

ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ ВА ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ УНИВЕРСИТЕТИ
ХУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР БЕРУВЧИ DSc.29.08.2017.B.53.01
РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ

ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

ДАРМАНОВ МУХТОР МУХАММАДОВИЧ

ДНК МАРКЕРЛАРИГА АСОСЛАНГАН СЕЛЕКЦИЯ (МАС)
ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ЯНГИ РАВНАҚ-1 ВА РАВНАҚ-2 ҒҮЗА
НАВЛАРИНИ ЯРАТИШ

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

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

Тошкент – 2018

Фалсафа доктори (PhD) диссертацияси автореферати мундарижаси

Оглавления автореферата диссертации доктора философии (PhD)

Contents of dissertation abstract of doctor of philosophy (PhD)

Дарманов Мухтор Мухаммадович

ДНК маркерларига асосланган селекция (МАС) технологияси ёрдамида янги Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларини яратиш..... 3

Дарманов Мухтор Мухаммадович

Создание новых сортов хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2 с использованием технологии ДНК маркер ассоциированной селекции (MAS) 21

Darmanov Mukhtor Mukhammadovich

Creation of new cotton varieties Ravnaq-1 and Ravnaq-2 using DNA marker assisted selection technology (MAS)..... 39

Эълон қилинган ишлар рўйхати

Список опубликованных работ

List of published works..... 43

ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ БИОЛОГИЯСИ
ИНСТИТУТИ ВА ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ УНИВЕРСИТЕТИ
ХУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР БЕРУВЧИ DSc.29.08.2017.B.53.01
РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ

ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

ДАРМАНОВ МУХТОР МУХАММАДОВИЧ

ДНК МАРКЕРЛАРИГА АСОСЛАНГАН СЕЛЕКЦИЯ (МАС)
ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ЯНГИ РАВНАҚ-1 ВА РАВНАҚ-2 ҒҮЗА
НАВЛАРИНИ ЯРАТИШ

03.00.14 – Геномика, протеомика ва биоинформатика

БИОЛОГИЯ ФАНЛАРИ БЎЙИЧА ФАЛСАФА ДОКТОРИ (PhD)
ДИССЕРТАЦИЯСИ АВТОРЕФЕРАТИ

Тошкент – 2018

Биология фанлари бўйича фалсафа доктори (PhD) диссертацияси мавзуси Ўзбекистон Республикаси Вазирлар Маҳкамаси ҳузуридаги Олий аттестация комиссиясида B2018.2.PhD/B174 рақам билан рўйхатга олинган.

Диссертация Геномика ва биоинформатика марказида амалга оширилди.

Диссертация автореферати уч тилда (ўзбек, рус, инглиз (резюме) илмий кенгаш веб-саҳифаси (www.genetika.uz) манзилига ва ҳамда «ZiyoNet» ахборот-таълим порталиниг www.ziyonet.uz манзилига жойлаштирилган.

Илмий раҳбар:

Абдурахмонов Иброҳим Юлчиевич
биология фанлари доктори, академик

Расмий оппонентлар:

Турдикулова Шахло Уткуровна
биология фанлари доктори

Курбанбаев Илҳам Джуманазарович
биология фанлари доктори

Етакчи ташкилот:

Биоорганик кимё институти

Диссертация ҳимояси Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти, Ўзбекистон Миллий университети, ҳузуридаги DSc.29.08.2017.B.53.01 рақамли Илмий кенгашнинг 2018 йил «_____» куни соат _____ даги мажлисида бўлиб ўтади. (Манзил: 111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-Юз п/б, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти мажлислар зали. Тел.: (+99871) 264-23-90; факс: (+99871) 264-22-30; e-mail: igebr@academy.uz).

Диссертация билан Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти Ахборот-ресурс марказида танишиш мумкин (____ рақами билан рўйхатга олинган). Манзил: 111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-Юз п/б, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти мажлислар зали. Тел.: (+99871) 264-23-90; факс: (+99871) 264-22-30.

Диссертация автореферати 2018 йил «_____» куни тарқатилди.
(2018 йил «_____» даги _____ рақамли реестер баённомаси)

А.А. Нариманов

Илмий даражалар берувчи илмий
кенгаш раиси, қ.-х.ф.д.

С.М. Набиев

Илмий даражалар берувчи илмий
кенгаш илмий котиби, б.ф.н.,
катта илмий ходим

З.Т. Буриев

Илмий даражалар берувчи илмий
кенгаш ҳузуридаги илмий
семинар раиси, б.ф.д.,
катта илмий ходим

КИРИШ (фалсафа доктори (PhD) диссертация аннотацияси)

Диссертация мавзусининг долзарлиги ва зарурати. Дунёда ғўза экиладиган майдонларнинг 95% ни эгаллаган ўрта толали ғўза (*G. hirsutum*) турининг тола сифат кўрсаткичларини яхшилаш дунё ғўза селекцияси дастурининг муҳим муаммоларидан бири ҳисобланади. Бу эса ғўза селекциясига инновацион ишланмаларни, жумладан ДНК маркерларига асосланган селекция (МАС) технологиясини тадбик этган ҳолда янги истиқболли навларни яратишни талаб этади. Шунга кўра, замонавий трансгеномика ва маркерларга асосланган селекция технологиялари ёрдамида генетик такомиллаштирилган қишлоқ хўжалиги экинларини яратиш муҳим аҳамиятга эга.

Жаҳонда ғўзанинг ҳосилдорлик, тола сифат белгилари ва ташқи таъсирларга чидамлилик каби белгиларини яхшилашда ва генларни интрогрессия қилишда ДНК маркерларининг аҳамиятини ўрганишга алоҳида эътибор берилмоқда. Хусусан, ҳозирда селекция жараёнларини қисқартириш ва тола сифати юқори ғўза навларини яратишда муҳим ҳисобланган МАС технологияси янги ғўза навларини яратишнинг замонавий селекцияси асоси сифатида қаралмоқда. МАС технологияси янги навлар яратишда кам вақт талаб қилиши жиҳатидан анъанавий селекция усулларига нисбатан бирмунча самарадорлиги, асосийси яратилаётган навлар фақатгина фенотип бўйича эмас балки генотип бўйича ҳам танлаб борилиши билан муҳим саналади. Бу ўринда, МАС технологиясининг янада бир афзалиги сифатида янги навнинг мослашувчанлик хусусиятлари, барқарорлиги ҳамда чидамлилигини белгиловчи генетик хилма-хиллиги янада кенгайишини алоҳида таъкидлаб ўтиш жоиз. Шу жиҳатдан, ғўзанинг тола сифат белгиларига генетик бириккан ДНК маркерларини танлаб олиш, уларни МАС технологиясиға жорий қилган ҳолда янги ғўза навларини яратиш илмий аҳамият касб этади.

Ҳозирда республикамизда қишлоқ хўжалиги ишлаб чиқаришига интенсив ва инновация ишланмаларини жорий қилган ҳолда экинларнинг янги навларини яратиш ва уларнинг ҳосилдорлиги ҳамда касалликларга чидамлилигини оширишга алоҳида эътибор қаратилмоқда. Бу йўналишда амалга оширилган чора-тадбирлар асосида муҳим натижаларга, жумладан, ғўзанинг бир қанча фойдали генлари карталаштирилди, тола сифат белгиларига генетик бириккан ДНК маркерлари аниқланди, тезпишар, ҳосилдорлиги ва тола чиқими юқори бўлган кўплаб янги, истиқболли навлар яратилди. Ўзбекистон Республикасини янада ривожлантириш бўйича Ҳаракатлар стратегиясида¹ «... қишлоқ хўжалиги ишлаб чиқариш соҳасига интенсив усулларни жорий этиш ҳамда маҳаллий ер-иқлим ва экологик шароитларга мослашган янги селекция навларни яратиш» вазифалари белгилаб берилган. Ушбу вазифалардан келиб чиқкан ҳолда, ўрта толали ғўза (*G. hirsutum*) тури учун маркерларга асосланган селекция (МАС) технологиясини жорий этиб, ўзида тола сифат белгиларини яхшиловчи

¹Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2017 йил 7 февралдаги ПФ-4947-сон “Ўзбекистон Республикасини янада ривожлантириш бўйича Ҳаракатлар стратегияси тўғрисида”ги Фармони.

микдорий белги локусларини тутган бошланғич селекцион намуналар олиш ва истиқболли янги ғұза навларини яратиш мұхим илмий-амалий ахамият касб этади.

Ўзбекистон Республикасининг 2002 йил 29 августдаги 395-П-сон «Селекция ютуқлари тұғрисида»ги Қонуни, Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2017 йил 15 сентябрдаги ПҚ-3281-сон «Қишлоқ хұжалиги әқинларини оқылона жойлаштириш чора-тадбирлари ва қишлоқ хұжалиги маҳсулотлари етиштиришнинг прогноз ҳажмлари тұғрисида» ги қарори, 2017 йил 7 февралдаги ПФ-4947-сон «Ўзбекистон Республикасини янада ривожланишириш бүйича қаралаттар стратегияси тұғрисида»ги Фармона ҳамда мазкур ғағолиятта тегишли бошқа меъерий-хуқуқий ҳужжатларда белгиланған вазифаларни амалға оширишга ушбу диссертация тадқиқоти муайян даражада хизмат қиласы.

