнение показателей волокна различных географических групп сортообразцов *G.barbadense* в условиях Узбекистана и США

	Микронеир		Прочность		Длина		Равномерность	
	Узб.	США	Узб.	США	Узб.	США	Узб.	США
Африка	$\bar{X}=4,26$ S=0,59	$\bar{X}=4,1$ S=0,44	$\bar{X}=37,85$ S=3,77	$\bar{X}=36,01$ S=3,21	$\bar{X}=1,29$ S=0,10	$\bar{X}=1,35$ S=0,11	$\bar{X}=84,30$ S=1,91	$\bar{X}=87,1$ S=1,72
Узбекистан	$\bar{X}=4,31$ S=0,49	$\bar{X}=4,1$ S=0,49	$\bar{X}=39,08$ S=2,44	$\bar{X}=36,78$ S=2,09	$\bar{X}=1,31$ S=0,08	$\bar{X}=1,36$ S=0,07	$\bar{X}=84,89$ S=1,52	$\bar{X}=87,3$ S=1,17
США	$\bar{X}=4,38$ S=0,64	$\bar{X}=4,0$ S=0,44	$\bar{X}=38,39$ S=3,09	$\bar{X}=36,83$ S=2,09	$\bar{X}=1,28$ S=0,07	$\bar{X}=1,35$ S=0,07	$\bar{X}=83,66$ S=2,13	$\bar{X}=87,2$ S=0,80
Туркменистан	$\bar{X}=4,18$ S=0,51	$\bar{X}=4,0$ S=0,47	$\bar{X}=38,57$ S=3,11	$\bar{X}=36,32$ S=3,01	$\bar{X}=1,31$ S=0,09	$\bar{X}=1,36$ S=0,09	$\bar{X}=84,77$ S=1,57	$\bar{X}=87,3$ S=1,61

* Корреляция существенна при значении $p=0.05$; ** Корреляция существенна при значении $p=0.001$

Корреляция признаков волокна. Анализ признаков волокна у образцов *G.barbadense* в условиях Узбекистана и в условиях США показал наличие положительных и отрицательных зависимостей (Табл.6 и Табл.7).

Дисперсионный анализ (ANOVA) изменчивости признаков волокна и выявление наиболее стабильных сортообразцов. Определена точная картина изменчивости признаков волокна в зависимости от географических условий произрастания (Табл. 8). Условия США (Калифорния) оказались наиболее благоприятными для проявления таких признаков как длина, равномерность и микронеир.

Таблица 6.

Расширенный корреляционный анализ параметров волокна у 288 сортообразцов тонковолокнистого хлопчатника в условиях Узбекистана (Ташкент)

	MIC	STR	LEN	UNF	SFI	ELY	CG	RD
MIC	1							
STR	-0,258**	1						
LEN	-0,560**	0,505**	1					
UNF	-0,297**	0,634**	0,610**	1				
SFI	0,272**	-0,604**	-0,66**	-0,78**	1			
ELY	0,211**	-0,291**	-0,148*	-0,156*	0,004	1		
CG	-0,035	-0,08	-0,058	-0,049	0,097	0,054	1	
RD	-0,125*	-0,03	0,087	0,042	0,002	-0,212**	-0,174**	1
+b	0,091	0,109	-0,023	0,022	-0,079	0,198**	0,047	-0,758**

*Корреляция существенна при $p \leq 0.05$; ** Корреляция существенна при значении $p \leq 0.001$; ELY- Растяжимость (определяется как полное удлинение при разрыве и выражается в процентах к первоначальной длине); MIC – микронеир, STR – прочность, LEN – длина, UNF – равномерность, SFI индекс коротких волокон; CG – сорность; RD – коэффициент отражения, +b – желтизна.

Таблица 7.

Корреляционный анализ параметров волокна у 288 сортообразцов тонковолокнистого хлопчатника в условиях США (Калифорния)

	MIC	STR	LEN	UNF
MIC	1			
STR	-0,068	1		
LEN	-0,427 (**)	0,155(*)	1	
UNF	-0,241 (**)	0,219 (**)	0,774(**)	1

Таблица 8.

Результаты дисперсионного анализа вариаций¹ признаков волокна в зависимости от произрастания в условиях Узбекистана и США

	Микронеир	Прочность	Длина	Равномерность
X^2 ;	18,84;	97,10;	57,62;	244,92;
<i>p-value</i>	0,000014	0,000000	0,000000	0,000000
F-Ratio;	23,15;	94,15;	57,88;	390,55;
<i>p-value</i>	0,000002*	0,000000*	0,000000*	0,000000*
Power ($\alpha = 0,05$)	0,9977	1	1	1
SS country	5,61	724,10	0,397	892,66
SS S(A)	131,51	4176,40	3,726	1241,13
MS country	5,61	724,10	0,397	892,66
MS S(A)	0,24	7,69	6,86E-03	2,28
SS Total	137,12	4900,51	4,123	2133,79
DF country	1	1	1	1
DF S(A)	574	574	574	574

1- В определении статистической значимости использовался параметр F при достоверном значении $p = 0,05$. * значения существенны при $\alpha = 0,05$

Согласно результатам, значения микронеира, длины, прочности и равномерности значимо отличались между обоими условиями произрастания.

В тоже время исследование позволило определить сортообразцы сохраняющие практически одинаковые показатели вне зависимости от условий произрастания (Табл. 9).

Таблица 9.

Образцы, обладающие стабильностью в условиях Узбекистана и США

Признак	Кол-во сортообразцов	Параметр
Прочность волокна	92	>37гр/текс
Микронеир	41	$\geq 3,7 \leq 4,2$
Длина	9	$\geq 1,5$ дюйм
Равномерность	7	>87%
По совокупности 4-х признаков	7	

В четвертой главе «Уровень полиморфизма, молекулярно-генетическое разнообразие, филогения и структура популяции культивируемого тонковолокнистого хлопчатника» приводятся подробные данные о результатах комплексного молекулярно-генетического анализа.

Уровень генетического разнообразия и полиморфизма SSR маркеров.

Сортообразы исследованы при помощи 750 ДНК маркеров. Из этих маркеров, 108 (14%) оказались полиморфными среди представителей гермплазмы *G.barbadense*. Выявленные нами 108 полиморфных SSR маркеров, амплифицировали 301 маркерный локус среди сортообразцов *G.barbadense*. Количество локусов варьировалось от 2 до 5 со средним значением 2,78 локуса на один SSR маркер. В нашем исследовании 60 (55%) маркеров оказались мультилокусными (3 и более локусов), большинство локусов (81%) было представлено двумя и тремя аллелями (Табл. 10).

Таблица 10.

Распределение количества локусов (аллелей) среди 108 SSR маркеров.

Количество маркеров	Количество аллелей	Количество локусов
48	2	96
40	3	120
15	4	60
5	5	25
Общее: 108		301

Проведя оценку содержания полиморфной информации (PIC) среди маркеров, мы выявили, что среднее значение информативности составило $PIC=0,29$ ($SD=0.16$).

Средняя частота аллелей составила 0,424 ($SD=0.33$) с минимальными и максимальными значениями 0,02 и 0,996 соответственно. Из выявленных 301

маркерных аллельных локуса 66 (~22%) имели редкие (минорные) аллели, частота встречаемости которых оказалась $\leq 5\%$ в популяции. Минимальное, максимальное и среднее значения частот минорных аллелей составили 0,02, 0,05 и 0,028 (SD=0,014) соответственно. Проведенный обширный анализ узбекской коллекции *G. barbadense* выявил среднее значение генетического разнообразия по всем SSR локусам, которое составило 0,33, однако варьировало в довольно широком диапазоне 0,02 до 0,71, это указывает на наличие достаточного потенциала для MAS.

Филогения образцов культивируемого тонковолокнистого хлопчатника. Определены генетические расстояния между каждым из 288 сортообразцов *G. barbadense*. Среднее значение генетического расстояния между исследуемыми образцами оказалось существенным и составило 0,19 (SD=0,11), при наименьшем и наибольшем расстояниях 0,01 и 0,67 соответственно. Методами NJ и UPGMA построены дендрограммы взаимоотношений среди сортообразцов, выявлены две главные группы «А» и «В», порог генетического расстояния между которыми составил $> 50\%$, а так же 5 четко различающихся подгрупп (Рис. 1). Подробно описан состав каждой из подгрупп с указанием степени генетических отличий. Наличие групп (кластеров) является отражением генетической дифференциации популяции вследствие интродукции в популяцию генетически отличных форм. Согласно кластерному анализу мы пришли к выводу, что в формировании сортообразцов из коллекции принимали участие африканские, афроамериканские и американские генотипы. Определены генетические взаимоотношения между каждым из исследованных сортообразцов. На основе генетических данных отмечено, что в результате многолетней селекции *G. barbadense* в агро-экологических условиях Среднеазиатского региона, четко прослеживается генетическая обособленность сортов узбекской и туркменской селекции, то есть произошло формирование так называемого среднеазиатского экотипа. Присутствию редких аллелей и наличие большого количества аллельных комбинаций, позволило дифференцировать сортообразцы по экотипам, то есть идентифицировать географическое происхождение более 90% образцов.

Молекулярное разнообразие, родство и структура панели G. barbadense.

Многомерное шкалирование (анализ компонент). С целью подтверждения филогенетического анализа и определения структуры популяции был проведен анализ главных компонент. В результате определено, что первые 13 компонент обуславливают 51% вариаций, в то время как первая и вторая главные компоненты обуславливают 20% генетической вариации в популяции. Первая главная компонента (PC1) обуславливает 15% дисперсии и четко разграничивает популяцию на две субпопуляции большую и малую (Рис. 2). Вторая главная компонента (PC2) обуславливающая 5% дисперсии разделила 273 образца основной субпопуляции на две перекрывающиеся подгруппы, условно обозначенные как группа А и группа Б (Рис. 2, Табл. 11).

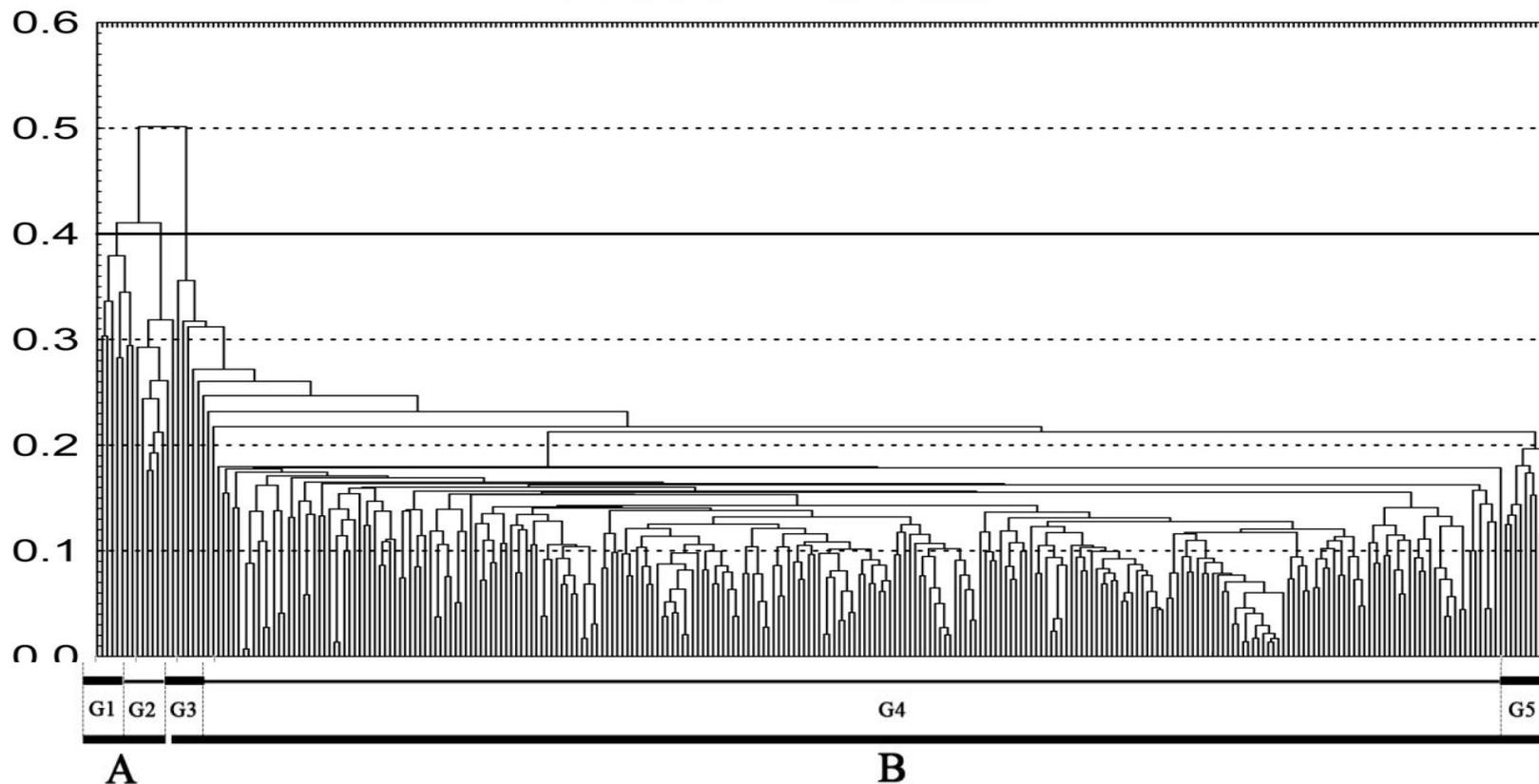


Рисунок 1. Дендрограмма различий 288 сортообразцов *G. barbadense*, построенная с использованием метода невзвешенного попарного среднего (UPGMA) на основании генотипирования по 301 полиморфному SSR локусу. Горизонтальные линии означают пороговые значения генетических расстояний. Снизу указаны различные группы и подгруппы. Группы А и В получены на основании различий в >50%, в то время как подгруппы G1, G2 и G3 получены на основе верхней границы различий в 40%, а подгруппы G4 и G5 – на основе верхней границы в 20%.

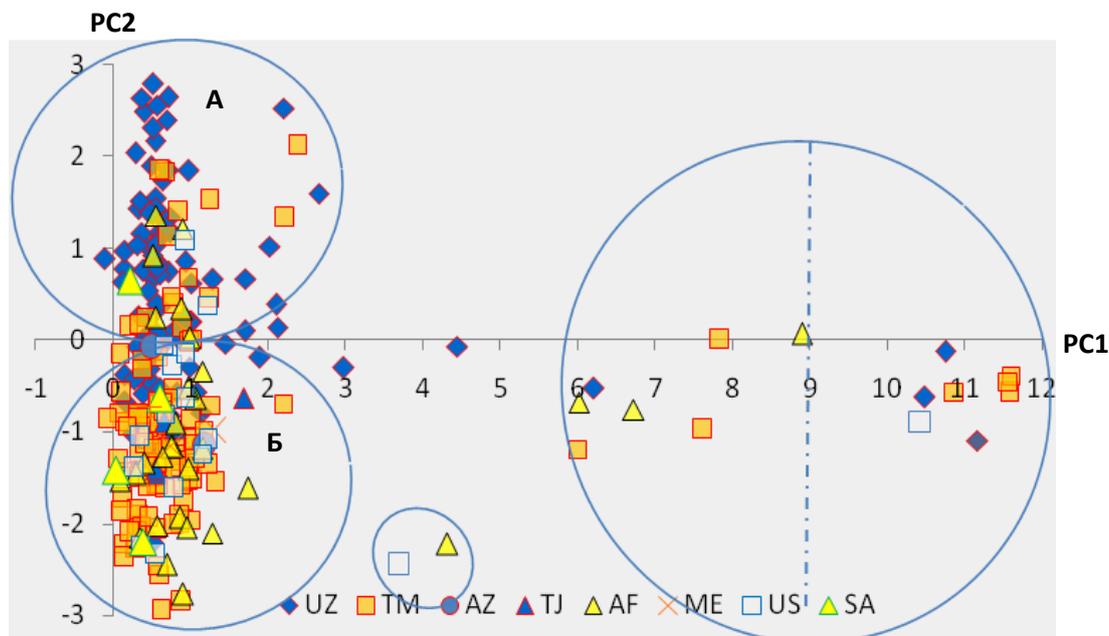


Рисунок 2. Анализ главных компонент, где в виде диаграммы представлено рассеивание 288 сортообразцов *G. barbadense* в пространстве двух главных координат по совокупности SSR генотипов. PC – главные компоненты; А и Б – генетические подгруппы субпопуляции 1, представленные в большинстве своем сортами из Узбекистана и Туркменистана соответственно (см. пояснение в тексте). Малым кругом выделены генетически обособленные африканские сортообразцы, относящиеся к подгруппе Б. Большим кругом выделена субпопуляция 2, представленная наиболее генетически дифференцированными образцами. UZ – Узбекистан, ТМ – Туркменистан, ТЖ – Таджикистан, АФ – Африка, УС – США, СА – Южная Америка.

Таблица 11.
Дифференциация 288 сортообразцов *G. barbadense* на основании генетического анализа и анализа главных компонент

	Субпопуляция 1		Субпопуляция 2
	Подгруппа А	Подгруппа Б	
Узбекистан	81	24	4
Туркменистан	17	99	7
США	3	11	1
Африка	6	25	3
прочие	1	6	-
Итого:	108	165	15

Структурный анализ. Оценка генетической структуры популяции с использованием Байесовского метода кластерного анализа в программе STRUCTURE выявила наличие как минимум двух субпопуляций – малой и большой (Рис.3, K2), доля которых в совокупной популяции гермоплазмы составила 5,2% и 94,8% соответственно. Дальнейшее разложение совокупной популяции позволило дифференцировать ее на три субпопуляции, где малый кластер остался неизменным (5,2%), а большой кластер образовал две субпопуляции представленные 37,5% и 57,3% сортообразцов соответственно

(Рис. 3, К3). Структурированность популяции 288 сортообразцов тонковолокнистого хлопчатника согласуется с филогенетическим анализом, что подтвердилось наложением дендрограммы на Q-матрицу (Рис. 3). Сортообразцы, на основании генетического профиля, четко разделены на образцы Египетско-американского, Узбекского и Туркменского экотипов.

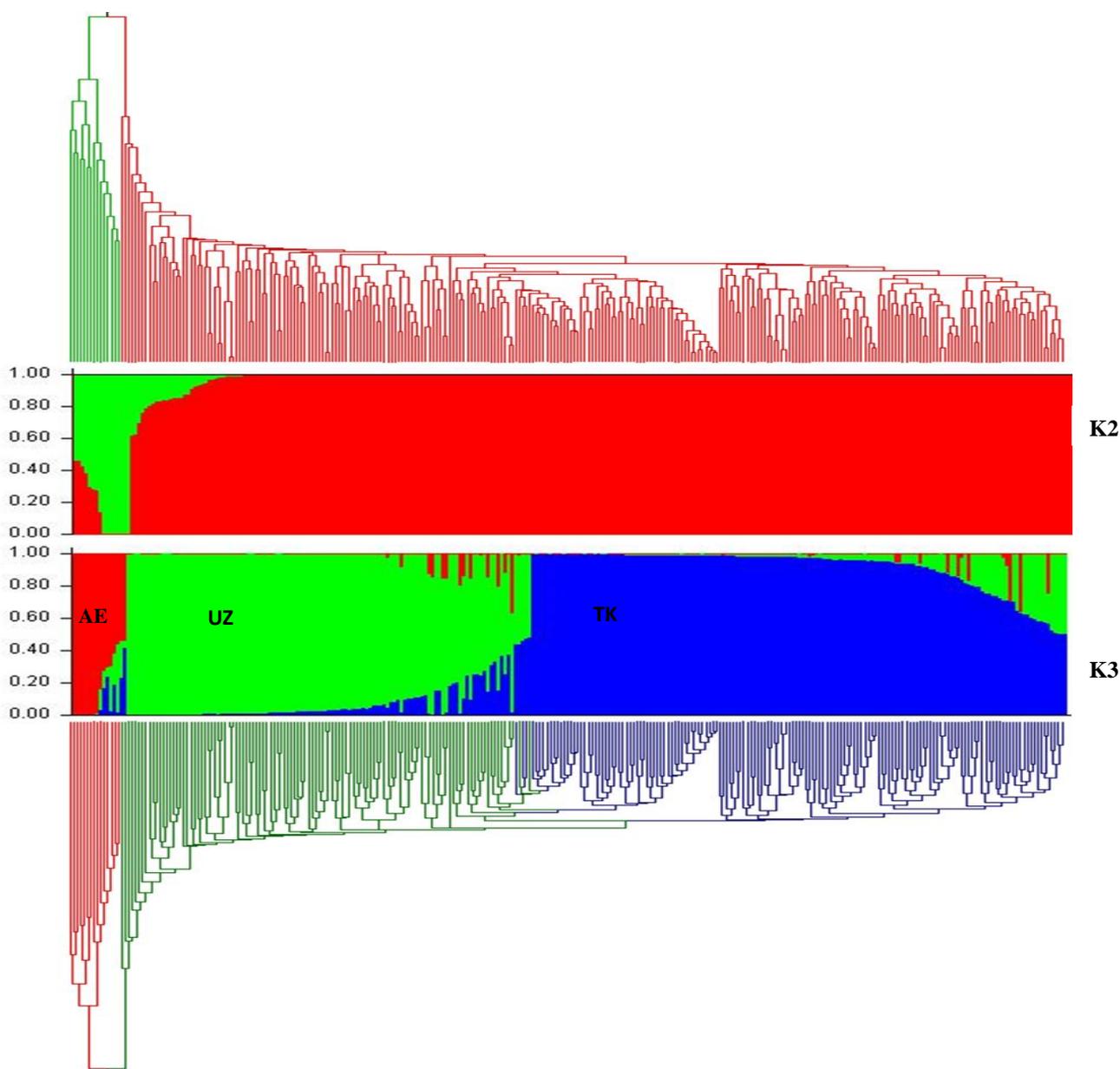


Рисунок 3. Графическое представление структуры популяции 288 сортообразцов гермплазмы *G.barbadense* выявленное по результатам анализа в программе STRUCTURE с наложением филогенетическое дерева.

К2 – разделение на две субпопуляции: малая (зеленый цвет) и большая (красный цвет). К3 – дальнейшее разложение большой субпопуляции на экотипы (согласуется с результатом, представленным на Рис.4.1). АЕ – египетские и американские генотипы, UZ и ТК – Египетско-американские генотипы с разделением на узбекские и туркменские экотипы

Анализ молекулярных вариаций (AMOVA). Оценка генетической дифференциации внутри и среди predetermined экотипов, расчетом F_{st} индекса Райта (индекс фиксации) с применением статистического анализа AMOVA показала существенную дифференциацию среди групп ($p \leq 0.001$), так, 67,2% общей генетической изменчивости выявлено внутри субпопуляций, в то время как генетическая изменчивость между predetermined группами составила 32,8% от общей генетической изменчивости (Табл. 12). Общее значение индекса фиксации (F_{st}) оказалось равным 0,328 ($p \leq 0.001$). Парное сравнение индекса F_{st} между тремя группами выявило, что наибольшая генетическая дифференциация присутствует между Африканской группой и Туркменской группой ($F_{st}=0,58$; $p < 0.001$) (Табл. 13).

Таблица. 12.

Результаты анализа AMOVA

Source of variation	dF	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation	p-value
Among populations	2	1312,320	11.769	32.797	≤ 0.001
Within populations	285	6791.922	24.115	67.203	≤ 0.001
Total	287	8104.242	35.884		

Таблица. 13.

Парное сравнение специфичных для каждого экотипа значений F_{st}

	Африка	Узбекистан	Туркменистан
Африка	0.00000		
Узбекистан	0.57568	0.00000	
Туркменистан	0.58432	0.11723	0.00000

В пятой главе «**Неравновесное сцепление в геноме *G. barbadense*. и ассоциативное картирование признаков волокна**» приведены следующие результаты:

*Неравновесие по сцеплению в геноме культивируемого хлопчатника вида *G. barbadense*.* Из 27252 парных комбинаций SSR маркерных локусов при достоверном пороговом значении $r^2 \geq 0,05$ и $p \leq 0,005$ 4576 (16,8%) маркерных пар показали достоверное неравновесие по сцеплению. При увеличении порога до существенно высоких значений $r^2 \geq 0,1$ ($p < 0.001$) и $r^2 \geq 0,2$ ($p < 0.0001$) НС сохранялось у 2188 (8%) и 1187 (4,3%) парных комбинаций SSR маркеров соответственно. Для визуализации рекомбинационных участков в геноме была построена линейная матрица НС, где связь между парой маркеров представлена значениями D' и r (Рис. 4). На линейной матрице треугольного графика полного геномного парного НС между маркерами выявлены существенные блоки НС для генома *G. barbadense*, где значение меры НС (r^2) определило, что при $r^2 \geq 0,05$ среднее значение распада НС равно 24,8сМ (Рис.5).

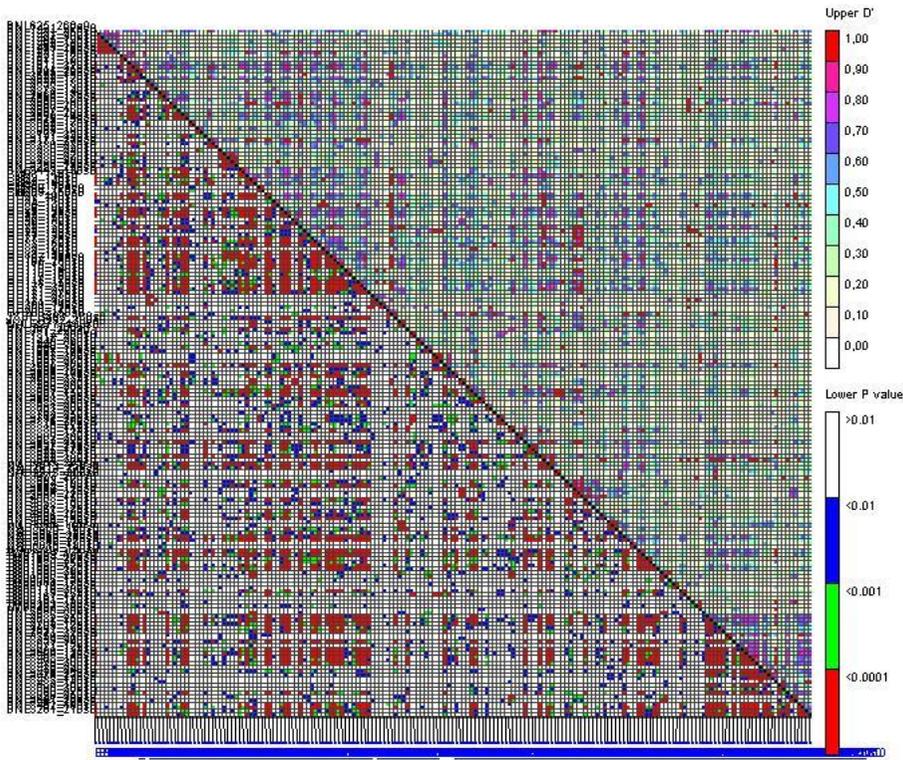


Рисунок 4. Матрица неравновесия полиморфных маркерных локусов в геноме культивируемого вида *G. barbadense*

Полиморфные маркерные локусы расположены по осям X и Y. Парный расчет НС (D') представлен над диагональю, а под диагональю представлены соответствующие значения p (тест Фишера). Цветом обозначены значения D' и p в соответствии со шкалой значений представленной в правой границе рисунка.

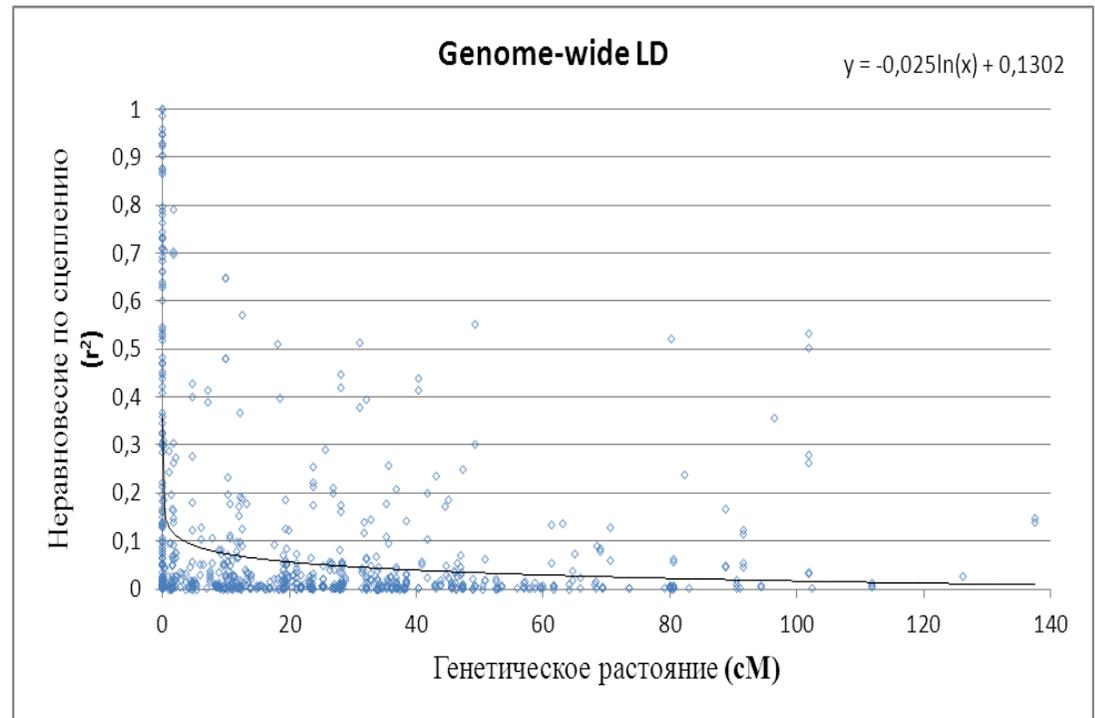


Рисунок 5. График полногеномного распада НС среди 288 сортообразцов *Gossypium barbadense*

Линией тренда обозначена кривая нелинейной логарифмической регрессии r^2 в зависимости от расстояния. За распад НС принимаются значения $r^2 < 0.1$.