Тадқиқотнинг республика фан ва технологиялари ривожланишининг асосий устувор йұналишларындағы мослиги. Мазкур тадқиқот республика фан ва технологиялар ривожланишининг V. “Қишлоқ хұжалиги, биотехнология, экология ва атроф-мұхит мұхофазаси” устувор йұналишига мұвоғиқ бажарылған.

Муаммонинг ўрганилганлық даражасы. Хориж олимлари Chen et al. (2007), Zhang et al. (2008) ДНК маркерларидан фойдаланған холда генетик бирикканлық карталарини түзиш, мұхим агрономик белгиларни карталаштириш ва генетик хилма-хилликни ўрганиш бүйича илмий тадқиқотлар олиб боришилған. Mumtaz et al, (2007) SSR маркерлар ёрдамида *G. barbadense* дан *G. hirsutum* геномига QTL локусларини интроверсия қылған ва тола узунлигини 2-3 мм га үзайтиришга эришілген. Geng et al, (1995) RAPD маркерлар технологиясینи ғұзада сүрүвчи ва кемириувчи хашаротларға чидамли навларни ажратып олишга жорий қылған. Хитойлик олимлар Shang et al, (2016) томонидан ғұзада молекуляр маркерлар асосыда рекомбинант инбред линиялар ва беккросс популяциялар яратылған. АҚШ лик олимлар Gutierrez et al. (2011), J. C. McCarty et al, (2017) ғұзанинг 18- ва 21-хромосомаларда илдиз бүртма нематодасынан чидамлилық хусусиятини бошқарувчи QTL локусларында бириккан CIR316, GH132, BNL3279 ва BNL569 ДНК маркерларидан фойдаланып, ушбу заарқунаңдага чидамли янги ғұза линияларини яратылған.

МДХ мамлакатларыда Ю.П. Алтухов (2002); А.А. Банникова (2004); Г.Е. Сулимова (2004); М.Г. Смарагдов (2009); Т.В. Матвеева (2011); Е.К. Хлесткина (2011) каби олимлар молекуляр маркерлардан фойдаланып селекция жараёнларини сезиларлы даражада қысқартиришга эришілген.

Ўзбекистонда дастлаб Ш. Юнусхонов (2003), Р.К. Шодмонов (2004), М.Х. Авазхұжаев каби олимлар аньанавий ғұза селекцияси усулларини оқсил молекулалари, түрли ферментлар ва иккиламчи метаболитлар асосыда яратылған биокимёвий маркерлардан фойдаланған. Кейинчалик И.Ю. Абдурахмонов (2008; 2009) дүнёда биринчилардан бўлиб ғұзада молекуляр маркерлардан фойдаланып, нотенг бирикканлық ва микдорий белгилар локусларини карталаштириш ишларини олиб борган ва МАС дастури учун

ДНК маркерларини тавсия этган.

Лекин ханузгача ғўзада ДНК маркерларини қўллаш орқали тола сифат белгиларини яхшилаш ва янги навлар яратиш бўйича тадқиқотлари олиб борилмаган.

Диссертация мавзусининг диссертация бажарилган илмий-тадқиқот муассасининг илмий-тадқиқот ишлари билан боғлиқлиги. Диссертация тадқиқоти Геномика ва биоинформатика маркази илмий-тадқиқот ишлари режасининг Ф4-Т149 «Маркерларга асосланган селекцияни ривожлантириш учун ғўза геномини тадқиқ этиш» (2007-2011), А6-Т029» Генетик жиҳатдан бойитилган ғўза генотипларини олиш учун маркерларга асосланган селекция, генларни пирамидалаш ва ген муҳандислик технологияларидан фойдаланиш» (2012-2014), ФА-И5-Т017 «Маркерларга асосланган селекция (МАС) ёрдамида яратилган юқори сифатли Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза линиялари уруғларини кўпайтириш» (2015-2016) мавзуларидаги фундаментал, амалий ва инновацион лойиҳалари доирасида бажарилган.

Тадқиқотнинг мақсади ўрта толали ғўза (*G.hirsutum*) учун маркерларга асосланган селекция (МАС) дастурларини жорий этиш асосида ўзида тола сифат белгиларини яхшиловчи миқдорий белги локусларини тутган бошланғич селекцион намуналар олиш ва янги ғўза навларини яратишдан иборат.

Тадқиқотнинг вазифалари:

тола сифат белгиларига генетик бириккан ҳамда ота-она намуналари ўртасида полиморф бўлган ДНК маркерларини танлаш;

ғўза гермоплазмасидан ДНК маркерлари ёрдамида ота-она намуналарини танлаш;

танлаб олинган ота-она намуналарини МАС технологияси асосида ўзаро оддий ва беккросс дурагайлаш орқали дурагай комбинациялар яратиш;

беккросс дурагай комбинацияларда молекуляр-генотипик таҳлиллар ўтказиш ҳамда геномида керакли QTL аллеллари мавжуд намуналарни танлаш;

биоинформатик таҳлиллар асосида кўчириб ўтказилган QTL худудларидан номзод ген ва оқсиллар аниқлаш;

геномида тола сифат белгиларига генетик бириккан QTL аллелларини тутган, BC₅ авлод дурагай комбинацияларидан тола сифати яхшиланган янги ғўза навларини яратиш;

яратилган беккросс дурагайлар ва навларни назорат намуналар билан биргаликда рандомизация усули асосида табиий шараоитда экиб, сифат белгиларини таҳлил қилиш;

яратилган янги ғўза навларини ишлаб чиқаришга тадбиқ этиш.

Тадқиқотнинг объекти сифатида ғўзанинг L-141, L-N1 ва Saenr Pena 85 линиялари (донор) ва маҳаллий Андижон-35, Мехнат навлари (реципиент) ҳамда улар асосида яратилган беккросс дурагайлар ва янги Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари фойдаланилди.

Тадқиқотнинг предмети ғўзанинг тола сифат белгиларига генетик бириккан QTL локуслари, тола сифат кўрсаткичлари ва бошқа қимматли

хўжалик белгилари ҳисобланади.

Тадқиқотнинг усуллари. Диссертацияда ғўза генетикаси ва селекцияси анъанавий усуллари, геномиканинг замонавий усуллари (геном ДНК ажратиш, ПЗР таҳлили ва генотиплаш) ҳамда биоинформатик ва статистик таҳлиллардан фойдаланилган.

Тадқиқотининг илмий янгилиги қўйидагилардан иборат:

илк бор МАС технологиясини қўллаш орқали, тола сифат белгиларига генетик бириккан ДНК маркерларининг тола пишиқлиги ҳамда узунлиги белгиларга таъсири исботланган;

ўрта толали ғўза гермоплазмаси ноёб намуналаридан геномида тола сифат белгилари билан боғлиқ бўлган QTL локусларини тутган донор линиялар аниқланган;

МАС технологияси ёрдамида тола сифат белгиларига генетик бириккан QTL аллелларини тутган бир нечта беккросс дурагай комбинациялари яратилган ва ўтказилган аллелларнинг генотипик ва фенотипик ирсийланиши асосланган;

геномида керакли QTL аллеллари мавжуд бўлган ва ушбу аллеллар бўйича гомозигота холатидаги намуналар ажратиб олинган;

биоинформатик таҳлиллар асосида кўчириб ўтказилган QTL худудларидан толанинг ривожланиш жараёнларини бошқарувчи номзод ген ва оқсиллар аниқланган;

МАС технологияси асосида яратилган беккросс дурагай комбинациялар ва навларда тола сифат кўрсаткичлари назорат намуналарнига нисбатан юқори эканлиги исботланган.

Тадқиқотнинг амалий натижалари қўйидагилардан иборат:

ғўзанинг тола сифат белгиларига ассоциация бўлган QTL локусларини интрогрессия қилиш орқали бир нечта бошланғич селекцион намуналар яратилган;

илк бор Ўзбекистонда МАС технологияси асосида тола сифати яхшиланган янги Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари яратилган;

Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларининг бирламчи уруғчилик питомниклари ташкил этилган, супер-элита уруғлари кўпайтирилган ва фермер хўжаликларига берилган.

Тадқиқот натижаларининг ишончлилиги геномиканинг замонавий усул ва ёндашувлари ёрдамида тасдиқланган. Маълумотларнинг вариациялар таҳлили (ANOVA), молекуляр вариациялар таҳлили (AMOVA) ва бошқа статистик усуллардан фойдаланиб, таҳлил қилинган ва тасдиқланган. Булардан ташқари ҳар йили ташкил этилган апробация комиссияси томонидан ижобий баҳолангилиги, олинган натижаларни назарий маълумотларга мос келиши, натижаларнинг етакчи илмий нашрларда чоп этилганлиги, олинган натижаларнинг амалиётга жорий этилганлиги билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг илмий ва амалий аҳамияти. Тадқиқот натижаларининг илмий аҳамияти олиб борилган тадқиқотлар асосида тола сифат белгиларига генетик бириккан полиморф маркерлар панели

яратилганлиги, ўрта толали ғўза намуналарини МАС технологияси асосида ўзаро дурагайлаш натижасида беккросс дурагайлар олиниши, олинган дурагайларда тола сифат қўрсаткичлари яхшиланганлиги, беккросс авлодлар молекуляр таҳлиллар асосида танлаб борилганлиги, МАС беккросс дурагайларда ўтказилган аллелнинг ирсийланиши аниқланганлиги билан изохланади.