При более высоком пороговом значении $r^2 \geq 0,1$ НС сохраняется в среднем на расстоянии до 3,36сМ, после которого наблюдается распад неравновесия по сцеплению. Однако в некоторых участках генома при $r^2 \geq 0,1$ наблюдалось максимальное значение распада НС на расстоянии 35,7сМ.

Ассоциативное картирование признаков волокна. Ассоциативным картированием выявлены маркеры, ассоциированные с морфологическими признаками и параметрами волокна для каждого отдельного региона. Сравнением идентифицированных маркеров, выявлены маркеры, которые сохранили достоверную ассоциацию (MLM; $p \leq 0.05$) в обоих условиях произрастания. В результате 100 маркеров, сохранили строгую корреляцию и оказались идентичны как для условий Узбекистана, так и США (Табл. 14).

Таблица. 14.

Сводная таблица маркеров, показавших связь с признаками качества волокна по результатам ассоциативного картирования (методами MLM и GLM в программе TASSEL).

Признаки	Количество существенных ассоциаций *			Количество ассоциаций подтверждённых при $BF \leq 0.13$		
	Узбекистан	США	Общие маркеры**	Узбекистан	США	Общие маркеры* *
Микронеир	30 (2)	28 (2)	12 (2)	9	6 (1)	3
Прочность	62 (9)	59 (6)	41 (2)	6	3 (1)	2
Длина	31 (6)	36 (7)	22 (5)	10 (1)	2	4
Равномерность	47 (0)	42 (1)	25 (1)	8	5	2
b+	39 (1)	-	-	12	-	
Rd	53	-	-	10	-	
Удлинение (Elo)	23 (2)	-	-	2	-	
Выход волокна %	-	30 (2)	-	-	2	

Примечание: * В таблице указаны маркеры, показавшие существенную ассоциацию ($P \leq 0.05$) на основании результатов MLM анализа с 1,000-кратной перестановкой. В скобках указано количество совпавших SSR маркеров ассоциированных с описываемым признаком волокна, которые отмечены в других исследованиях; ** Маркеры, показавшие аналогичную ассоциацию (MLM, $P \leq 0.05$) в обоих условиях. - Оценку по указанным параметрам в условиях Узбекистана или США не проводили.

Определение положения признак-ассоциированных маркеров на хромосомной карте. В общей сложности, нами были локализованы 210 SSR маркеров ассоциированные с 14 признаками (Табл.15). Только на хромосоме 7 (A7) не было локализовано ни одного маркера ассоциированного с признаками, а на хромосоме 16 (D7) не было выявлено маркеров ассоциированных с признаками волокна.

Таблица 15.

Суммарная таблица признак-ассоциированных маркерных локусов с разбивкой по хромосомам

Признаки (кол-во маркеров)															Общее по хромосоме
Хромосома	FL	FS	FM	FU	FY	b+	Rd	FE	SW	BN	PH	HS	S	WR	
A1(Chr.1)	1	2		1		1			1	2	1	1	2	1	13
A2(Chr.2)		1													1
A3(Chr.3)	1	2	2	1											6
A4(Chr.4)		3		1		1	1								6
A5(Chr.5)	1	4		3			1					3	2		14
A6(Chr.6)	1	3		4		2	2		2		1	1	1		17
A7(Chr.7)															0
A8(Chr.8)			1			1	1	1							4
A9(Chr.9)	2	2	1	2	1				1	2					11
A10(Chr.10)	4	3		3										2	12
A11(Chr.11)	3	4		2											9
A12(Chr.12)	1		2	3						1	1				8
A13(Chr.13)	3	3		2							1				9
D1(Chr.15)	2	1		1					1			1		3	9
D2(Chr.14)	1	1													2
D3(Chr.17)		5	1	1										1	8
D4(Chr.22)		3	1	3		1									8
D5(Chr.19)	1	1	2	1					1			1	1		8
D6(Chr.25)	1	2	2	3	1	2	2			2		1	1		17
D7(Chr.16)									1					1	2
D8(Chr.24)	2	2	1	1					1		1				8
D9(Chr.23)		1	1	1	1			1		1					6
D10(Chr.20)	2	3	2	2		1	1								11
D11(Chr.21)	2	2												1	5
D12(Chr.26)	2	3	2	3						1	1				12
D13(Chr.18)	1	1	1								1				4
Общее по признаку	31	52	19	38	3	9	8	2	8	9	7	8	7	9	210

А – хромосома из А-генома; D-хромосома из D-генома. Сокращения: FL - Длина волокна; FS - Крепость волокна; FE - Удлинение волокна; FM - Микронеир; FY - Выход волокна; FU – Равномерность; SW – Вес 1000 семян; BN – Кол-во коробочек; PH – Высота растения; HS – Высота закладки первой плодовой ветви; S – Симподии; WR – Устойчивость к вилту.

На остальных хромосомах, количество детектированных маркеров варьировалось от 1 (хромосома A2) до 17 (хромосомы A6 и D6). Наибольшее кол-во маркеров ассоциированных с признаками волокна определено на хромосоме A6 – 12 маркеров, A10 – 10 маркеров, D10 – 11 маркеров, D6 – 13 маркеров и D12 – 10 маркеров. Также больше всего выявлено маркеров ассоциированных с прочностью хлопкового волокна – 52, которые оказались локализованы на всех хромосомах за исключением хромосом 7 (A7), 8 (A8), 12 (A12) и 16 (D7).

Поиск генов кандидатов расположенных рядом с признак-ассоциированным маркерами. Нами были исследованы регионы окружающие SSR маркер в пределах 20Mb (миллионов нуклеотидных пар) «выше» и «ниже» маркерного локуса. Таким образом, регионы общим размером 40Mb для каждого из выявленных SSR маркеров был проанализированы через NCBI. В результате обнаружены 17 ген-кодирующих последовательностей и один псевдоген, расположенных возле маркеров BNL4003, NAU2913, NAU3306, TMB0161, Gh77, TMB1538, BNL3955, Gh75. Все выявленные последовательности показали в среднем 82% совпадений с аннотированными генами из генетической базы данных. Таким образом, возле 8 SSR маркеров нами были идентифицированы 17 генов. Из них, по крайней мере, 8 генов существенно совпадают с выявленными ассоциациями маркер-признак на основании сравнения описанных в литературе функций.

В шестой главе «**Значение исследования генома *G.barbadense* для современной селекции хлопчатника**» подробно обсуждены результаты исследования сравнительно с ранее проведенными исследованиями имеющимися в литературе, и показано значение полученных результатов для развития геномики хлопчатника и улучшения современных сортов классическими и современными методами селекции.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. Проведена оценка разнообразия выборки из 288 сортообразцов *G.barbadense* из коллекции гермплазмы хлопчатника Узбекистана в двух независимых эко-географических условиях по комплексу ценных хозяйственных признаков. Определены экотипы, обладающие наибольшей стабильностью по интересующим признакам в различных экогеографических условиях произрастания, а так же сочетающие в себе наилучшие показатели нескольких признаков волокна и ценных морфо-биологических показателей, как в условиях Узбекистана, так и в условиях США, которые являются первоочередными для вовлечения в селекционные работы.

2. Оценено молекулярно-генетическое разнообразие генома *G. barbadense* при помощи SSR маркеров. Выявлено 108 полиморфных SSR маркеров, амплифицировавших 301 маркерный локус. Количество локусов варьировалось от 2 до 5 со средним значением 3,5 локуса на один SSR маркер. В исследовании 60 (55%) маркеров оказались мультилокусными (3 и

более локусов), большинство локусов (81%) было представлено двумя и тремя аллелями. Показано, что в гермплазме культивируемых представителей *G. barbadense* присутствует большое количество новых аллелей. На основании выявленных маркеров, создана панель для определения экотипов и их сортовой принадлежности, получен уникальный для каждого образца генетический профиль (ДНК-баркод).

3. Выявлено умеренное (~33%) общее среднее генетическое разнообразие на уровне ДНК-маркерных локусов, варьировавшее в широком диапазоне (0,02-0,71). Определены филогенетические отношения сортообразцов *G. barbadense*, на основании выявленных генетических расстояний варьировавших в пределах 0,01 - 0,67, со средним значением 0,19. Определена генетическая структура популяции, которая представлена двумя субпопуляциями и несколькими генетическими группами внутри субпопуляций.

4. Выявлен высокий уровень внутривнутрипопуляционной изменчивости (67,2%) и умеренная межпопуляционная дифференциация (32,8%). Очень сильная генетическая дифференциация (0,584) выявлена между Африканской и Туркменской субпопуляцией и Африканской и Узбекской субпопуляцией (0,575). Между Узбекской и Туркменской субпопуляцией отмечена умеренная генетическая дифференциация ($F_{st}=0,117$). В формировании сортообразцов коллекции принимали участие африканские, афроамериканские и американские генотипы. Наибольшим генетическим разнообразием обладают сорта туркменской селекции. Четко прослеживается генетическая обособленность сортов узбекской и туркменской селекции, и отмечено формирование среднеазиатского экотипа.

5. Неравновесие по сцеплению в геноме культивируемого вида *G. barbadense*, при критических значениях $r^2 \geq 0,1$ и $r^2 \geq 0,2$ сохранялось у 8% и 4,3% попарных комбинаций SSR маркеров соответственно.

6. Распад НС в геноме культивируемого вида *G. barbadense*, при минимальном пороге $r^2 \geq 0,05$ составляет в среднем 24,8сМ, а при высоком пороговом значении $r^2 \geq 0,1$ НС сохраняется, в среднем, на расстоянии до 3,36сМ.

7. Ассоциативным картированием признаков на основании MLM выявлено 100 признак-ассоциированных маркеров, сохранивших строгую ассоциацию с признаками волокна, как в условиях Узбекистана, так и США, из них 85 маркеров идентифицированы впервые. Выявлены маркеры, в высокой степени ассоциированные ($BF \leq 0,15$), как с одним, так и с двумя и более хозяйственно-ценными признаками в обоих географических условиях, являющиеся первоочередными для использования в МАС.

8. Получена уточненная интегрированная генетическая карта тетраплоидного хлопчатника, на которой определены расстояния между новыми и уже известными признак-ассоциированными маркерами и определено более точное расположение некоторых QTL хозяйственно-ценных признаков на хромосомах.

9. Опробован метод «*in silico* chromosome walking» с применением комплексного компьютерного анализа и выявлены последовательности, возле 8 SSR маркеров были идентифицированы 17 генов. Из них, по крайней мере, 8 генов существенно совпадают с выявленными ассоциациями маркер-признак на основании сравнения описанных в литературе функций.

**SCIENTIFIC COUNCIL on AWARD of SCIENTIFIC DEGREE of
DOCTOR of SCIENCES 16.07.2013.B.15.01 AT THE INSTITUTE GENE
POOL OF PLANT AND ANIMALS, NASHIONAL UNIVERSITY of
UZBEKISTAN, AT THE INSTITUTE OF GENETICS AND PLANT
EXPERIMENTAL BIOLOGY**

**INSTITUTE OF GENETICS AND PLANT EXPERIMENTAL
BIOLOGY , CENTER OF GENOMICS AND BIOINFORMATICS**

.

ALISHER ABDUMAVLYANOVICH ABDULLAEV

**MOLECULAR CHARACTERIZATION AND ASSOCIATION
MAPPING OF AGRONOMIC TRAITS IN *G. BARBADENSE* VARIETIES
FROM COTTON GERMPLASM COLLECTION OF UZBEKISTAN**

03.00.14 – Genomics, Proteomics and Bioinformatics

ABSTRACT OF DOCTORAL (HABILITATION) DISSERTATION

Tashkent – 2015

This Post Doctorate thesis has been registered with the number №30.09.2014/B2014.5.B125 at the Supreme Attestation Commission of the Cabinet of Ministers of the Republic of Uzbekistan.

Doctoral dissertation was carried out at the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology and Center of Genomics and Bioinformatics.

Full version of doctoral dissertation is placed in official web site of scientific council at Institute of Gene Pool of plants and animals in address www.flora-fauna.uz

Author's abstract with three languages (Uzbek, English and Russian) is placed in a web-page www.flora-fauna.uz and in informational educational portal 'ZiyoNet' at www.ziynet.uz

Scientific consultant:	Abdurakhmonov Ibrokhim Yulchievich Doctor of biological sciences, professor
Official opponent:	Mukhamedov Rustam Sultanovich Doctor of biological sciences, professor Turdikulova Shkhlohon Utkurovna Doctor of biological sciences, Pratov Uktam Doctor of biological sciences, professor
Leading organization:	Institute of the Chemistry of plant Substances

Defense will take place « ___ » _____ 2015 at _____ at the meeting of Scientific council number 16.07.2013. B.15.01 at the institute gene pool of plant and animals, nashional university of uzbekistan, at the institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Address: 100053, 232 Bogishamal st., Tashkent, Uzbekistan. Tel. (+99871) 289-04-65; Fax (+99871) 262-79-38; E-mail: botany@uzsci.net

Doctoral dissertation is registered in Information-resource Centre of Institute of Gene Pool of plants and animals of Academy of Sciences of Uzbekistan (with registration № 02 where can be familiarized in the Informational Resource Centre (address) 232, Bogi shamol, Tashkent Tel. (+99871) 289-04-65; Fax (+99871) 262-79-38; E-mail: botany@uzsci.net

Abstract of dissertation sent out on « ___ » _____ 2015 year
(mailing report № _____ dated _____ 2015)

K.Sh.Tojibaev

Chairman of Scientific Council on award of scientific degree of doctor of sciences D.B.S.,

U.T. Mirzaev

Scientific secretary of Scientific Council on award of scientific degree of doctor of sciences, Ph.D.,

Sh. Yunushanov

Chairman of scientific seminar under Scientific Council on award of scientific degree of doctor of sciences, D.B.S., professor

ANNOTATION OF DISSERTATION

Appropriateness and relevance of the dissertation's subject. "According to UN projections, by 2050, the production of food resources should be doubled, which would feed about 9.3 billion people" ¹. With the deterioration of the global climate and land degradation is a falling agricultural productivity. To avoid a global environmental catastrophe a radical change in the structure of production and consumption of a number of key natural and agricultural resources, including cotton is needed.

Cotton (*Gossypium* L.) is one of the most important crops. Experts estimate that by 2030 global demand for cotton products will more than double, while the annual increase in genetic yield of raw cotton, is only 7,1-8,7 kg / ha. At the same time, competition in the world market leads to increased requirements for the quality of cotton fiber.

Most modern cultivated varieties of cotton have a common genetic structure that is not able to fully meet modern requirements. Work on improving the quality of fiber - a very complex process due to the narrow genetic base of modern cultivars of cotton and negative genetic correlation between the quality and yield of cotton fiber. This instruct you to explore the genetic resources of cotton, for use in the selection process of its genetic diversity.

To ensure the high competitiveness of cotton production in Uzbekistan use modern approaches to improving productivity and quality of cotton fiber.

Much of the molecular-genomic research and MAS focused on members of the species *G. hirsutum*. Another species, unfortunately, neglected, at the same time they have a wealth of genetic potential. For example, it is necessary to focus more attention on the genome of long staple cotton (*G. barbadense*), a fiber which far exceeds the quality indicators of medium staple cotton.

This dissertation research is to a certain extent to the task of implementation of the Presidential Decree of October 20, 2008 No. PD-4041 "On measures to optimize the acreage and increased production of food crops."

Relevant research priority areas of Science and Technology of the Republic of Uzbekistan. The thesis is carried out in accordance with the priorities of the SSTP of fundamental research for 2012-2016., BRP-5 Biology, biotechnology, soil science, water problems, issues of genetics, plant and animal breeding, as well as applied research ARP-6 development of biotechnology-based achievements of modern genomics, proteomics, metabolomics and bioinformatics.

A review of international research on the topic of the dissertation. Molecular genetic studies of the genus *Gossypium* involved in leading research centers, institutes and universities, including Texas A & M University (TAMU), Mississippi University, Washington State University (USA), Nanjing Agriculture University (China), CIRAD (France), CSIRO (Australia).

¹ Xiao et al. New SSR markers for use in cotton (*Gossypium* spp.) improvement. The Journal of Cotton Science 13:75–157 (2009)

On the basis of molecular characterization and association mapping in cotton germplasm the following scientific and applied results were obtained: in the TA & MU, Nanjing Agriculture University, CIRAD received collection of SSR markers (NAU, MUSS, CIR) for the genome of cotton, which are determined based on the phylogenetic relationships of the genus *Gossypium*; at TAMU, CIRAD and CSIRO developed genetic maps with QTLs for such traits as fiber quality, disease resistance, drought and salinity; in Mississippi University held an association mapping of resistance to Fusarium wilt races,; an open database on international cotton genome «CottonGen» in cooperation with Washington State University and TAMU have been developed.

At the moment, the world's priority is the molecular characterization and identification of the genetic structure of germplasm collections of *Gossypium barbadense*, but the collection of germplasm *G. barbadense* Uzbekistan remains unexplored. As the world conduct research association and linkage disequilibrium mapping of the genome *G. hirsutum*, but there is no research in linkage disequilibrium genetic loci and associative mapping of valuable traits in the genome of *G. barbadense*.

Currently launched studies of the genetic structure of germplasm collections of *Gossypium barbadense* in countries such as the US, China, Egypt, and Brazil

The degree of scrutiny of the problem.

The study of the genetic diversity of long staple cotton using allozyme markers involved Wendel and Percy (1990). Studies using various DNA markers was performed on germplasm collections in USA (Wendel and Percy, 1990; Westengen et al, 2005), France (Lacape et al, 2006), China (Wang et al, 2011), India (Boopathi et al, 2008), Egypt (Adawy et al, 2007; Abdellatif et al, 2012) and Brazil (Almeida et al, 2009).

In the states of Central Asia studies, development and selection of fine-fiber cotton were such scientists as the AI Autonomy VP Krasichkov, VG Kulebyaev, IK Maksimenko, VK Emmanuel, AA Authority (Kimsanbaev, 2011).

In Uzbekistan, studying and breeding of *G. barbadense* have been engaged in such scholars as the FM Maueer, AI Autonomy AA Autonomy, M. Iksanov, Kimsanbaev M., P. Ibragimov, Abdullaev, TA Muhiddinov and others. So far, the investigation of the structure of the population, assessment of linkage disequilibrium and LD decay in the genome of *G. barbadense* was not performed. Of particular importance are the work of associative mapping parameters of fiber and other valuable economic signs, based on an assessment of growth in two completely different geographical conditions (Uzbekistan and the United States) have cultivated staple cotton (*G. barbadense*), since such studies not only in Uzbekistan but not carried out abroad.

Connection of dissertational research with the thematic plan of scientific research works is reflected in following projects: This work was performed at the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology and Center of Genomics and Bioinformatics within the project F5-T030 on the subject of fundamental research "Study of the genome of priority agricultural crops to create innovative biotechnology" with the support of the Committee on Science and Technology

under the Cabinet of Ministers of the Republic of Uzbekistan for 2012-2016, in the framework of the international project UZB2-31016-TA-09 "Molecular characterization and association of genes / quantitative trait loci (QTL) for Fusarium wilt disease [*Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* (FOV)] and the development of improved cotton germplasm for resistance to FOV »for 2009-2013, and as part of the fundamental project of FA-F4-E-149, "Study of the structure and function of the cotton genome for the development of marker-associated selection of cotton" with the financial support of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan for 2007-2011.

The purpose of research is to study the molecular genetic diversity, population structure and identification of genetic loci associated with valuable traits in cultivated representatives of long staple cotton (*G. barbadense*) from the world collection of germplasm of cotton in Uzbekistan.

The objectives of the study. According to the aim objectives of the work are:

random selection of cultivated long staple cotton (*G. barbadense*) varieties from cotton germplasm collection of Uzbekistan. Study of fiber traits and morphological characters depending on the growing conditions, at least in two different ecological regions (Uzbekistan and US);

the molecular-genetic screening and genotyping of long staple cotton accessions through existing microsatellite (SSR) marker collections and definition of fine-fiber cotton genotypes useful for genetic analysis and breeding;

identification of polymorphisms on the molecular level on the panel of *G. barbadense*, identification of unique loci for a clear discrimination of various genotypes. Building on the basis of molecular analysis, phylogenetic tree and the determination of the genetic distance between *G. barbadense* accessions;

evaluation of molecular diversity, genetic relationship, population structure and its differentiation from the cultivated *G. barbadense* varieties from the Uzbekistan cotton germplasm collection;

determination of linkage disequilibrium (size of recombination blocks) for the cultivated *G. barbadense* L. genome using DNA markers and determining the appropriate method of association mapping based on the level of the LD, the population structure and phylogeny;

evaluation and genetic analysis of selected fiber traits of cultivated *G. barbadense* varieties. Identification of marker loci significantly associated with fiber quality QTLs and other traits. Mapping of the main fiber traits on the basis of a new strategy for the association mapping;

determination of chromosomes and chromosomal localization of markers associated with fiber quality QTLs and other characteristics, and their integration with the international integrated genetic map of tetraploid cotton;

identification of genes located near the trait-associated markers.

Object of study. Long staple cotton (*G. barbadense*) accessions of different geographical origin of the world collection of cotton preserved at the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology, Academy of Sciences of Uzbekistan.

Subject of study. The subject of the study are: molecular genetic diversity, population structure and genetic loci associated with fiber quality traits and other valuable economic traits.

Research methods. The study used the classical methods of genetics and breeding of cotton, as well as modern approaches of molecular genetics and genomics, statistics and bioinformatics.

Scientific novelty of the research is as follows:

assessment of the diversity of a large sample of 288 *G. barbadense* accessions from the cotton germplasm collection of Uzbekistan in two independent eco-geographical conditions (Uzbekistan and the United States) on a range of valuable economic traits;

ecotypes identified with the greatest stability on interesting features in the various eco-geographical conditions of growth, as well as combining the best features of several indicators of fiber quality and valuable morphological and biological parameters in Uzbekistan, and the United States.

studied the molecular-genetic diversity of *G. barbadense* accessions using SSR markers and identified informative microsatellite marker loci to analyze the genome of cultured representatives of the *G. barbadense*;

revealed the amount of variability and distribution of allele frequencies of SSR marker loci in cultivated *G. barbadense* germplasm.

studied the genetic diversity at the level of DNA marker loci;

identified the genetic distance, genetic variation and phylogenetic relationships of cultivated accessions of the collection

determined the genetic structure of a population cultivated of *G. barbadense* varieties;

investigated and determined the genetic structure and genetic differentiation of populations of worldwide *G. barbadense* L. germplasm collection and the most genetically diverse ecotypes identified.

studied and defined and intrapopulation interpopulation genetic differentiation;

assessment of linkage disequilibrium and its decay in the genome of the cultivated *G. barbadense* species was done;

an associative mapping of valuable traits using germplasm resources of cultivated *G. barbadense* and found a trait-associated markers have retained a strong association with the fiber traits as in Uzbekistan, and the United States;

verified an integrated genetic map of tetraploid cotton, defined the distance between the new and already well-known trait-associated markers, determined more precisely the location of some QTLs for agronomic traits on chromosomes;

first tested method «*in silico* chromosome walking» using complex computer analysis, which revealed a sequences near the SSR marker loci, homologous genes causes the manifestation of some marker-associated traits.

Practical results of the study are as follows: identified the most informative markers, it is recommended to use when working on the molecular characterization, determination of genetic distance, evolution and phylogeny in a population of cultivated germplasm representatives of *G. barbadense*, as well as for

association mapping of not yet been studied valuable traits for further use in the MAS.

Identified the mean nonequilibrium blocks and their decay in the genome of *G. barbadense* is recommended for the determination of markers necessary for gene mapping and precise design of experiments on association mapping of cotton germplasm;

Markers showed a significant association with fiber traits and other valuable features are recommended for widespread use in the programs of the MAS among different germplasm;

Results of research, experimental design, genomic and bioinformatics approaches used in this work, it is advisable to include in the curriculum at the training of scientists of Research Institutions, used as a guide for future research in the field of genomics and molecular genetics, and also used as a teaching material in the educational process at undergraduate and postgraduate stages in the relevant departments of universities;

The validity of the results is confirmed by the use of modern, complementary molecular genetic approaches; obtained data were processed by classical statistics, parametric and nonparametric tests; analyzed using factor analysis, principal component analysis, univariate and multivariate analysis of variance (ANOVA) and analysis of molecular variation (AMOVA); the Bonferroni correction and Bayesian methods were applied; Modern approaches used generalized linear models (GLM) and mixed linear models (MLM); used modern statistical packages and bioinformatic programs.

Theoretical and practical significance of the results. Experimental and methodological approaches in molecular mapping of useful loci of the cotton genome on the basis of DNA markers used in this study will accelerate the study of other complex quantitative traits of cotton and their genes, and will develop a new direction for mapping the genome of poorly known *G. barbadense* in the world of science and Uzbekistan.

Evaluation and knowledge of linkage disequilibrium in the genome of cotton makes it possible to determine the minimum number of DNA markers needed for effective MAS program. Since SSR markers have found a significant association with the loci responsible for the cotton fiber traits, they can serve as a valuable tool in breeding to transfer these loci by MAS methods to elite varieties of cotton, which have a variety of other useful features that will be of great economic and ecological importance. Identified SSR markers can be used as probes in hybridization experiments in positional cloning of cotton fiber quality genes from BAC genomic libraries. Updated the reference genetic map with certain regions of the localization of valuable traits is important for studying the processes of recombination, the definition of "hot spots" of the genome, transfer and retention of complex traits, to identify the genes causing interested traits and functional analysis. Research materials can be used in the scientific and educational process when creating a course of lectures for students of biological specialties.

Implementation of the research results. Theoretical and practical approaches and developed methodology presented in the dissertation have been

used in the framework of the project "*In situ* / On farm conservation and use of agricultural biodiversity in Central Asia" (2009-2013 with support from the Global Environment Facility (GEF) and the United Nations Environment Program (UNEP);

theoretical and methodological approaches presented in the thesis used by American researchers in the framework of the project "Conservation, Genetic Analyses, and Utilization of Cotton Genetic Resources " (2013-2018) supported by the US Department of Agriculture (USDA- Agricultural Research Service) registration № 3096-21000-019-02;

the information on genotypes is used in interdepartmental project PZ-2014-0909182632 to establish a national information system on the gene pool of cotton. Developed panel of trait-associated DNA markers is currently used by specialists of the Center of Genomics and Bioinformatics to create lines and cotton varieties by MAS.

Work approbation. Results of dissertation approved at: «ICGI-International Cotton Genome Initiative» held in Wuhan, China in 2014; "Workshop on Dynamics of Ecosystems and Environment in Central Asia" held in Shenzhen, China in 2014; Republican scientific-practical conference "Seleciyava urugchilik buyicha ilmy tadqiqotlarni Tashkil etishning muxim yunalishlari" Agrarian University, Tashkent, in 2013; «Molecular Mapping & Marker Assisted Selection» organized by the Vienna International Association for the Study of plants (VIPCA) held in Vienna, Austria in 2012; «UZ-US Life Sciences Collaboration: Defining the Opportunities» supported by the AAAS in Tashkent in 2012; International scientific-practical conference "Conservation and sustainable use of biodiversity of fruit crops and their wild relatives", Tashkent, 2011; «ICGI-International Cotton Genome Initiative» held in Canberra, Australia, in 2010; «Cotton World Germplasm diversity – a basis of fundamental and applied research», held in Tashkent in 2010; Republican scientific conference "Looking young scientists on actual problems of science", Tashkent, 2010.

Publication of the results. Primary results of research publisher in 37 scientific publications, including 2 international monographs, 4 international articles, 13 articles in local journals, 18 abstracts at international and national conferences.

Volume and structure of the dissertation. Thesis written in Russian on 207 type written pages and consists of a literature review, materials and methods, results and discussion, conclusions, recommendations, as well as 30 tables, 23 figures and 23 supplementals. List of used literature includes 627 titles, 601 of them are the work of foreign authors.

THE MAIN CONTENTS OF THE THESIS

In the introduction the relevance of the theme, articulated the purpose and objectives of the thesis, its scientific novelty, scientific and practical significance of the study results, formulated regulations for the defense, justification is given for practical implementation of the results of research.

In the first chapter of the thesis reveals the history, origin, characteristics and genetic diversity of *G. barbadense* species. Problems and prospects of potential long-staple cotton in improving cotton breeding programs, the study of its genetic diversity, genetic mapping of complex agriculturally valuable traits of cotton, the methodology and the concept of association mapping studies of linkage disequilibrium, its decay and practical application of the association mapping based on linkage disequilibrium in plants . Tasks to involve genetic potential of long-staple cotton in to breeding programs.

The second chapter of the thesis describes the materials and methods.

In the third chapter **“Morphological and geographical characteristics, correlation and variability of fiber quality traits in *G. barbadense* varieties, depending on growth conditions”** of the thesis presented the following results:

The estimation of the geographical diversity of 288 samples of *G. barbadense* is given. Germplasm accession swere statistically evaluated on 18 morphological characteristics and resistance to *Fusarium* wilt. The studied characteristics and descriptive statistical results are presented in Table 1.

Table 1.
Statistical data of the morphological characters* among 288 accessions of *G. barbadense*.