Тадқиқот натижаларининг амалий аҳамияти бошланғич селекцион намуналар, яъни ғўзанинг МАС беккросс линиялари яратилганлиги, улар орасидан тола сифат белгилари яхшиланган ва ҳосилдорлиги юқори бўлган шакллари ажратиб олиниб, янги навлар яратилганлиги, ушбу навларнинг Ўзбекистон Республикаси Қишлоқ хўжалиги экинлари навларини синаш Давлат комиссиясининг янги ғўза навларининг навдорлигини баҳолаш синовидан ўтганлиги, фермер хўжаликларида экилиб, юқори ҳосил олинаётганлиги билан изохланади.

Тадқиқот натижаларининг жорий қилиниши. ДНК маркерларига асосланган селекция (МАС) технологияси ёрдамида янги Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларини яратиш бўйича олинган илмий натижалар асосида:

Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари Наманган вилояти фермер хўжаликларига жорий қилинган (Ўзбекистон Республикаси Қишлоқ ва сув хўжалиги вазирлигининг 2018 йил 19 февралдаги 20/20-114-сон маълумотномаси). Натижада янги навлардан гектаридан ўртacha 40 ц ҳосил ва юқори сифатли тола олиш имконини берган;

ўрта толали ғўза (*G.hirsutum*) селекциясига замонавий ДНК маркерларига асосланган селекция технологияси ФА-И5-Т017 ракамли «Маркерларга асосланган селекция (МАС) ёрдамида яратилган юқори сифатли Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари уруғларини кўпайтириш» мавзусидаги инновация лойиҳасида навларнинг дастлабки уруғчилигини ташкил этишда фойдаланилган (Ўзбекистон Республикаси Фанлар академиясининг 2018 йил 29 январдаги 4/1255-214-сон маълумотномаси). Натижада навдорлиги ва унувчанлиги юқори бўлган сифатли супер-элита уруғлари тайёрлаш имконини берган;

Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари ҳамда 10 дан ортиқ селекция намуналари республикада етакчи бўлган «Геном технологиялари асосида яратилган ноёб ғўза ва бошқа экинлар генофонди» ноёб обьектига киритилган (Ўзбекистон Республикаси Фанлар академиясининг 2018 йил 2 апрелдаги 4/1255-820-сон маълумотномаси). Намуналар ғўза гермоплазмаси коллекциясини бойитган ва МАС технологияси орқали ғўзада тола сифати ва вилтга чидамлилик белгиларини пирамидалаш асосида янги линиялар олиш имконини берган.

Тадқиқот натижаларининг апробацияси. Тадқиқот натижалари 10 та, жумладан, 3 та ҳалқаро ва 7 та республика илмий-амалий анжуманларида мухокамадан ўтказилган.

Тадқиқот натижаларининг эълон қилинганлиги. Диссертация мавзуси бўйича жами 16 та илмий иш чоп этилган. Улардан 5 таси илмий мақола бўлиб, жумладан Ўзбекистон Республикаси Олий аттестация

комиссиясининг докторлик диссертациялари асосий илмий натижаларини чоп этишга тавсия этилган илмий нашрларда 5 та мақола, уларнинг 3 таси республика ва 2 таси ЎзР ОАК раёсати томонидан халқаро журналларда нашр этилган мақолаларга тенглаштирилган халқаро анжуманлар материалларида чоп этилган.

Диссертациянинг тузилиши ва ҳажми. Диссертация таркиби кириш, бешта боб, хулоса, фойдаланилган адабиётлар рўйхати ва иловалардан иборат. Диссертация ҳажми 100 бетни ташкил этади.

ДИССЕРТАЦИЯНИНГ АСОСИЙ МАЗМУНИ

Кириш қисмида тадқиқотнинг долзарблиги ва аҳамияти асосланган, тадқиқотнинг мақсад ва вазифалари, обьекти ва предмети тавсифланган, тадқиқотнинг Республика фан ва технологияларни ривожлантиришнинг устувор йўналишларига мослиги кўрсатилган, тадқиқотнинг амалий натижалари ва илмий янгилиги келтирилган, олинган натижаларнинг илмий ва амалий аҳамияти ёритилган, тадқиқот натижаларининг амалиётга жорий этилиши, нашр қилинган ишлар ва диссертациянинг тузилиши хақида маълумотлар берилган.

Диссертациянинг **«Маркерларга асосланган селекция технологиясининг тарихи, тадбиқ қилиниши, афзалликлари, бугунги холати»** деб номланувчи биринчи бобида дунё ва мамлакатимиз олимлари томонидан олиб борилган тадқиқотларга асосланган маълумотлар акс этган.

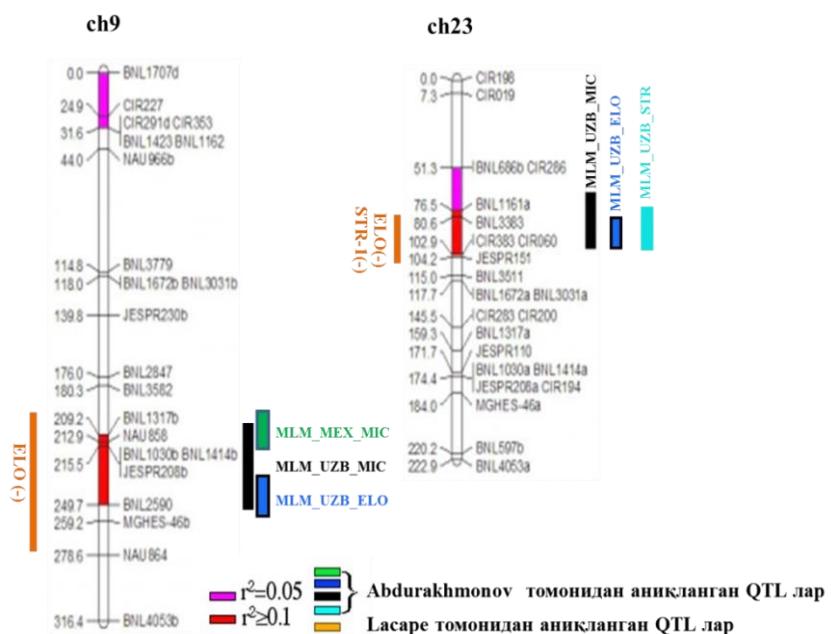
МАС технологиясининг тарихи, ДНК маркерлари турлари ва уларнинг номланиши ҳамда улардан дастлабки фойдаланилган тадқиқотлар тўғрисида маълумотлар ёритиб берилган. Турли қишлоқ хўжалиги ўсимликларида МАС технологиясининг қўлланилиши ва технология ёрдамида олинган ўсимлик навлари, технологиянинг анъанавий селекция усулларига нисбатан афзалликлари тўғрисида маълумотлар келтирилган. Шунингдек, ғўзада бирикканлик хариталарини тузиш, генетик хариталаштириш ва улар асосида тавсия этилган қимматли хўжалик белгиларига бириккан ДНК маркерлари ҳамда ушбу маркерлардан фойдаланиб турли ташқи таъсирларга чидамлиликни ошириш ва тола сифат белгиларини яхшилашда МАС технологиясининг самарадорлиги ва аҳамияти тўғрисида маълумотлар берилган. Ғўзада *in silico* ПЦР ва биоинформатик таҳлиллардан фойдаланиб, номзод генлар ва оқсилларни аниқлаш бўйича олиб борилган тадқиқотлар шархи келтириб ўтилган.

Диссертациянинг **«Материаллар, тадқиқот усуллари ва шароитлари»** мавзусидаги иккинчи бобида тадқиқот ўтказишнинг усуллари, шароитлари ва материаллари батафсил ёритилган. Ўсимлик материаллари, фойдаланилган реагентлар ва ускуналар, ДНК ажратиш усуллари, ПЗР, гел-электрофорез ва генотиплаш, тола сифат кўрсаткичларини таҳлил қилиш, статистик таҳлиллар ҳамда биоинформатик таҳлиллар ўтказиш усуллари қисқача тавсифи келтирилган.

Диссертациянинг **“Тадқиқот учун ота-она намуналарини танлаш ва**

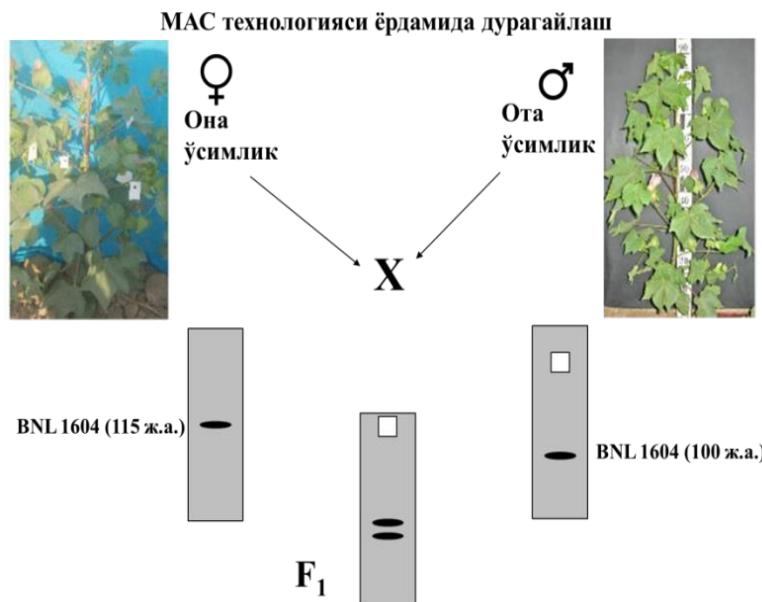
МАС дурагай комбинацияларини яратиш” номли учинчи бобида МАС технологиясими амалга ошириш учун тола сифат белгиларига генетик бириккан ДНК маркерларини ва ғұза гермоплазмасидан ота-она намуналарини танлаш ҳамда ушбу ғұза намуналаридан фойдаланыб беккросс дурагай комбинацияларини яратиш, шунингдек беккросс дурагайларда олиб борилган молекуляр ва статистик таҳлиллар натижалари келтириб үтилган.