Trait	aver. Min**	aver. Max**	Mean	SD	SE	t	P	95% confidence interval	
								lower	upper
Plant height	50,33	235,00	113,36	32,13	2,28	49,77	0,00	108,87	117,86
HS	3,67	9,40	5,83	1,02	0,07	80,67	0,00	5,68	5,97
Monopodia	1,00	5,00	1,78	0,74	0,06	32,04	0,00	1,67	1,89
Sympodia	10,00	35,67	21,50	5,02	0,36	60,39	0,00	20,79	22,20
Nod number	14,33	44,80	27,47	5,23	0,37	74,05	0,00	26,74	28,20
Ball shape	1,00	5,00	2,86	0,84	0,06	48,33	0,00	2,75	2,98
Locule number	3,30	5,00	3,45	0,22	0,02	222,15	0,00	3,41	3,48
Ball number	8,00	93,33	35,28	11,40	0,81	43,67	0,00	33,69	36,88
Logging	0,00	1,00	0,28	0,43	0,03	8,07	0,00	0,21	0,34
Lobe number	3,40	5,00	3,51	0,11	0,01	456,91	0,00	3,49	3,52
Leaf shape	1,00	4,00	2,52	0,65	0,05	52,04	0,00	2,42	2,62
Branch type	1,00	3,00	2,48	0,73	0,07	36,05	0,00	2,34	2,62
Petal spot	1,00	2,00	1,39	0,48	0,05	27,12	0,00	1,29	1,49
Uniformity	1,00	2,00	1,09	0,27	0,03	37,46	0,00	1,03	1,15
Antocyan	0,00	3,00	1,00	0,67	0,06	16,81	0,00	0,89	1,12
Pubescence	1,00	7,00	1,31	1,03	0,09	14,24	0,00	1,13	1,49
Branch shape	3,00	5,00	3,76	0,92	0,08	45,90	0,00	3,60	3,93
Total ball number	8,00	93,33	32,86	11,22	0,66	49,97	0,00	31,56	34,15
Wilt resistance	0,00	4,00	1,91	0,59	0,03	55,79	0,00	1,85	1,98

*- The table presents both quantitative and qualitative features. For qualitative characteristics (ball shape, leaf, bush, pubescence, logging, etc.) in the table indicated the values that are assigned on the basis of the developed in accordance with international standards of coding [33].

** - each sample grown in randomized blocks, 4 blocks of 10 plants in the block after the summation calculations in the blocks determined average values.

Table 2. Correlation of morphological characters in long staple cotton accessions, depending on the geographical origin

Uzbekistan/Africa†	Uzbekistan/Turkmenistan	Uzbekistan/US	US/ Turkmenistan
Plant height (z=3,4023***)	hs (z=4,1536***)	Logging (z=3,2842***)	hs (z=3,3484***)
Logging (z=2,9682*)	Ballshape (z=3,8275***)	Leaf shape (z=4,2236***)	Petal spot (z=2,7835**)
Leafshape (z=5,3513***)	Logging (z=3,1349***)	Branch type (z=4,2236***)	
Branchtype (z=5,3513***)	Leaf shape (z=4,3062***)	Petal spot (z=4,0861**)	
Petal spot (z=4,1373***)	Branch type (z=4,3062***)	Uniformity(z=3,0730**)	
Uniformity (z=3,0712**)	Petal spot (z=2,5375**)		
	Uniformity(z=3,7068***)		

†For simplicity, all the samples data from African countries were integrated into the group "Africa"; The characteristic values are significantly different if the value * - $z > 1,9600$; ** - $Z > 2,9352$; *** - $Z > 3,0381$ (at alpha = 0.05). Values of $p = 0.05$, $p = 0,01$, $p = 0,001$, $p = 0,0001$ correspond to critical value = 1.96 z , $z = 2,17$, $z = 2.58$ and $z = 3,28$ respectively

Table 3. Results of the correlation analysis (Pearson) of morphological and phenotypic traits of *G. barbadense* L accessions

	Plant height	HS	Monopod	Sympodia	Node number	Ball shape	Locule number	Ball number	Logging	Lobe number	Leaf shape	Branch type	Petal spot	Uniformity.	Antocyan	Pubescence	Bush shape
Plant height	1																
HS	0,341(**)	1															
Monopod	-0,02	0,165(*)	1														
Sympodia	0,715(**)	0,191(**)	0,03	1													
Node number	0,725(**)	0,387(**)	0,15(*)	0,967(**)	1												
Ball shape	0,011	-0,098	0,03	0,128	0,098	1											
Locule number	0,024	0,027	0,01	0,012	0,031	-0,267(**)	1										
Ball number	0,097	0,099	0,05	0,108	0,153(*)	0,026	-0,11	1									
Logging	0,181(*)	-0,045	0,03	0,063	0,068	-0,055	-0,1	-0,107	1								
Lobe number	0,021	0,017	0,02	-0,059	-0,041	-0,162(*)	0,59(**)	0,029	0,052	1							
Leaf shape	-0,160(*)	0,054	0,02	-0,263(**)	-0,251(**)	0,016	-0,06	0,131	-0,292(**)	-0,055	1						
Branch type	0,233(*)	0,250(**)	0,01	0,259(**)	0,293(**)	0,311(**)	-0,34(**)	-0,237(*)	0,439(**)	-0,198(*)	-0,302(**)	1					
Petal spot	0,299(**)	0,066	0,08	0,096	0,126	0,214(*)	0,03	-0,405(**)	0,587(**)	0,068	-0,602(**)	0,603(**)	1				
Uniformity	0,122	0,088	0,29(**)	0,270(*)	0,301(**)	-0,134	0,23 (*)	-0,21	-0,241(*)	-0,033	0,013	-0,347(**)	-0,259(*)	1			
Antocyan	0,064	-0,03	-0,16	-0,021	-0,02	-0,124	0,06	0,096	-0,051	0,136	0,058	-0,055	0,1	0,03	1		
Pubescence	-0,047	-0,01	-0,03	-0,03	-0,023	-0,162	0,72 (**)	-0,096	-0,215(*)	0,501(**)	0,016	-0,320(**)	-0,01	0,14	0,19(*)	1	
Bush shape	0,201(*)	0,211(*)	0,02	0,293(**)	0,270(**)	0,09	0,04	-0,240(**)	-0,349(**)	-0,082	0,034	0,076	-0,155	0,03	-0,09	0,07	1
Wilt resistance	0,1	-0,037	0,12	0,109	0,111	0,09	0,05	-0,116	-0,069	0,108	-0,309(**)	0,09	0,083	0,26(*)	-0,05	0,02	0,02
Geographic origin	-0,239(**)	-0,045	-0,10	-0,123	-0,13	0,168(*)	0,03	0,075	-0,232(**)	0,015	0,362(**)	-0,245(**)	-0,355(**)	0,01	-0,02	0,06	0,04

* Correlation is significant at $p = 0.05$; ** Correlation is significant at $p = 0.001$

Correlation of morphological traits. ANOVA revealed both positive and negative correlation among several morphological and phenotypic parameters (HS, plant height, leaf shape, logging, homogeneity, presence of petal spots, branch type, and the shape of the ball). The greatest number of positive correlation was found in accessions from Uzbekistan and Turkmenistan (Table. 2 and Table 3).

Evaluation of fiber traits. By HVI method were statistically evaluated 4 main fiber traits of germplasm accessions grown in two different eco-geographical conditions. Descriptive statistics of fiber traits for two countries is presented in Table. 4. Comparison of fiber traits among *G.barbadense* accessions from the four major geographical groups (Uzbekistan, Turkmenistan, the United States and Africa) in Uzbekistan and the United States environments is presented in Table. 5.

Table 4.

Descriptive statistics of fiber traits among 288 *G.barbadense* accessions in Uzbekistan and the United States environments

	Amount	(\bar{X})	Min.	25Q	Median	75Q	Max.	10%	90%	SD	CV
Uzbekistan											
Micronaire†	247	4.25	3.0	3.9	4.3	4.6	6.3	3.6	4.9	0.51	12.22
Strength	247	38.81	26.4	37.4	38.8	40.4	49.3	35.7	42.3	2.95	7.62
Length*	247	1.30	0.95	1.26	1.32	1.36	1.5	1.19	1.4	0.08	6.51
Uniformity*	247	84.74	78.9	83.8	84.8	85.9	88.6	82.7	86.6	1.60	1.89
USA											
Micronaire	278	4.06	2.6	3.7	4.1	4.4	5.3	3.4	4.6	0.46	11.45
Strength	278	36.50	26.7	34.9	36.4	38.1	43.7	33.6	40.1	2.61	7.16
Length	278	1.36	1.0	1.32	1.36	1.41	1.58	1.26	1.45	0.08	6.04
Uniformity	278	87.30	81.6	86.5	87.5	88.3	90.0	85.5	89.0	1.42	1.63

† characteristics and fineness of the cotton fiber maturity determined by the air permeability of the fiber sample, expressed as an index; * Length of HVI according to the standards specified in inches (1 inch = 25.4 mm); ** Percentage of the average fiber length to the average upper length

Table 5.

Comparison of fiber traits among various geographical groups of *G.barbadense* accessions assessed in Uzbekistan and the United States environments

	Micronaire		Strength		Length		Uniformity	
	Uzb.	US	Uzb.	US	Uzb.	US	Uzb.	US
Africa	\bar{X} =4.26	\bar{X} =4.1	\bar{X} =37.85	\bar{X} =36.01	\bar{X} =1.29	\bar{X} =1.35	\bar{X} =84.30	\bar{X} =87.1
	S=0.59	S=0.44	S=3.77	S=3.21	S=0.10	S=0.11	S=1.91	S=1.72
Uzbekistan	\bar{X} =4.31	\bar{X} =4.1	\bar{X} =39.08	\bar{X} =36.78	\bar{X} =1.31	\bar{X} =1.36	\bar{X} =84.89	\bar{X} =87.3
	S=0.49	S=0.49	S=2.44	S=2.09	S=0.08	S=0.07	S=1.52	S=1.17
US	\bar{X} =4.38	\bar{X} =4.0	\bar{X} =38.39	\bar{X} =36.83	\bar{X} =1.28	\bar{X} =1.35	\bar{X} =83.66	\bar{X} =87.2
	S=0.64	S=0.44	S=3.09	S=2.09	S=0.07	S=0.07	S=2.13	S=0.80
Turkmenistan	\bar{X} =4.18	\bar{X} =4.0	\bar{X} =38.57	\bar{X} =36.32	\bar{X} =1.31	\bar{X} =1.36	\bar{X} =84.77	\bar{X} =87.3
	S=0.51	S=0.47	S=3.11	S=3.01	S=0.09	S=0.09	S=1.57	S=1.61

* Correlation is significant at p = 0.05; ** Correlation is significant at p = 0.001

Fiber traits correlations. The correlation analysis of the fiber traits in Uzbekistan and United States environments showed the presence of positive and negative relationships between the characters studied (Tab. 6 and Table 7).

Table 6.
Advanced correlation study between fiber traits of 288 cotton accessions in Uzbekistan (Tashkent)

	MIC	STR	LEN	UNF	SFI	ELY	CG	RD
MIC	1							
STR	-0.258**	1						
LEN	-0.560**	0.505**	1					
UNF	-0.297**	0.634**	0.610**	1				
SFI	0.272**	-0.604**	-0.66**	-0.78**	1			
ELY	0.211**	-0.291**	-0.148*	-0.156*	0.004	1		
CG	-0.035	-0.08	-0.058	-0.049	0.097	0.054	1	
RD	-0.125*	-0.03	0.087	0.042	0.002	-0.212**	-0.174**	1
+b	0.091	0.109	-0.023	0.022	-0.079	0.198**	0.047	-0.758**

* Correlation is significant at a value $r \leq 0.05$; ** Correlation is significant at a value $r \leq 0.001$; ELY - Elongation (defined as the total elongation at break expressed as a percentage of initial length); MIC - micronaire, STR - Strength, LEN - length, UNF - uniformity, SFI index of short fibers; CG - grade of quality; RD - reflectance, + b - yellowness.

Table 7.
Correlation analysis between fiber traits of 288 cotton accessions in the United States (California) environment

	MIC	STR	LEN	UNF
MIC	1			
STR	-0.068	1		
LEN	-0.427 (**)	0.155(*)	1	
UNF	-0.241 (**)	0.219 (**)	0.774(**)	1

Analysis of variance (ANOVA) of fiber traits and identify the most stable accessions. The exact pattern of variability of fiber traits depending on the growth conditions determined on the basis of one-way ANOVA revealed the differences between these groups. Revealed a strict dependence of fibers traits from growing conditions (Tab. 8).

Table 8.

Results of analysis of variance ¹ of fiber traits depending on the growth in Uzbekistan and the United States

	MIC	STR	LEN	LEN
χ²;	18.84;	97.10;	57.62;	244.92;
p-value	0.000014	0.000000	0.000000	0.000000
F-Ratio;	23.15;	94.15;	57.88;	390.55;
p-value	0.000002*	0.000000*	0.000000*	0.000000*
Power (α =0,05)	0.9977	1	1	1
SS country	5.61	724.10	0.397	892.66
SS S(A)	131.51	4176.40	3.726	1241.13
MS country	5.61	724.10	0.397	892.66
MS S(A)	0.24	7.69	6.86E-03	2.28
SS Total	137.12	4900.51	4.123	2133.79
DF country	1	1	1	1
DF S(A)	574	574	574	574

1 -to determine the statistical significance the F value used for reliable level of α = 0,05.

* -values are significant at α = 0,05

According to the results, the values of micronaire, length, strength and uniformity significantly differed between the two growth conditions.

At the same time, the study allowed to determine accessions remains practically identical results regardless of the growth conditions (Tab. 9).

Table 9.

Samples having a strong stability in Uzbekistan and US

Trait	Number of accessions	Value
STR	92	>37g/tex
MIC	41	≥3.7≤4.2
LEN	9	≥1.5 inch
UNF	7	>87%
Combination of all traits	7	

In the forth chapter, "**The level of polymorphism, molecular-genetic diversity, population structure and phylogeny of cultivated cotton varieties**" provides detailed information on the results of complex molecular-genetic analysis.

The level of genetic diversity and polymorphism of SSR markers. In total, we have been used 750 SSR primer. From these markers, 108 (14%) were found to be polymorphic among *G.barbadense* germplasm. Number of loci ranged from 2 to 5 with an average value of 3.5 for one SSR. In this study 60 (55%) were multilocus marker (3 or more loci), the majority of loci (81%) was represented by two or three alleles (Table. 10).

Table 10.**Distribution of the number of loci among the 108 SSR markers**

Number of SSRs	Alleles	Number of loci
48	2	96
40	3	120
15	4	60
5	5	25
Общее: 108		301

Having assessed the polymorphic information content (PIC) among the markers, we found that the average value of the information content was $PIC = 0.29$ ($SD = 0.16$). Analysis of the distribution of frequencies of polymorphic alleles showed that the average frequency of alleles was 0.424 ($SD = 0.33$) with the minimum and maximum values of 0.02 and 0.996, respectively. Of 301 identified allelic marker locus 66 (~ 22%) had a few (minor) alleles, the frequency of occurrence of which turned out to be $\leq 5\%$ of the population. Minimum, maximum and average values of minor allele frequency was 0.02, 0.05 and 0.028 ($SD = 0.014$), respectively. Identified rare marker alleles occurred in 138 (~ 48%) accessions. Conducted an extensive analysis of the Uzbek collection *G. barbadense* has revealed the average value of the genetic diversity of all SSR loci, which amounted to 0.33, but varied in a fairly wide range of 0.02 to 0.71, indicating that there is sufficient capacity for the MAS.