Мазкур бобнинг биринчи бўлимида ДНК маркерлари ва ўсимлиқ намуналарини танлаш бўйича амалга оширилган тадқиқотлар келтирилган. Ғұза гермоплазмасидан ҳар хил экотипларнинг турли аъзоларини ўз ичига олган, генетик жиҳатдан бир-биридан узок, тола сифат кўрсаткичларига генетик бириккан QTL аллелларни ўзида тутган донор ғұза намуналарини генетик хилма-хилликларига асосан танлаб олинди. Бу донор генотиплардаги QTL ларни МАС технологияси усулида интровергессия қилиш учун республикамизда экиб келинаётган, бироқ тола сифат кўрсаткичлари нисбатан паст бўлган (санаат типи V-тип) 10 дан ортиқ ғұза навларини танлаб олинди. QTL аллелларининг трансферини дурагайлаш жараёнларида назорат қилиш мақсадида, ота-она намуналари ўртасида полиморф бўлган, муҳим тола белгиларига генетик бириккан 23 та ДНК маркерларини мониторинг воситаси сифатида танлаб олинди (1-расм).



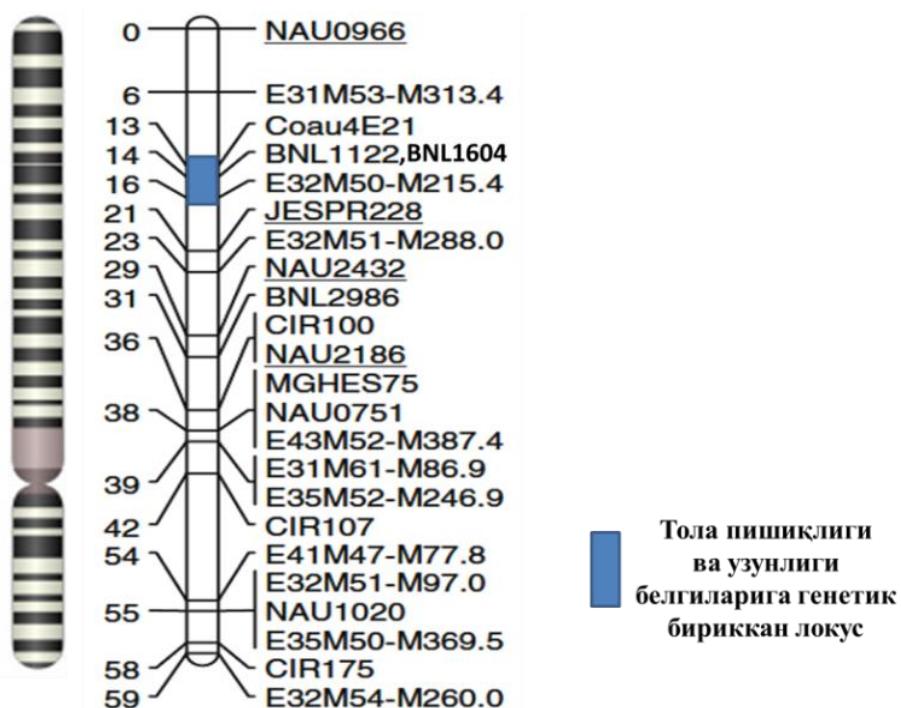
1-расм. МАС тадқиқотлари учун SSR маркерларини танлаш намунаси

Бобнинг иккинчи бўлимида МАС технологиясида дурагай комбинациялар яратиш бўйича олиб борилган кенг қамровли тадқиқотлар баён қилинган. Тадқиқотни амалга ошириш учун танлаб олинган донор ва реципиент намуналарда ўзаро дурагайлаш ишлари олиб борилди ва бир нечта дурагай комбинациялар яратилди. Яратилган биринчи авлод дурагайлари, реципиент нав геномини қайта тиклаш мақсадида она генотип билан такрорий (беккросс усулида) дурагайлаш амалга оширилди ва бир нечта беккросс комбинациялар яратилди (2-расм).



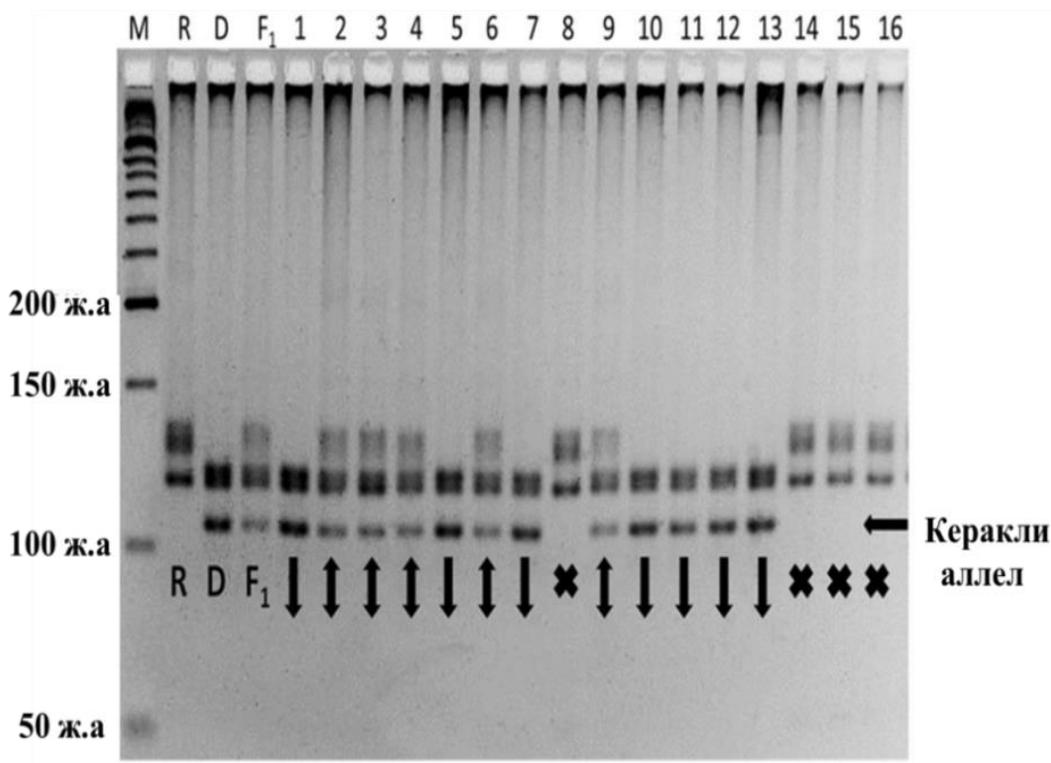
2-расм. МАС технологиясида дурагай комбинациялар яратышда дурагайлаш схемаси.

Тадқиқотларда фойдаланилган, тола узунлиги ва пишиқлигига генетик бириккан BNL1604 ДНК маркерининг интрогрессия қилинган аллели кўплаб хорижий тадқиқотларда (Zhang ZS; et al., 2009, Yu JZ; et al., 2012, Wang et al., 2017) шунингдек, марказ олимлари томонидан амалга оширилган фўзада ассоциатив карталаштириш тадқиқотлари натижасида ҳам фўзанинг 16-хромосомасида жойлашганлиги аниқланди (И.Ю.Абдурахмонов ва бошқ. 2008; 2009). Дунёда биринчилардан бўлиб фўзанинг 16-хромосомасида жойлашган, тола узунлиги ва пишиқлигига генетик бириккан локус маркерланиб фўза селекциясига тадбиқ қилинди (3-расм).



3-расм. Тола узунлиги ва пишиқлиги маркёрланган 16 хромосома схемаси

Яратилган МАС беккросс дурагай ўсимликларидан ҳар бир авлодда геном ДНК ажратилиб, тола пишиқлиги ва узунлиги белгиларига ассоциация бўлган BNL1604 маркери билан танлаб борилди. Маркер аллелларини тутган намуналар навбатдаги тадқиқотлар учун танлаб олинди. Молекуляр-генотипик таҳлиллар натажаларига қўра тадқиқ қилинган 188 та BC₅F₁((Андижон-35×Л-141)×Андижон-35) дурагай ўсимликларининг 105 тасида гетерозигота холати, яъни донор ва реципиент аллелларининг биргаликда келиши, 83 тасида эса тадқиқ қилинаётган геном региони реципиент геномига ўхшаш эканлиги аниқланди (4-расм).



4-расм. BNL1604 маркери ёрдамида олинган ПЗР махсулотларининг агароза гелидаги электрофореграммаси: М – ДНК молекуляр массасини аниқлаш учун маркер, R – реципиент, D –донор, F₁ – биринчи авлод дурагайи, 1-16 гача BC₅F₁ дурагайлар, ↓ b - маркер белги бўйича гомозигота холатида, ⇧ h-маркер белги бўйича гетерозигота холатида, ♦ a- маркер белгиси тутмаган.

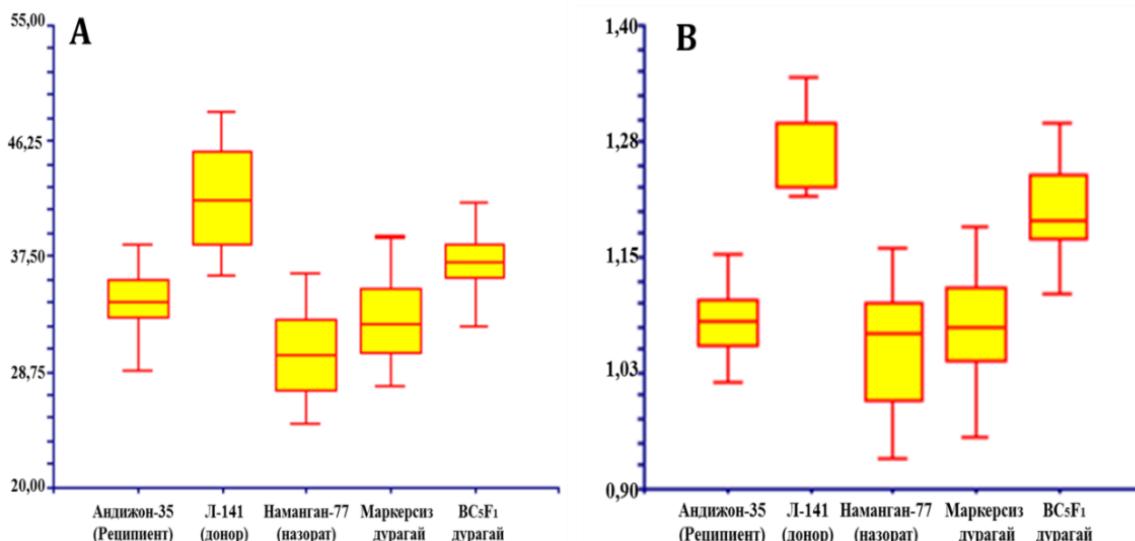
Танлаб олинган дурагай ўсимликларининг тола намуналари назорат ўсимликлар тола намуналари билан биргаликда HVI ускунасида таҳлил қилинди. Айнан тадқиқ қилинаётган белгилар, яъни тола узунлиги ва пишиқлиги, геномида донордан ўтказилган маркер аллели мавжуд бўлган BC₅F₁ намуналарда реципиент ва маркер аллели мавжуд бўлмаган дурагай намуналарнига нисбатан анча юқорилиги кузатилди (1-жадвал).

Яратилган BC₅F₁ дурагайларида тола кўрсаткичларининг юқорилигини инобатга олган холда ушбу комбинация ичидан якка танлов асосида такомиллашган шакллари ажратиб олинди.

**BC₅F₁((Андижон-35хЛ-141)хАндижон-35) дурагайлари HVI
маълумотларининг ўртача кўрсаткичи**

Белгилар	BC ₅ F ₁		Андижон-35		Л-141		Маркер белгисини тутмаган дурагайлар		Наманган-77	
	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ
Mic	4,4	0,3	4,9	0,8	4,1	0,2	5,0	0,01	4,7	0,3
Str	36,5	0,6	32,6	0,9	41,1	0,6	29,5	0,5	30,8	0,7
Len	1,27	0,01	1,12	0,01	1,28	0,19	1,09	0,06	1,11	0,03
Unf	85,0	1,2	82,5	1,3	86,0	1,1	82,0	0,6	82,8	0,1
Elg	8,9	0,8	7,4	0,6	7,8	0,1	8,1	0,2	8,0	0,4
Staple length	37,0	0,5	31,9	1,0	37,5	0,7	32,4	0,8	31,2	0,01
Lint, %	35,3	0,3	36,4	0,5	30,9	0,6	34,9	0,4	36,2	0,1

Барча намуналар ўрганилаётган белгилар бўйича ANOVA (Analysis Of Variance) дисперсион таҳлили ёрдамида ўзаро таққосланди (5-расм).



5-расм. BC₅F₁ дурагайларида дисперсион таҳлили. (F-Test, alpha = 0,05):

А) тола пишиклиги, Б) тола узунлиги. Тадқиқот намуналари: Андижон-35 – реципиент генотип; BC₅F₁ – QTL аллели мавжуд дурагайлар; Л-141 – донор генотип; Наманган-77 – стандарт (назорат); BC₅F₁ (назорат) – QTL аллели мавжуд бўлмаган BC₅F₁ дурагайлари

Учинчи бобнинг мазкур бўлимда МАС технологияси асосида генларни бир генотипга жамлаш (пирамидалаш) бўйича олиб борилган тадқиқотлар ёритилган бўлиб, тола ишиклиги, тола узунлиги ва тола элонгацияси белгиларига бириккан QTL локусларини битта маҳаллий навга жамланиб, BC₄F₂ беккросс дурагайлари яратилди. Ушбу дурагай комбинацияда тола сифат кўрсаткичлари статистик таҳлил қилинди.

Таҳлил натижаларига кўра, BC₄F₂ дурагайлари билан назорат Андижон-35 ва Наманган-77 навлари тола сифат кўрсаткичлари ўртасида аҳамиятли даражада фарқлар мавжуд бўлиб, бу BC₄F₂ дурагайларида тола сифат белгиларини бошқарилишида ўтказилган QTL локусларини таъсиридир (2-14

жадвал). Ўтказилган барча таҳлил натижаларидан шу нарса маълум бўлдики, ҳақиқатдан ҳам янги генотипга жамланаётган ғўзанинг янги QTL алеллари BC₄F₂ беккросс дурагайларда ўзининг ижобий таъсирини кўрсатмоқда.

2-жадвал

Краскл-Уолис (Kruskal-Wallis Multiple-Comparison Z-Value Test) тести ёрдамида ўрганилган намуналарда тола сифат кўрсаткичларини кўп-ўлчамли таққослаш таҳлили.

Намуналар	Андижон-35	BC ₄ F ₂ дурагайлар	Л-141	Наманган-77	Saenr pena85
Тола элонгацияси, %					
Андижон-35	0.0000	4.0530**	0.1182	1.3119	0.3591
BC₄F₂ дурагайлар	4.0530**	0.0000	3.4468	5.3861**	2.0800
Л-141	0.1182	3.4468	0.0000	1.2488	0.2659
Наманган-77	1.3119	5.3861**	1.2488	0.0000	1.1058
Saenr pena85	0.3591	2.0800	0.2659	1.1058	0.0000
Тола узунлиги, дюйм					
Андижон-35	0.0000	1.7291*	5.0761	0.9611	0.5817
BC₄F₂ дурагайлар	1.7291*	0.0000	3.3350	2.6751**	0.4675
Л-141	5.0761	3.3350	0.0000	6.0077	2.6586
Наманган-77	0.9611	2.6751**	6.0077	0.0000	1.1316
Saenr pena 85	0.5817	0.4675	2.6586	1.1316	0.0000
Тола пишиқлиги г/тех					
Андижон-35	0.0000	0.3897	3.3483	4.6296	1.8394
BC₄F₂ дурагайлар	0.3897	0.0000	2.8593	4.7504**	2.0360
Л-141	3.3483	2.8593	0.0000	7.3989	3.8626
Наманган-77	4.6296	4.7504**	7.3989	0.0000	0.7678
Saenr pena 85	1.8394	2.0360	3.8626	0.7678	0.0000

Изоҳ: Андижон-35 - реципиент генотип; BC₄F₂ - QTL алели мавжуд дурагайлар; Л-141 – донор генотип; Наманган-77 – андоза; Saenr pena85 – донор генотип.

*Агарда z-қиймат > 1,9600 бўлса медианаларда сезиларли фарқ мавжуд (Regular Test).

**Агарда z-қиймат > 2,6383 бўлса медианаларда сезиларли фарқ мавжуд (Bonferroni Test).

Диссертациянинг «Биоинформатик таҳлиллар асосида кўчириб ўтказилган QTL худудларида номзод ген ва оқсилларни аниқлаш» тўртинчи бобида тола сифат белгиларини яхшилашда фойдаланилган ДНК маркери жойлашган ва унга қўшни худудларда номзод генлар ва оқсилларни аниқлаш бўйича ўтказилган тадқиқот натижалари келтириб ўтилган.

Тўртинчи бобнинг биринчи бўлимида тадқиқотда фойдаланилган, тола пишиқлиги ва узунлиги белгиларига генетик бириккан QTL локусини *in silico* таҳлиллари баён қилинган. *In silico* ПЗР таҳлиллар UGENE 1.20.0 дастурий пакети ёрдамида, *G.hirsutum* геноми ҳамда BNL1604 маркери праймер жуфтларидан фойдаланилди. Виртуал ПЗР таҳлилида BNL1604 маркери жойлашган нуклеотидлар кетма-кетликлари аниқланди ва ушбу маркернинг

икки ён томонидан қўшни бўлган 50 минг жуфт асосдан жами 100 минг жуфт асосга эга локус регионидан ҳам номзод генларини аниқлашда фойдаланилди.