Phylogeny of cultivated long-staple cotton germplasm. The average value of genetic distance between accessions proved to be significant and was 0.19 ($SD = 0.11$), while the smallest and largest distances of 0.01 and 0.67, respectively. Phylogenetic tree constructed by UPGMA (Fig. 1).

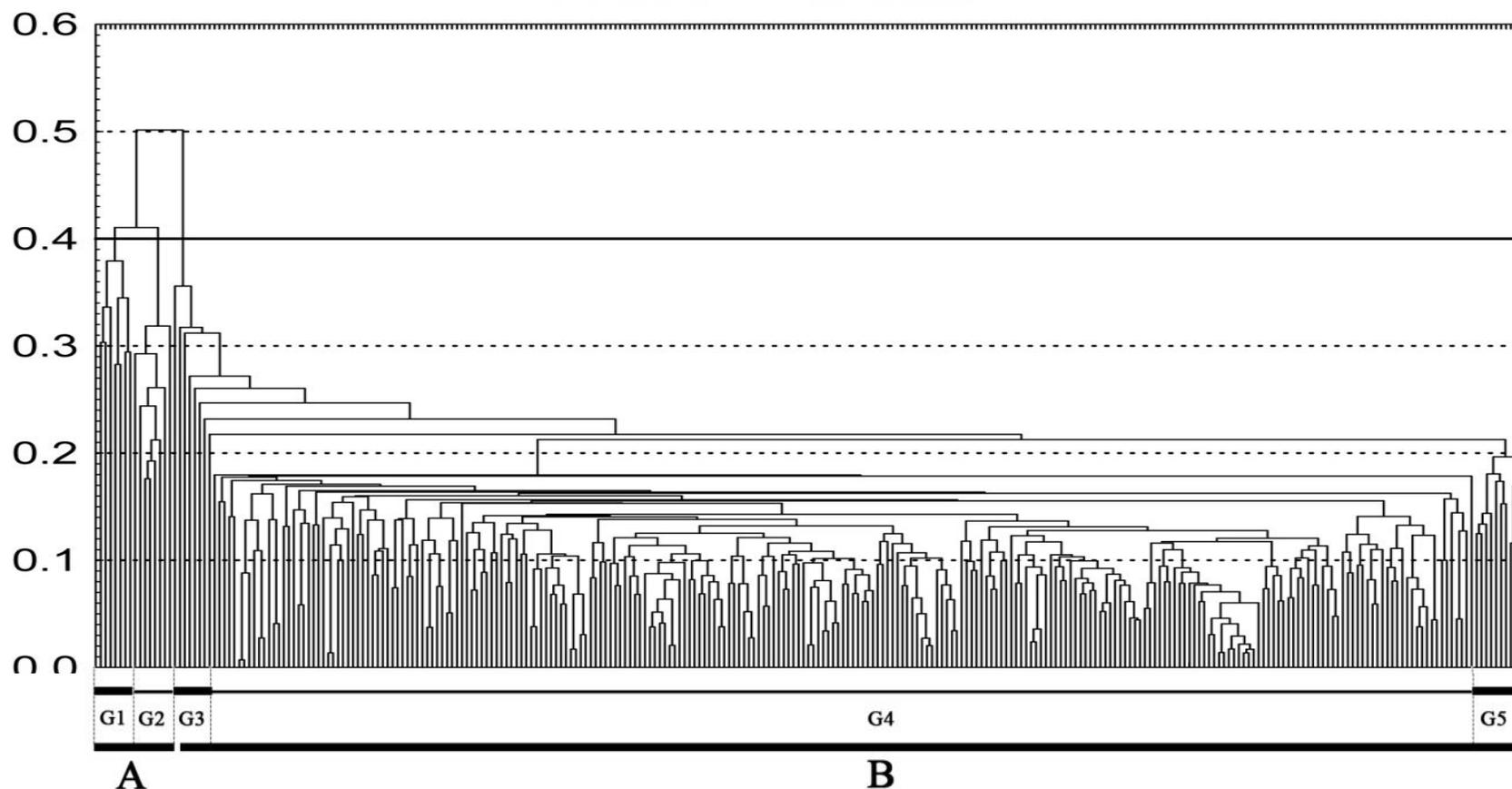


Figure 1. The UPGMA dendrogram of 288 *G. barbadense* accessions, constructed using the genotype of 301 polymorphic SSR locus. Horizontal lines denote thresholds of genetic distances. Below are listed the different groups and subgroups. Groups A and B are obtained on the basis of differences in > 50%, whereas subgroup G1, G2 and G3 obtained based on the upper boundary distinctions in 40%, and the subgroups G5 and G4 - the upper bound of 20%.

resulted in two main groups «A» and «B», the threshold of the genetic distance between them was > 50%, as well as 5 clearly distinct subgroups.

In addition, due to the presence of rare alleles and the presence of a large number of allelic combinations, we were able to differentiate the accessions of ecotypes, ie to identify the geographical origin of more than 90% of the samples.

Molecular diversity and kinship structure of the G. barbadense panel. Multidimensional Scaling (component analysis). In order to confirm the phylogenetic analysis and determination of population structure analysis of the principal components of SSR marker data was carried out, thus reducing the dimensionality of data and to display them in a "two-dimensional" space, unlike phylograms above, it is more clearly reflected the grouping of samples and differences at the genetic level. As a result of component analysis, it is determined that the first 13 components explained 51% of variations, while the first and second principal components explain 20% of the genetic variation in the population. The first principal component (PC1) explains 15% of the variance, and clearly delineates the population into two subpopulations of large and small (Fig. 2). The second principal component (PC2) causes a 5% dispersion of 273 samples split into two main subpopulations overlapping subgroups conventionally designated as Group A and Group B. Group A includes 108 accessions, where most represented varieties from Uzbekistan - 81 (75%) of the sample group B comprises 165 accessions, where the majority of genotypes are varieties of Turkmenistan - 99 (60%) (Fig. 2, Table. 11).

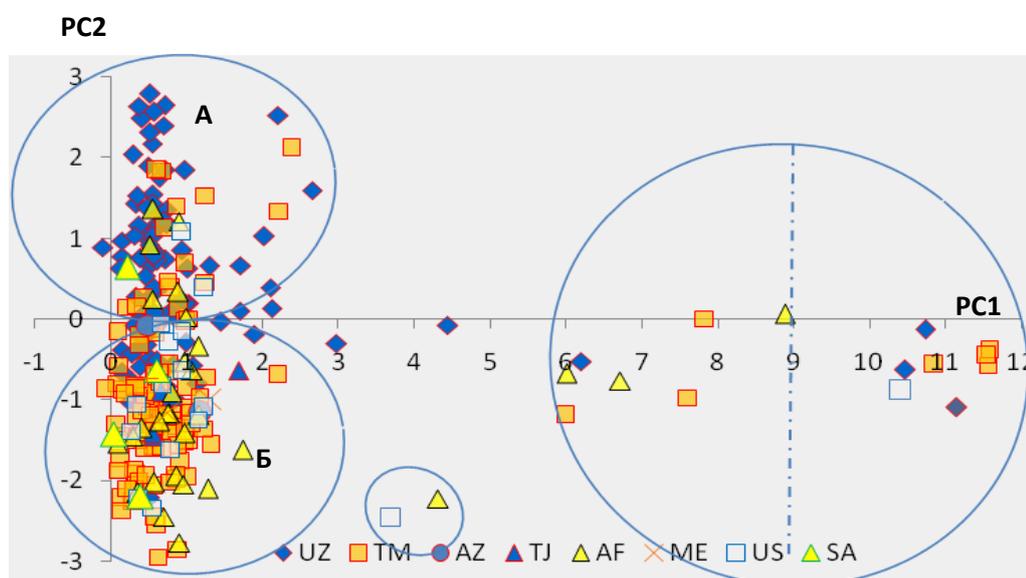


Figure 2. Principal component analysis, of 288 *G. barbadense* accessions in the space of two main coordinate jointly by SSR genotypes. PC - the main components; A and B - 1 genetic subpopulation subgroup represented in the majority of varieties of Uzbekistan and Turkmenistan, respectively (see. Explanation in the text). Small circle marked genetically isolated African accessions belonging to subgroup B. big circle isolated subpopulation 2, represented by the most genetically differentiated samples. UZ - Uzbekistan, TM - Turkmenistan, TJ - Tajikistan, AF - Africa, US - US, SA - South America.

Table 11.

Differentiation of 288 *G.barbadense* accessions based on genetic analysis and principal component analysis

	Subpopulation 1		Subpopulation2
	Subgroup A	SubgroupB	
Uzbekistan	81	24	4
Turkmenistan	17	99	7
US	3	11	1
Africa	6	25	3
other	1	6	-
Total:	108	165	15

Structural analysis. For greater reliability of the results, we conducted a further assessment of the genetic structure of populations using Bayesian method of cluster analysis in the program STRUCTURE. It revealed the presence of at least two subpopulations - small and large (Fig. 3, K2), whose share in the total population of germplasm was 5.2% and 94.8%, respectively.

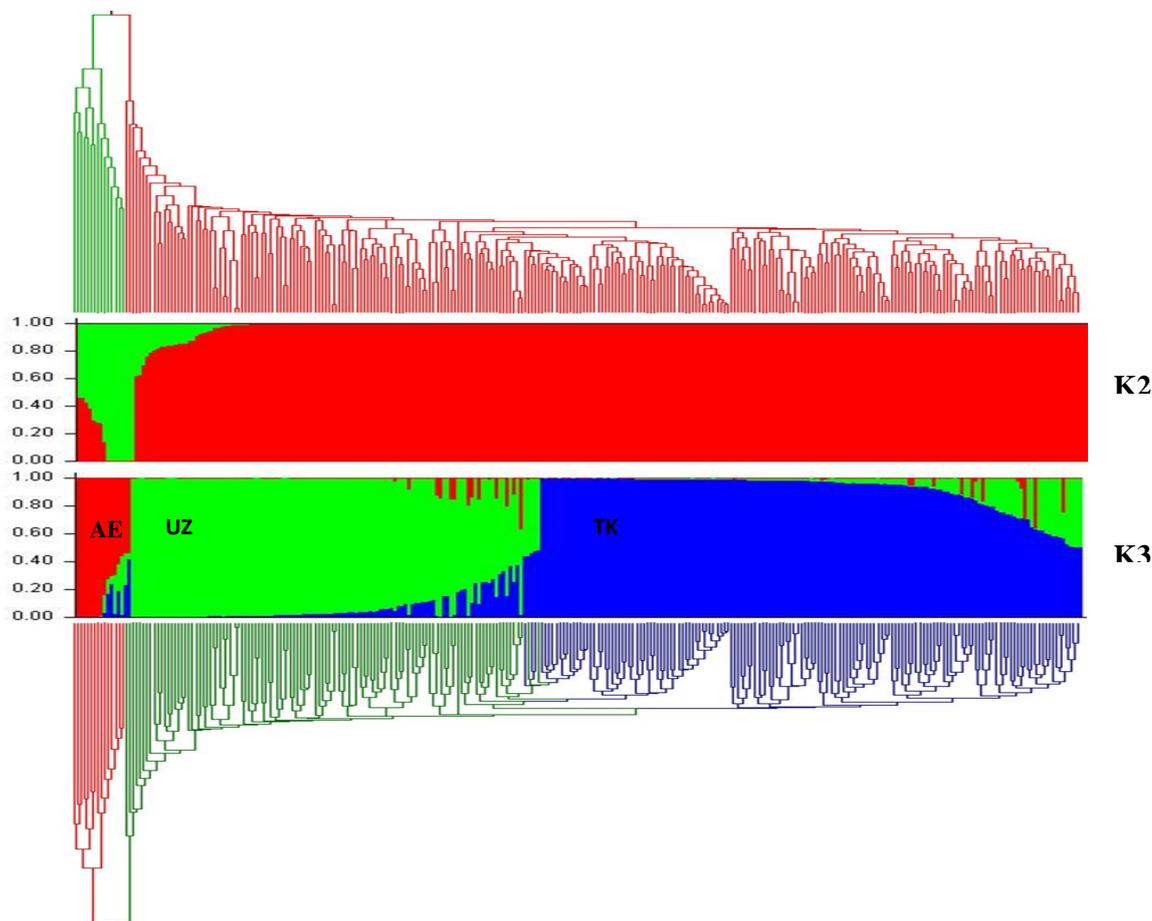


Figure 3. A graphical representation of the population structure of 288 *G.barbadense* germplasm accessions revealed by STRUCTURE with the imposition of a phylogenetic tree. K2 - the division into two subpopulations: a small (green) and large (red). K3 - further expansion of large subpopulation on ecotypes (consistent with the results shown in Figure 4.1). AE -Egyptian and American genotypes, UZ and TK - .Egyptian-American genotypes with the division on the Uzbek and Turkmen ecotypes.

Further expansion of the total population has allowed differentiated into three subpopulations, where a small cluster remained unchanged (5.2%), and a large cluster has formed two sub-population represented 37.5% and 57.3% of accessions, respectively (Fig. 3, K3). Structured population of 288 accessions long-staple cotton is consistent with the phylogenetic analysis, which was confirmed by the imposition of the dendrogram to Q-matrix (Fig. 3). Accessions, based on the genetic profile, clearly divided into samples of Egyptian-American, Uzbek and Turkmen ecotypes.

Analysis of molecular variation (AMOVA). To assess the genetic differentiation among and within predefined ecotypes, we also analyzed the Wright's index F_{st} (fixation index) using AMOVA. Results of the analysis of differentiation among the groups were significant ($r \leq 0.001$), so 67.2% of the total genetic variation found within subpopulations, while the genetic variation between the predefined groups accounted for 32.8% of the total genetic variation (Tab. 12). The total value of the F_{st} was found to be 0.328 ($r \leq 0.001$). Pairwise comparisons F_{st} index between the three groups revealed that the greatest genetic differentiation is present between the African group and the Turkmen group ($F_{st} = 0.58$; $p < 0.001$) (Tab. 13).

Table 12.

The AMOVA results

Source of variation	dF	Sum of squares	Variance components	Percentage of variation	p-value
Among populations	2	1312,320	11.769	32.797	≤ 0.001
Within populations	285	6791.922	24.115	67.203	≤ 0.001
Total	287	8104.242	35.884		

Table 14.