Бобнинг иккинчи бўлимида AUGUSTUS веб-дастури ёрдамида BNL1604 маркер локуслари жойлашган нуклеотидлар кетма-кетликлари таҳлил қилингандан геном маълумотлар баъзасидан фойдаланиб 9 та номзод ген аниқланди. Ушбу генлар аминокислоталар кетма-кетлиги оркали BLAST веб-дастурининг BLASTP алгоритмидан фойдаланган холда ўсимлик ўсиши ва ривожланиши ҳамда пахта толасини шакилланишида муҳим бўлган бир неча оқсилларни кодлаши аниқ бўлди (3-жадвал).

3-жадвал

BNL1604 маркери худудидан аниқланган генлар/оқсиллар

№	Аниқланган оқсиллар	Оқсиллар жойлашган хромосомалар	Хромосомадаги виртуал ампликоннинг бошидаги нуклеотид позицияси	Хромосомадаги виртуал ампликоннинг охиридаги нуклеотид позицияси
1	STERILE APETALA-ўхшаш транскрипцион фактор	At _chr16	6282176	6288496
2	F-box оқсиллари	At _chr16	8244594	8246168
3	Терпенлар синтезида иштирок этувчи оқсиллар	At _chr16	38828990	38831500
4	Ядро пора комплексининг оқсиллари	At _chr16	44814590	44824203
5	Серин/треонин-протеинкиназа	At _chr16	72187539	72188951
6	Лейцинга бой протеинкиназа	At _chr7	91473055	91481820

BNL1604 ДНК маркери бириккан QTL жойлашган худудда F-box оқсилларини кодловчи кетма-кетликлар аниқланди. F-box оқсиллари ғўза ўсимлигига фитогормон сигнал компонентлари яъни DELLA оқсиллари билан ўзаро таъсирлашади. DELLA оқсиллари фитогормонлар фолиятини тартибга солувчи оқсиллардир. Ауксин ва гиберилиин фитогормонлари пахта толасининг дастлабки ривожланиш босқичи ва узайишида ижобий таъсир кўрсатади (Qing Miao et al., 2017).

Транскрипцион регулятор гени гул органларини ривожланишида қатнашади. Булардан ташқари кўплаб транскрипцион омиллар ғўзада толанинг ривожланиш жараёнларида иштирок этади.

Маркер худудларидан ғўзада терпенлар синтезини таъминловчи оқсилларни кодлайдиган ген ҳам аниқланди. Бизга маълумки ғўза ўсимлиги госсипол ва терпен алъдегидлар каби фитоалекцинларни ажратиб чиқаради. Фитоалексинлар ғўза ўсимлигининг асосий патогени бўлган вилт касаллигига чидамлиликни тамиллайди.

QTL худудларидан ядро поралари комплекс протеинлари гени аниқланди. Ушбу ген ўсимликларда гуллаш ва гул чангларини етилишида, ўсимликларни

кўпайишидаги физиологик жараёнларда ҳамда илдизнинг узайишида иштирок этади. Модел ўсимлик бўлган *Arabidopsis* ўсимлигига «Nucleoporins proteins» (Nup) яъни ядро тешикчалари комплекси оқсилларини кодловчи генлар мутация қилингандан эрта гуллаш ва илдизнинг узайиши кузатилган (Kentaro Tamura et al., 2013).

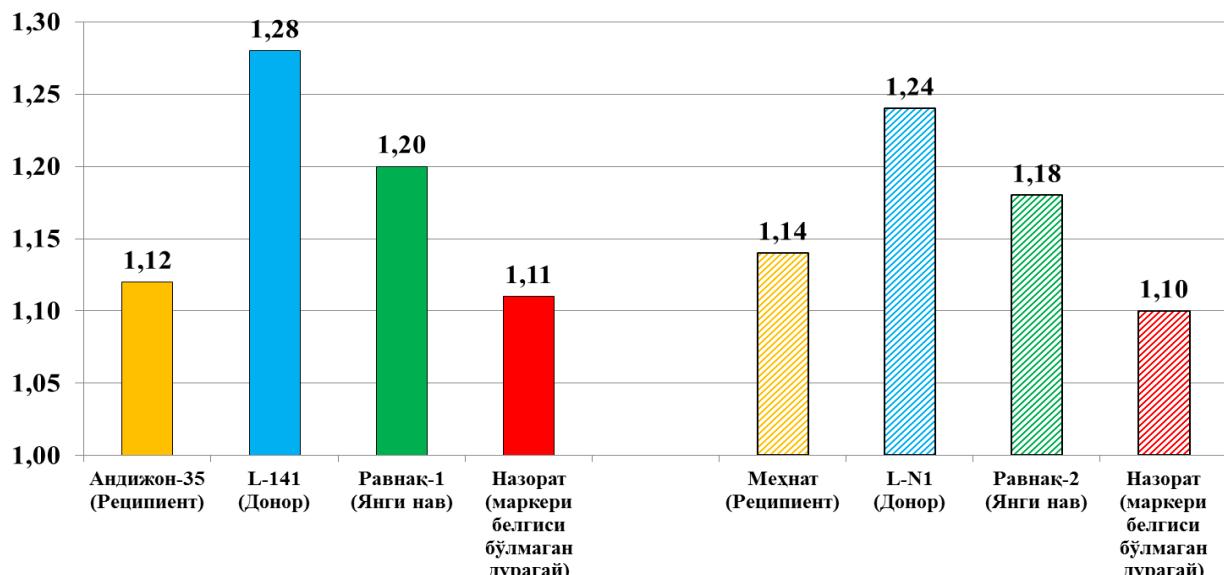
Лейцинга бой такрорлар рецептор табиатли протеин киназа (*Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase LRR-RLK*) лар ўсимликларда меристемани ривожланиши, иккиласми ўсиш ва ривожланиш, микроспорогенез ва эмбриогенезда ҳамда брассиностероидлар сигнал жараёнларида иштирок этиши аниқланди. АҚШ лик олимлар ғўзанинг гулига брассиностероидларни томизиши орқали толанинг узайишини аниқлаган.

Серин/треонин-протеинкиназа ҳужайра ўсиш омили рецепторларини фаоллаштирувчи фосфатидилинозитол 3-киназа функцияларини бошқаришда иштирок этади. Фосфатидилинозитол 3-киназа эса ўсимликларда илдизнинг ўсиши ва илдиз капиляр тукчаларини узайишида муҳим омилдир. Ғўза илдизи ва илдиз тукчаларининг узайиши билан тола узайиши ўртасида ижобий корелляция кузатилган. (Pang et al., 2010).

Диссертациянинг “**МАС технологияси ёрдамида генетик бойитилган ғўза навларини яратиш ва уларни ишлаб чиқаришга жорий этиш**” номли бешинчи бобида МАС технологиясида яратилган янги, Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари тола сифати таҳлиллари, ҳамда уларни ишлаб чиқаришга жорий қилиш бўйича олиб борилган тадқиқотлар ёритилган.

Бобнинг биринчи бўлимида Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларининг яратилиши ҳамда ушбу навларнинг тола сифат кўрсаткичлари тўғрисида маълумотлар берилган. Равнақ-1 ва Равнақ-2 навларининг ҳар иккаласида ҳам тола сифат кўрсаткичлари реципиент навларига нисбатан сезиларли даражада юқорилиги аниқланди. Масалан, тола пишиқлиги 32 г/текс ва 34 мм тола узунлигига эга бўлган реципиент “Андижон-35” навининг ушбу кўрсаткичларига нисбатан “Равнақ-1” навида тола пишиқлиги (37 г/текс) ва тола узунлиги (38 мм) каби юқори тола сифатига эга бўлди.“Равнақ-2” навида ҳам ДНК маркерлар ёрдамида тола сифат белгиларига бириккан микдорий белги локусларини самарали ўтказилди ва натижада реципиент “Мехнат” навига нисбатан тола пишиқлигини 17% ва тола узунлигини 9% га яхшиланган.

Иккинчи бўлимда Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларида, ўтказилган QTL эффектини статистик дастурлар ёрдамида ўрганиш бўйича олинган маълумотлар келтирилган. Кўчириб ўтказилган QTL аллелларининг таъсирини ва уларни генетик боғлиқлигини ўрганиш мақсадида сифат маълумотлари статистик дастурлар ёрдамида таҳлил қилинди. Таҳлил натижаларига қўра Равнақ-1 ва Равнақ-2 навларида тола узунлиги ва пишиқлиги белгилари маркер белгиси мавжуд бўлмаган дурагайлар ва Андижон-35 ҳамда Мехнат навларини кузатилганда сезиларли фарқ мавжудлиги аниқланди (6-расм).



6-расм. Равнак-1 ва Равнак-2 ғўза навлари тола узунлиги

Равнак-1 нави тола сифат кўрсаткичлари ўртасидаги генетик корреляцияни ўрганиш мақсадида Пирсон усули ёрдамида статистик таҳлиллар ўтказилди. Ўтказилган корреляцион таҳлиллар натижаларига кўра, тола пишиқлиги ва узунлиги белгиси ўртасида аҳамиятга эга бўлган ($p<0.001$, $r=0,516$) ижобий корреляция мавжуд эканлиги аниқланди. Тола пишиқлиги ($p<0.001$, $r=0,549$) ва узунлиги ($p<0.001$, $r=0,370$) билан толанинг бирхиллиги ўртасида юқори ва ўртача ижобий боғланиш аниқланди. Ушбу икки белгилар билан бошқа сифат кўрсаткичлари ўртасида салбий ёки аҳамиятга эга бўлмаган кучсиз ижобий боғланишлар аниқланди (4-жадвал).

4-жадвал

Равнак-1 ғўза навида айрим тола сифат кўрсаткичлари Пирсон корреляцияси

№	Белгилар	Len	Mic	Unf	Elg
1	Тола пишиқлиги (Str)	0,516***	-0,159**	0,549***	-0,120***
2	Тола узунлиги (Len)		-0,248**	0,370**	-0,008*
3	Микронейр (Mic)			-0,183**	0,122**
4	Бирхиллилиги (Unf)				-0,034*

Эслатма: * - $p\leq 0.05$, ** - $p\leq 0.01$, *** - $p\leq 0.001$

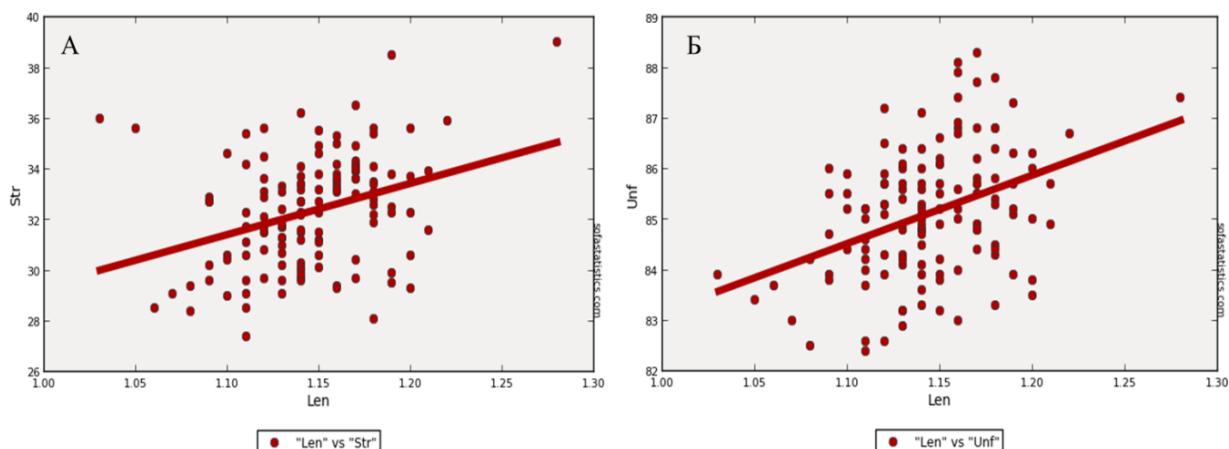
Равнак-2 ғўза нави ота-она ва геномида маркер белгисини тутмаган дурагайлар (назорат сифатида) ҳамда Наманган-77 нави билан З та тақорорда экилиб, тола сифат белгилари HVI усқунасида таҳлил қилинди (5-жадвал).

Таҳлилларда Равнак-2 навида $p\leq 0.05$ ҳолатида тадқиқ қилинаётган барча тола сифат белгилари ўртасида тескари генетик корреляция кузатилмади. Масалан, Равнак-2 навида тола узунлиги (Len) билан унинг пишиқлиги (Str), элонгацияси (Elg) ҳамда бирхиллиги (Unf) ўртасида ҳам кучсиз ижобий боғлиқликлар кузатилди.

Равнақ-2 ғұза нави тола сифат маълумотлари ўртаса күрсаткичлари

Белгилар	Равнақ-2		Мехнат		LN-1		Маркер белгисини тутмаган дурагайлар		Наманган-77	
	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ
Mic	4,4	0,03	4,8	0,03	3,7	0,06	4,7	0,05	4,7	0,04
Str	32,1	0,29	27,1	0,51	41,7	0,38	25,5	0,45	30,9	0,48
Len	1,20	0,00	1,08	0,01	1,23	0,01	1,09	0,01	1,11	0,01
Unf	83,4	0,81	82,3	0,30	85,6	0,17	82,6	0,31	82,8	0,24
Elg	7,8	0,07	7,6	0,05	7,8	0,05	7,8	0,09	8,0	0,07
Lint, %	37,5	0,23	39,7	0,21	36,3	0,21	37,9	0,27	36,2	0,22

Равнақ-2 навида корреляция даражаси ўртаса ижобий ($r=0,572$) бўлган бўлса, Мехнат навида ушбу белгилар ўртасида кучсиз мусбат корреляция кузатилди. Булар шуни кўрсатдиди, Равнақ-2 навида тола узунлиги (Len) қанча юқори бўлса, унинг пишиқлиги (Str), элонгацияси (Elg) ҳамда бирхиллилиги (Unf) белгилари ҳам юқори кўрсаткични намоён қилмоқда (7-расм). Ўтказилган таҳлиллар натижаларига кўра МАС навларида толанинг пишиқлиги белгиси билан тола узунлиги кўрсаткичлари ўрасида кузатилган тўғри корреляция донор генотипдан реципиент навга ўтказилган QTL локусининг аддитив эфекти, яъни генларнинг биргаликдаги таъсири натижаси деган хуносага келиш мумкин.



7-расм. Равнақ-2 навида тола сифат кўрсаткичлари ўртасидаги ўзаро генетик корреляция: А – тола узунлиги (Len) билан пишиқлиги (Str) ўртасида ($p<0,001, r=0,377$), Б – тола узунлиги (Len) ҳамда бир хиллилиги (Unf) ўртасида ($p=0,001, r=0,360$),

Бешинчи бобни якуний бўлимида МАС технологияси асосида яратилган янги ғұза навларини кенг миқиёсда экиш учун бирламчи уруғчилигини ташкил этиш ва улар асосида олинган маълумотлар келтирилган. Равнақ-1 ва Равнақ-2 навлар супер-элита уруғларини кўпайтириш мақсадида Геномика ва биоинформатика маркази “Маҳсус уруғчилик хўжалигига” бирламчи уруғчилиги ташкил қилинди. 2017 йилда Наманган вилоятидаги уруғчиликка

ихтисослашган «Навбахор намунаси» фермер хўжалигида 26 га майдонда Равнақ-1 ғўза нави ва «Тепақўргон ибрати» фермер хўжалигида 30 га майдонда Равнақ-2 ғўза нави супер-элита авлодли уруғлари қўпайтирилди. Янги навлардан гектаридан ўртача 40 ц дан юқори ҳосил олишга эришилди. 2018 йилда ҳар икки нав 500 гектардан жами 1000 гектарга экилди.

ХУЛОСАЛАР

«ДНК маркерларига асосланган селекция (МАС) технологияси ёрдамида янги Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навларини яратиш» мавзуси бўйича олиб борилган тадқиқот натижалари асосида қуйидаги хулосалар тақдим этилди:

1. ДНК маркерлари тола сифат белгиларига генетик бириккан микдорий белги локусларини интровергессия қилишда ва тола сифатини яхшилашда ижобий таъсирни намоён этди.

2. Геномида тола сифат белгиларига алоқадор QTL локуслари мавжуд донор линиялар тола сифати юқори бўлган ғўза навларини яратишда қимматли бошланғич манба эканлигини кўрсатади.

3. МАС технологияси асосида тола пишиклиги ва узунлиги QTL аллели бўйича гомозигота холатидаги бир нечта беккросс дурагайлар яратилди ва ушбу дурагайлар генетик-селекцион жараёнларда тола сифати юқори бўлган бошланғич манба сифатида хизмат қиласди.

4. Кўчириб ўтказилган QTL худудларини биоинформатик таҳлил қилиш натижасида пахта толаси ривожланишида бевосита ёки билвосита иштирок этувчи ва умуман ўсимликнинг ривожланишида муҳим рол ўйнайдиган номзод генлар аниқланди.

5. Геномида тола сифат белгиларига генетик бириккан QTL аллелларини тутган юқори авлодли беккросс дурагай комбинациялар ва МАС технологияси асосида яратилган янги ғўза навларининг тола сифат кўрсаткичлари назорат намуналарнига нисбатан юқори эканлиги аниқланди.

6. МАС технологияси янги навлар яратишда селекцион жараёнларни қисқартиришда, фенотип ва генотип асосида танлов олиб боришда, ғўзанинг генетик хилма-хиллигини янада кенгайтиришда самарали эканлиги тасдиқланди.

7. Равнақ-1 ва Равнақ-2 навларида толанинг пишиклиги билан тола узунлиги ўртасида ижобий корреляция мавжудлиги донор генотипдан реципиент навга ўтказилган QTL аллелларининг аддитив самараси, яъни генларнинг биргаликдаги таъсири билан изоҳланади.

8. МАС технологияси асосида яратилган Равнақ-1 ва Равнақ-2 ғўза навлари истиқболли нав сифатида фермер хўжаликларига тавсия этилади.

**НАУЧНЫЙ СОВЕТ ПО ПРИСУЖДЕНИЮ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
DSc. 29.08.2017.В.53.01 ПРИ ИНСТИТУТЕ ГЕНЕТИКИ И
ЭКСПЕРИМЕТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ И
НАЦИОНАЛЬНОМ УНИВЕРСИТЕТЕ УЗБЕКИСТАНА**
ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ

ДАРМАНОВ МУХТОР МУХАММАДОВИЧ

**СОЗДАНИЕ НОВЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА РАВНАК-1 И
РАВНАК-2 С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ ДНК МАРКЕР
АССОЦИИРОВАННОЙ СЕЛЕКЦИИ (МАС)**

03.00.14 – Геномика, протеомика и биоинформатика

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

Ташкент – 2018

Тема диссертации доктора философии (PhD) зарегистрирована в Высшей аттестационной комиссии при Кабинете Министров Республики Узбекистан за № B2018.2.PhD/B174.