Pairwise comparisons of F_{st} values specific to each ecotype

	Africa	Uzbekistan	Turkmenistan
Africa	0.00000		
Uzbekistan	0.57568	0.00000	
Turkmenistan	0.58432	0.11723	0.00000

In the fifth chapter "**Linkage disequilibrium in the genome of cultivated *G. barbadense* and association mapping of fiber traits**" presented the following results:

It was found that out of 27.252 pairwise combinations of SSR marker loci in the authentic threshold $r^2 \geq 0.05$ $r \leq 0.005$ and 4576 (16.8%) of marker pairs showed significant linkage disequilibrium. By increasing the threshold to substantially higher values $r^2 \geq 0.1$ ($p < 0.001$) and $r^2 \geq 0.2$ ($p < 0.0001$) LD was maintained in 2188 (8%) and 1187 (4.3%) of pairwise combinations of SSR markers,

respectively. To visualize the recombination sites in the genome linear plot of the LD was constructed, where the relationship between a pair of markers shown as D' and p values (Fig. 4). In a linear plot of triangular graph pairwise genome-wide LD between markers revealed significant LD blocks. This information is necessary for the association mapping, if the average distance of LD decay is calculated. Therefore, we have identified the basic dimensions of these blocks in the genome of cultivated long-staple cotton. A measure of linkage disequilibrium (r^2) between a pair of SSR loci in the genome of the cultivated *G. barbadense* germplasm, revealed that the average value of the LD decay at $r^2 \geq 0.05$ equal to 24.8cM (Figure 5).

It is also found that at the higher threshold of $r^2 \geq 0.1$ LD retain an average of distance to 3.36cM, after which the decay of linkage disequilibrium is observed. However, in some areas of the genome with the $r^2 \geq 0.1$ observed maximum value of the LD decay at a distance of 35.7cM.

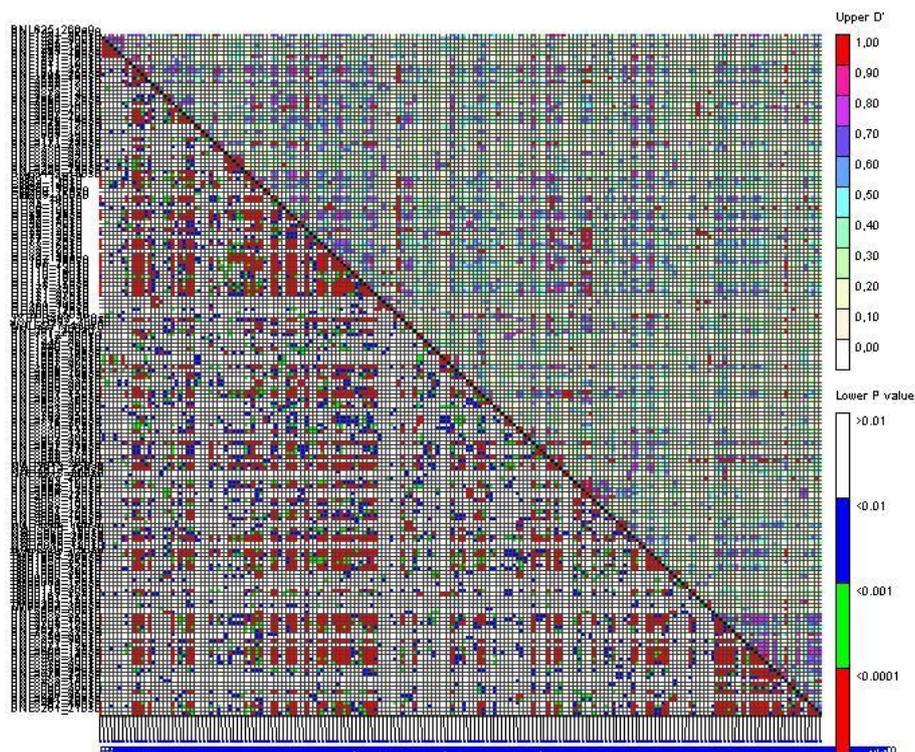


Figure 4. Disequilibrium matrix of polymorphic marker loci in the genome of the cultivated *G. barbadense* germplasm.

Polymorphic marker loci located along the axes X and Y. Pairwise calculation of the LD (D') represented on the diagonal, and diagonal represented by the corresponding values of p (Fisher's exact test). The color values are indicated D' , and p in accordance with the scale of values presented in the right border of the picture.

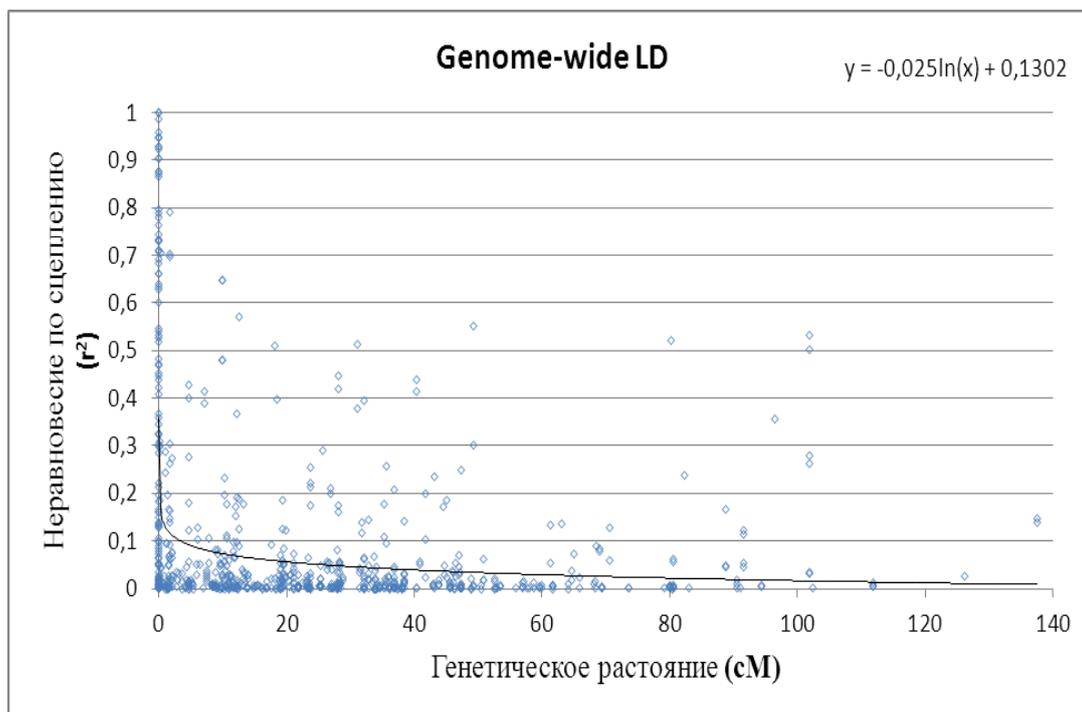


Figure 5. LD decay among 288 *Gossypium barbadense* accessions
 The trend line is designated a non-linear logarithmic regression curve (r^2) depending on the distance. For LD decay takes the values of $r^2 < 0.1$.

Association mapping of fiber traits. By AM we have identified markers that have retained significant association (MLM; $p \leq 0.05$) in both growing conditions. As a result, 100 markers have retained a strong correlation and were identical for the both conditions (Uzbekistan and the United States), of which 22 markers associated with fiber length, 12 - with micronaire, 41 and 25 with the strength and uniformity respectively (Tab. 14).

Table. 14.
Summary of markers to show the connection with the signs of the quality of the fiber as a result of associative mapping (methods of MLM and GLM program TASSEL).

Trait	Number of markers with significant associations *			Markers associated with traits at $BF \leq 0.13$		
	Uzbekistan	US	Common markers**	Uzbekistan	US	Common markers**
Micronaire	30 (2)	28 (2)	12 (2)	9	6 (1)	3
Strength	62 (9)	59 (6)	41 (2)	6	3 (1)	2
Length	31 (6)	36 (7)	22 (5)	10 (1)	2	4
Uniformity	47 (0)	42 (1)	25 (1)	8	5	2
Rd (reflectance)	39 (1)	-	-	12	-	-
b+ (yellowness)	53	-	-	10	-	-
Elongation	23 (2)	-	-	2	-	-
Fiber yield %	-	30 (2)	-	-	2	-

Note: * The table shows the markers that showed a significant association ($P \leq 0.05$) on the basis of MLM analysis 1,000 times permutation. In parentheses is the number of matched SSR markers associated with the described fiber traits, which are reported in other studies; ** The markers showed similar associations (MLM, $P \leq 0.05$) in both conditions. - Evaluation of these parameters in Uzbekistan and the United States have not performed.

Positioning of trait-associated markers on the chromosome map. In total, we have located 210 SSR markers associated with 14 different traits (Table 18). Only on chromosome 7 (A7) was not localized either one marker associated with traits examined in this study, and chromosome 16 (D7) showed no signs of markers associated with fiber. At the other chromosomes, the number of markers detected ranged from 1 (chromosome A2) to 17 (chromosome A6 and D6). The greatest number of markers associated with the fiber traits is determined on chromosome A6 - 12 markers, A10 - 10 markers, D10 - 11 markers, D6 - 13 markers and D12 - 10 markers. In addition, most of the markers associated with strength - 52 which were located on all chromosomes except for chromosome 7 (A7), 8 (A8), 12 (A12) and 16 (D7) (Tab. 15).

Table 18.

Summary table of trait-associated marker loci, by chromosomes

Ch	Traits (number of markers)														Total on Ch
	FL	FS	FM	FU	FY	b+	Rd	FE	SW	BN	PH	HS	S	WR	
A1(Chr.1)	1	2		1		1			1	2	1	1	2	1	13
A2(Chr.2)		1													1
A3(Chr.3)	1	2	2	1											6
A4(Chr.4)		3		1		1	1								6
A5(Chr.5)	1	4		3			1					3	2		14
A6(Chr.6)	1	3		4		2	2		2		1	1	1		17
A7(Chr.7)															0
A8(Chr.8)			1			1	1	1							4
A9(Chr.9)	2	2	1	2	1				1	2					11
A10(Chr.10)	4	3		3										2	12
A11(Chr.11)	3	4		2											9
A12(Chr.12)	1		2	3						1	1				8
A13(Chr.13)	3	3		2							1				9
D1(Chr.15)	2	1		1					1			1		3	9
D2(Chr.14)	1	1													2
D3(Chr.17)		5	1	1										1	8
D4(Chr.22)		3	1	3		1									8
D5(Chr.19)	1	1	2	1					1			1	1		8
D6(Chr.25)	1	2	2	3	1	2	2			2		1	1		17
D7(Chr.16)									1					1	2
D8(Chr.24)	2	2	1	1					1		1				8
D9(Chr.23)		1	1	1	1			1		1					6
D10(Chr.20)	2	3	2	2		1	1								11
D11(Chr.21)	2	2												1	5
D12(Chr.26)	2	3	2	3						1	1				12
D13(Chr.18)	1	1	1								1				4
Total by trait	31	52	19	38	3	9	8	2	8	9	7	8	7	9	210

Abbreviations: FL - The length of the fiber; FS - Strength of fiber; FE - Elongation of the fiber; FM - Micronaire; FY - Fiber Yield; FU - Uniformity; SW - Weight of 1000 seeds; BN Ball number; PH - height of the plant; HS - Height of the first fruit branch; S - Simpodia; WR - Resistance to wilt.

Search for candidate genes located next to trait-associated markers. We investigated the regions surrounding the SSR markers within the 20Mb "above" and "below" marker locus. Thus, the total size of 40Mb regions for each of the identified SSR markers was analyzed by BLASTX search through NCBI. As a result, we have found 17 gene-coding sequences and one pseudogene, located near the markers BNL4003, NAU2913, NAU3306, TMB0161, Gh77, TMB1538, BNL3955, Gh75 (Tab. 19). All identified sequence showed an average 82% match with the annotated genes of genetic database. Thus, near eight SSR markers we have identified 17 genes. Of these, at least 8 genes substantially coincide with the identified marker associations based on a comparison of functions described in the literature.

In the sixth chapter, "**Importance of *G. barbadense* genome studies for breeding of modern cotton varieties**" thoroughly discussed the results of the study compared with previous studies available in the literature, and shows the importance of these results for the development of cotton genomics and improve modern varieties by classic and modern breeding methods.

CONCLUSIONS

1. Evaluated of diversity of 288 *G. barbadense* accessions from the cotton germplasm collection of Uzbekistan in two independent eco-geographical conditions on a range of valuable economic traits. Determined ecotypes, which have the highest stability on interesting traits in the various eco-geographical conditions of growth, as well as combining the best performance of several fiber trait and valuable morphological and biological parameters in Uzbekistan, as well as in the USA environments, which are the first to engage in breeding.

2. Studied molecular-genetic diversity of *G. barbadense* genome using SSR markers. Revealed 108 polymorphic SSR markers amplified 301 marker locus. Number of loci ranged from 2 to 5 with an average value of 3.5 for one locus SSR markers. In a study 60 (55%) proved to multilocus markers (3 or more loci), the majority of loci (81%) were represented by two and three alleles. It is shown that in the germplasm of cultivated *G. barbadense* germplasm there are a large number of new alleles. On the basis of the identified marker a panel is designed to determine the varietal ecotypes and accessions, obtained for each sample a unique genetic profile (DNA barcode).

3. Revealed moderate (~ 33%) total genetic diversity at the level of DNA marker loci ranged over a wide range (0.02-0.71) Identified phylogentic relationship of *G. barbadense* accessions on the basis of genetic distances varying between 0.01 – 0.67, with an average value of 0.19. Identified genetic structure of the population, which is represented by two sub-populations, and several genetic groups within population.

4. The high level of intra-variability (67.2%) and moderate interpopulation differentiation (32.8%) revealed. Very strong genetic differentiation (0.584) was found between Africa subgroup and Turkmen subgroup and between African and Uzbek subgroup (0.575). There is moderate genetic differentiation ($F_{st} =$

0.117) between the Uzbek and Turkmen subgroup. In accessions formation was involved African, African-American and American genotypes. The greatest genetic diversity have found in Turkmen varieties. Clearly traced the genetic isolation of the Uzbek and Turkmen varieties and noted the formation of the Central Asian ecotype.

5. Linkage disequilibrium in the genome of the cultivated *G. barbadense*, at critical values of $r^2 \geq 0.1$ and $r^2 \geq 0.2$ remained at 8% and 4.3% respectively, according to pairwise combinations of SSR markers.

6. LD decay in the *G. barbadense* genome, with a minimum threshold of $r^2 \geq 0.05$ in on average 24.8cM, and at a high threshold of $r^2 \geq 0.1$ LD retained, on average, at a distance of 3.36cM.

7. MLM based association mapping have identified 100 trait-associated markers which retained a strong association with the fiber traits in Uzbekistan, and the United States environments, of which 85 markers identified for the first time. Identified markers are highly associated ($BF \leq 0.15$), both with one and with two or more economically valuable traits in both geographical conditions and are a priority for the MAS program.

8. Specified an integrated genetic map of tetraploid cotton, where determined the distance between the new and already well-known trait-associated markers and determine more precisely the location of some QTLs for agronomic traits on chromosomes.

9. The method of «*in silico* chromosome walking» was tested using complex computer analysis and revealed the sequences of 17 genes near the 8 SSR markers. Of these, at least 8 genes substantially coincide with the identified associations marker indication based on a comparison of functions described in the literature.

СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ

Эълон килинган ишлар руйхати

List of published works

Часть I

1. Abdullaev Alisher A., Ilkhom B. Salakhutdinov, Sharof Sh. Egamberdiev, Zarif Kuryazov, Ludmila A. Glukhova, Azoda T. Adilova, Sofiya M. Rizaeva, Mauricio Ulloa, Ibrokhim Y. Abdurakhmonov Analyses of Fusarium wilt race 3 resistance in Upland cotton. *Genetica*, Springer International Publishing, Switzerland, 2015, 143(3) P. 385-392. (Springer, 11; ResearchGate, 40) Impact Factor -1.40.

2. Abdullaev Alisher, Abdumavlon A. Abdullaev, Ilkhom Salakhutdinov, Sofiya Rizaeva, Zarif Kuryazov, Dilrabo Ernazarova, Ibrokhim Y. Abdurakhmonov. Cotton Germplasm Collection of Uzbekistan. *The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnology*. V7 (Special Issue 2), 2013 Global Science Books. P. 1-15. (03.00.00. №19).

3. Campbell B.T., Saha S., Percy R., Frelichowski J., Park W., Mayee C., Dessauw D., Giband M., Du X., Jia Y., Constable G., Dillon S., Abdurakhmonov I., Abdullaev A., Rizaeva S., Barosso P., Padua J., Hoffmann and Podolna Status of the global cotton germplasm resources. *Crop Sciences* 2010, Vol 50, P. 1161-1179. (ResearchGate, 40) Impact Factor -1.58

4. Abdurakhmonov I., R.J. Kohel, J.Z. Yu, A.E. Pepper, A.A. Abdullaev, F.N. Kushanov, I.B. Salakhutdinov, Z.T. Buriev, S. Saha, B.E. Scheffler, J.N. Jenkins, A. Abdukarimov. Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *Gossypium* germplasm. *Genomics*. 2008. 92(6) P. 478-487. (ResearchGate, 40) Impact Factor -2.28

5. Абдуллаев А., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И, Хуршут Э., Раджабов Ф., Закирова Д., Ризаева С., Абдурахмонов И. Филогенетический анализ и изучение структуры популяции тонковолокнистого хлопчатника. Доклады Академии Наук Республики Узбекистан. - Ташкент. №2, 2015, С.75-79.(03.00.00. №6).

6. Абдуллаев А., Абдурахмонов И. Ассоциативное картирование и оценка неравновесного сцепления. *Узбекский биологический журнал*, 2014, №3, С. 53-61.(03.00.00. №5).

7. Абдуллаев А., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И, Раджабов Ф., Закирова Д., Хуршут Э, Ризаева С., Абдурахмонов И. Молекулярно-генетический анализ представителей коллекции тонковолокнистого хлопчатника. Доклады Академии Наук Республики Узбекистан. - Ташкент. 2014, №1, С. 80-85.(03.00.00. №6).

8. Абдуллаев А., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И., Uolla M., Курязов З., Ризаева С., Абдурахманов И. Молекулярно-генетическая оценка гермплазмы культивируемого тонковолокнистого хлопчатника. Доклады Академии Наук Республики Узбекистан. -Ташкент. 2013, №3, С. 62-65.(03.00.00. №6).

9. Ризаева С., Аманов Б., Каюмов А., Эрناзарова Д., Абдуллаев Ф.,

Арсланов Д., Муминов Х., Абдуллаев А. Оценка сортового разнообразия вида *G. barbadense* по морфобиологическим и хозяйственно-ценным признакам. Узбекский биологический журнал. - Ташкент. 2013, №4, С. 50-52.(03.00.00. №5).

10. Абдуллаев А., Салахутдинов И, Эгамбердиев Ш., Uolla M., Курязов З., Ризаева С., Абдурахманов И. Анализ корреляции параметров волокна у представителей гермплазмы *G. barbadense* в зависимости от условий произрастания. Доклады Академии Наук Республики Узбекистан. - Ташкент. 2013, №1, С. 79-81.(03.00.00. №6).

11. Абдуллаев А., Салахутдинов И, Эгамбердиев Ш., Курязов З., Ризаева С., Абдурахманов И. Анализ корреляции морфологических и биологических признаков у представителей гермплазмы *G. barbadense* в зависимости от географического происхождения. Узбекский биологический журнал. - Ташкент. 2013, №2, С. 36-40.(03.00.00. №5).

12. Абдуллаев А.А., И.Б. Салахутдинов, З.Б. Курязов, Ш.Ш. Эгамбердиев, Л.А.Глухова, О.Т. Адылова, Е.В. Брновицкий, С.М. Ризаева, И.Ю. Абдурахмонов, акад. АН РУз А.А. Абдуллаев. Изучение признака устойчивости средневолокнистого хлопчатника (*G. hirsutum*) к фузариозному увяданию (*F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum*) при помощи ДНК маркеров. Доклады Академии Наук Республики Узбекистан. - Ташкент. 2011. №1, С. 89-92.(03.00.00. №6).

13. Якубов Д.И. Абдуллаев А.А., Абдурахмонов И.Ю., Абдукаримов А.А. Влияние 5-хромосомы на цветение и плодоношение хлопчатника *G. hirsutum* Узбекский биологический журнал.- Ташкент. 2008, Спец.выпуск, С.10-13.(03.00.00. №5).

14. Абдуллаев А.А., З.Б. Курязов, Ш.Ш. Эгамбердиев, И.Ю. Абдурахмонов, А. Абдуллаев. Выявление ДНК маркеров признака длины волокна хлопчатника видов *G. barbadense* и *G. hirsutum*. Узбекский биологический журнал. - Ташкент. 2010. №5, С. 41-45.(03.00.00. №5).

15. Abdurakhmonov I.Y., A.A. Abdullaev, Z. Buriev, D. Arslanov, Z. Kuryazov, G.T. Mavlonov, S.M. Rizaeva, U.K. Reddy, J.N. Jenkins, A. Abdullaev and A. Abdukarimov. Simple sequence repeat marker associated with natural leaf defoliation in tetraploid cotton. Journal of Heredity. 2005: 96(6). P. 644-653. (ResearchGate, 40) IF -2.09.

Часть II

16. Abdurakhmonov Ibrokhir Y., Abdullaev Alisher, Zabardast Buriev, Shukhrat Shermatov, Fahridin N. Kushanov, Abdusalom Makamov, Umid Shapulov, Sharof S. Egamberdiev, Ilkhom B. Salakhutdinov, Mirzakamol Ayubov, Mukhtor Darmanov, Azoda T. Adylova, Sofiya M. Rizaeva, Fayzulla Abdullaev, Shadman Namazov, Malohat Khalikova, Hakimjon Saydaliev, Viktor A. Avtonomov, Marina Snamyan, Tillaboy K. Duiesenov, Jura Musaev, Abdumavlyan A. Abdullaev and Abdusattor Abdukarimov. 2014. P. 309. Chapter 11. Book "World Cotton Germplasm Resources" edited by Ibrokhir Y. Abdurakhmonov, ISBN 978-953-51-1622-6. (Монография).

17. Abdurakhmonov Ibrokhim Y., Zabardast T. Buriev, Shukhrat E. Shermatov, Alisher A. Abdullaev, Khurshid Urmonov, Fakhridin Kushanov, Sharof S. Egamberdiev, Umid Shapulatov, Abdusttor Abdukarimov, Sukumar Saha, Johnnie N. Jenkins, Russell J. Kohel, John Z. Yu, Alan E. Pepper, Siva P. Kumpatla and Mauricio Ulloa. Genetic Diversity in *Gossypium* genus, Genetic Diversity in Plants, Prof. Mahmut Caliskan (Ed.). 2012. P. 498. Chapter 16. P. 312-338. ISBN: 978-953-51-0185-7. (Монография).

18. Abdullaev Alisher, Abdumavlon A. Adullaev, X U Yang—cheng, Adil Gafur, LV Zhao—zhi. Collection of *Gossypium* spp. Germplasm of Uzbekistan. Xinjiang Agricultural Sciences 2012, 49(9): P.1600 —1607.

19. Абдуллаев А.А., Салахутдинов И.Б., Эгамбердиев Ш.Ш., Курязов З.Б., Ризаева СМ., Абдурахманов И.Ю. Молекулярный анализ представителей вида *G. barbadense* из генофонда хлопчатника. Материалы республиканской научно-практической конференции «Достижения и перспективы экспериментальной биологии растений». - Ташкент, 21 ноября 2013, С. 173-174.

20. Закирова Д., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И, Раджабов Ф., Абдуллаев А. Использование SSR маркеров для молекулярно-генетической паспортизации хлопчатника. Материалы республиканской научно-практической конференции «Достижения и перспективы экспериментальной биологии растений». - Ташкент, 21 ноября 2013, С. 176-178.

21. Abdullaev Alisher, Ilkhom Salahutdinov, Sharof Egamberdiev, Darya Zakirova, Sofya Rizaeva, Ibrokhim Abdurakhmonov. Analysis of molecular diversity and population structure of *G. barbadense* varieties. Proceedings of ICGI 2014 Conference. - Wuhan, China. 2014 <http://www.cottongen.org/node/1287435>

22. Абдуллаев А., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И., Курязов З., Ризаева С., Абдурахманов И. Изучение молекулярно-генетических и морфологических характеристик представителей гермплазмы *G. barbadense* в зависимости от условия произрастания и географического происхождения. Материалы Республиканской научно-практической конференции «Селекция ва уруғчилик бўйича илмий тадқиқотларни ташкил этишининг муҳим йўналишлари», Аграрный Университет. - Ташкент. 2013, С. 273-275.

23. Abdullaev A., Salahutdinov I., Egamberdiev Sh., Kuryazov Z., Rizaeva S., Abdurakhmonov I. QTL Mapping of Fusarium Wilt Resistance in Upland Cotton (*G. hirsutum*) from Uzbek Cotton Germplasm Resources. VIPCA, International Conference Molecular Mapping & Marker Assisted Selection Programme and Abstracts. - Vienna, Austria 8 - 11 February 2012; P. 57.

24. Абдуллаев Ал. А., Салахутдинов И, Курязов З., Ризаева С., Абдурахманов И., Абдуллаев А. К вопросам информационного управления ресурсами гермоплазмы хлопчатника Узбекистана. Материалы международной научно-практической конференции «Сохранение и устойчивое использование биоразнообразия плодовых культур и их диких сородичей». -Ташкент. 2011. С. 196-197.

25. Абдуллаев А., Ризаева С., Эрназарова З., Курязов З., Эрназарова Д.К., Абдуллаев Ал. А. Биоразнообразие рода *Gossypium* Материалы

международной научно-практической конференции «Сохранение и устойчивое использование биоразнообразия плодовых культур и их диких сородичей». - Ташкент. 2011. С. 156-157.

26. Абдуллаев А.А., Салахутдинов И.Б., Эгамбердиев Ш., Ризаева С.М., Курязов З.Б., Адилова А.Т., Глухова Л.А. Изучение устойчивости к вилту у хлопчатника вида *G. barbadense* в зависимости от географического происхождения.// Республиканская научно-практическая конференция «Достижения генетики и селекции в области скороспелости и устойчивости сельскохозяйственных растений к биотическим и абиотическим факторам среды». - Ташкент, 2011. С. 104-105.

27. Салахутдинов И.Б., Абдуллаев А.А. Влияние условий произрастания на признак вилтоустойчивости и некоторые морфологические признаки средневолокнистого хлопчатника.// Республиканская научно-практическая конференция «Достижения генетики и селекции в области скороспелости и устойчивости сельскохозяйственных растений к биотическим и абиотическим факторам среды». - Ташкент. 2011. С. 145-146.

28. Abdullaev A., Salahutdinov I., Kuryazov Z., Egamberdiev Sh., Yakubov M., Rizaeva S., Adylova A., Abdukarimov A., Ulloa M. and Abdurakhmonov I. Evaluations of Fusarium wilt resistance in Upland cotton from Uzbek cotton germplasm resources. ICGI research conference. 2010. - Canberra, Australia, P. 24

29. Абдуллаев А.А., Салахутдинов И., Курязов З., Эгамбердиев Ш., Ризаева С., Абдурахманов И. Выявление ДНК маркёров и картирование локусов ассоциированных с признаком длины волокна хлопчатника вида *G. barbadense* Материалы международной конференции «Генофонд мирового разнообразия хлопчатника – основа фундаментальных и прикладных исследований», 5-6 Августа 2010г. - Ташкент. С.159-166.

30. Abdullaev A., Abdullaev A, Abdurakhmonov I. *Gossypium spp.* germplasm collection of Uzbekistan. Proceedings of International Conference «Cotton World Germplasm diversity – a basis of fundamental and applied research», August 5-6-th, 2010. - Tashkent. P. 14-24.

31. Abdurakhmonov I., Buriev Z., Shermatov Sh., Abdullaev A., Abdukarimov A. New paradigm for cotton germplasm investigation: association mapping strategy for cotton. Proceedings of International Conference «Cotton World Germplasm diversity – a basis of fundamental and applied research». - Tashkent. August 5-6-th, 2010. P.166-167.

32. Абдуллаев А.А., И. Салахутдинов, З. Курязов, Ш. Эгамбердиев, Абдурахманов И. Выявление ДНК маркеров и картирование локусов ассоциированных с признаком длины волокна хлопчатника вида *G. barbadense* // материалы республиканской научной конференции “Взгляд молодых ученых на актуальные проблемы науки”. - Ташкент. 2010. С. 59-60.

33. Абдуллаев А.А., Салахутдинов И., Курязов З., Эгамбердиев Ш., Ризаева С., Абдурахманов И. Выявление ДНК маркёров и картирование локусов ассоциированных с признаком длины волокна хлопчатника вида *G. barbadense*. Актуальные проблемы развития биоорганической химии.

Международная научная конференция. - Ташкент. 2010. С. 32.

34. Abdumavlyan A. Abdullaev, V. P Klyat, Sofiya M Rizaeva, Alisher A. Abdullaev, and Ibrokhim Y. Abdurakhmonov. Cotton germplasm collection and an updated taxonomy of *Gosypium*. The World Cotton Research Conference-4. - Lubbock, Texas (September 10-14, 2007).

35. Abdurakhmonov IY, Kohel RJ, Saha S, Pepper AE, Yu J, Buriev ZT, Shermatov SE, Abdullaev AA, Kushanov FN, Jenkins JN, Scheffler BE, Abdukarimov A Linkage disequilibrium based association mapping of fiber quality traits in cotton using diverse cotton germplasm from Uzbekistan. In ICGI, Proceedings of the IV International Cotton Genome Initiative, Structural Genomics Session. - Brasilia, Brazil. September 18-20, 2006. Paper No. 7.

36. Abdurakhmonov, I.Y., Kohel, R.J., Saha, S., Pepper, A.E., Yu, J., Buriev, T.Z., Shermatov, S., Abdullaev, A., Jenkins, J.N., Abdukarimov, A. Molecular genetic diversity of *G. hirsutum* cotton accession from Uzbek cotton germplasm revealed by a core set and chromosome specific microsatellite markers. Proceedings of Plant and Animal Genome XIV Conference. - San Diego, California. 2006. Paper No. P131.

Автореферат “Тил ва адабиёт таълими” журнали тахририятида тахрирдан ўтказилди