Диссертация выполнена в Центре геномики и биоинформатики.

Автореферат диссертации на трех языках (узбекский, русский, английский (резюме)) размещен на веб-странице Научного совета (www.genetika.uz) и Информационно-образовательном портале «ZiyoNet» (www.ziyonet.uz).

Научный руководитель:

Абдурахмонов Иброхим Юлчиевич
доктор биологических наук, академик

Официальные оппоненты:

Турдикулова Шахло Уткуровна
доктор биологических наук

Курбанбаев Илхам Джуманазарович
доктор биологических наук

Ведущая организация:

Институт Биоорганической химии

Защита диссертации состоится «____» _____ 2018 года в ____ часов на заседании Научного совета DSc. 29.08.2017.B.53.01 при Институте генетики и экспериментальной биологии растений, Национальном университете Узбекистана (Адрес: 111226, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-Юз. Актовый зал Института генетики и экспериментальной биологии растений. Тел.: (+99871) 264-23-90, факс (+99871) 264-22-30, e-mail: igebr@academy.uz

С диссертацией можно ознакомиться в Информационно-ресурсном центре Института генетики и экспериментальной биологии растений (зарегистрировано за № ____). Адрес: 111226, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-Юз. Тел.: (+99871) 264-23-90.

Автореферат диссертации разослан «____» _____ 2018 года.
(реестр протокола рассылки №____ от «____» _____ 2018 года)

А.А. Нариманов

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

С.М. Набиев

Ученый секретарь научного совета по
присуждению учёных степеней, к.б.н
старший научный сотрудник

З.Т. Буриев

Председатель научного семинара при научном
совете по присуждению учёных степеней,
д.б.н., старший научный сотрудник

ВВЕДЕНИЕ (Аннотация диссертации доктора философии (PhD))

Актуальность и востребованность темы диссертации. Улучшение показателей качества волокна средневолокнистого хлопчатника (*G. hirsutum*), на долю которого приходится 95% мировых посевных площадей, занятых этой культурой, является одной из главных задач мировой селекционной программы по хлопчатнику. Это, в свою очередь, требует получения новых перспективных сортов хлопчатника путем внедрения в селекцию хлопчатника инновационных разработок, в частности, технологии ДНК-маркер ассоциированной селекции (МАС). Сказанное определяется важность создания генетически усовершенствованных сельскохозяйственных культур пользуясь методами современной трансгеномики и маркер ассоциированной селекции.

В мире уделяется особое внимание изучению значимости ДНК-маркеров при интродукции генов и улучшении таких показателей хлопчатника, как урожайность, качество волокна, устойчивость к внешним стрессам. В частности, в тех случаях, когда речь идет о сокращении продолжительности селекционного процесса, получения сортов с улучшенными качествами волокна МАС технология рассматривается как важнейший инструмент современной селекции и основа для создания новых перспективных сортов. Важнейшим преимуществом МАС технологий по сравнению с традиционной селекцией является более короткое время, необходимое для получения нового сорта и возможность вести отбор образцов не только по фенотипу, но и по генотипу. Следует особо отметить возможности МАС технологий в создании широкого генетического разнообразия хлопчатника по таким его признакам, как способность к адаптации, толерантность, устойчивость к стрессам. В этой связи вопросы, связанные с отбором ДНК маркеров, генетически связанных с качеством волокна, внедрение этих маркеров в МАС технологию и создание на этой основе новых сортов хлопчатника, приобретают особую научную значимость.

В настоящее время в наше республике уделяется особое внимание внедрению в сельскохозяйственное производство интенсивных и инновационных разработок при создании новых сортов, повышении их урожайности и устойчивости к различным заболеваниям. Благодаря реализации этих мероприятий достигнуты важные результаты, в частности картирование ряда полезных генов хлопчатника, идентифицированы ДНК маркеры, генетически ассоциированные с признаками качества волокна, создано множество новых, перспективных скороспелых, высокоурожайных и с высоким выходом волокна сортов хлопчатника. В Стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан¹ намечены задачи «по внедрению в сельскохозяйственное производство интенсивных разработок и созданию новых селекционных сортов, адаптированных к местным почвенно-климатическим экологическим условиям. Исходя из этих установок,

¹Указ Президента Республики Узбекистан “О стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан” за № УП-4947 от 7 февраля 2017 г..

частности, путем в внедрения в исследования средневолокнистого хлопчатника вида (*G.hirsutum*) технологии маркер ассоциированной селекции (МАС), создание первичного селекционного материала, содержащего в своем геноме локусы количественных признаков, обеспечивающих повышение качества волокна, а также новых перспективных сортов хлопчатника приобретает важное научно практическое значение.

Данное диссертационное исследование в определённой степени служит выполнению задач, указанных в Законе Республики Узбекистан «О селекционных достижениях» от 29 августа 2002 года № 395-И, Указе Президента Республики Узбекистан от 15 сентября 2017 года УП-3281 «О мерах по рациональному размещению сельскохозяйственных культур и прогнозированию производства продуктов сельского хозяйства», в Указе Президента Республики Узбекистан № ПП-4947 «О стратегии дальнейшего развития Республики Узбекистан» от 7 февраля 2017 года, а также в других нормативно-правовых документах, принятых в данной сфере.

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

Степень изученности проблемы. Зарубежные ученые Chen et al. (2007), Zhang et al. (2008), пользуясь ДНК-маркерами, провели исследования по созданию карты генетического сцепления хлопчатника, картированию его важнейших агрономических признаков, а также изучению генетического разнообразия этой культуры. Mumtaz et al, (2007) с помощью SSR маркеров осуществили интrogессию QTL-локусов из генома *G.barbadense* в *G.hirsutum* и добились удлинения волокна на 2-3 мм. Geng с соавт. (1995) использовали технологию RAPD-маркеров для создания сортов хлопчатника, устойчивых к паутинному клещу и тле. Китайские ученые Shang с соавт. (2016) на основе молекулярных маркеров получили рекомбинантные инбредные линии и бекроссные популяции средневолокнистого хлопчатника. Ученые из США (Gutierrez et al. 2011, J.C.McCarty и др., 2017), пользуясь ДНК маркерами CIR316, GH132, BNL3279 и BNL569, дислоцированными на 18 и 21 хромосомах хлопчатника, и связанными с QTL-локусами, детерминирующими резистентность хлопчатника к галловой корневой нематоде, создали новые линии, устойчивые к данному патогену.

Ученые из СНГ - Ю.П. Алтухов (2002), А.А. Банникова (2004); Г.Е. Сулимова (2004); М.Г. Смарагдов (2009); Т.В. Матвеева (2011); Е.К. Хлесткина (2011) и другие, используя молекулярные маркеры, добились существенного сокращения продолжительности селекционного процесса.

Отечественные ученые Ш. Юнусханов (2003), Р. К. Шадманов (2004), М. Х. Авазходжаев в селекции хлопчатника пользовались традиционными технологиями, основанными на биохимических маркерах - белках, ферментах и вторичных метаболитах. Позже Абдурахмонов (2008; 2009) среди первых в мире, пользуясь ДНК-маркерами, провел анализ неравновесности сцепления генов

хлопчатника, картирование локусов количественных признаков и идентификацию ДНК-маркеров, пригодных для программ МАС хлопчатника.

Тем не менее, до настоящего времени в литературе нет работ по использованию технологии ДНК-маркеров для улучшения качества волокна и созданию на этой основе новых сортов.

Связь темы диссертации с планами научно-исследовательских работ научно-исследовательского учреждения, где выполнена работа. Диссертационное исследование выполнено в рамках запланированных научно-исследовательских работ Центра геномики и биоинформатики по темам фундаментальных, прикладных и инновационных проектов Ф4-Т149 «Исследование генома хлопчатника для разработки маркер ассоциированной селекции» (2007-2011); А6-Т029 “Использование технологий маркер-ассоциированной селекции, пирамидирования генов и генной инженерии для получения генетически-обогащенных генотипов хлопчатника” (2012-2014 гг.), ФА-И5-Т017 “Размножение высококачественных семян хлопчатника линии Равнак-1 и Равнак-2, созданных с помощью маркер ассоциированной селекции (МАС)” (2015-2016 гг.).

Целью исследования является получение первичных селекционных образцов и создание новых сортов хлопчатника, содержащих локусов хозяйственного признака улучшающие признаки качества волокна на основе внедрения программ маркер - ассоциированной селекции (МАС) для средневолокнистого хлопчатника (*G.hirsutum*).

Задачи исследования:

отбор ДНК маркеров, генетически связанных с признаками качества волокна и полиморфных между родительскими образцами;

отбор родительских образцов из гермоплазмы хлопчатника с использованием ДНК-маркеров;

пользуясь МАС-технологией проведение прямого и беккросс скрещивания между отобранными родительскими формами и создание гибридных комбинаций.

молекулярно-генотипические анализы в комбинациях беккроссовых гибридов и отбор генотипов, содержащих в своем геноме необходимые QTL аллели;

на основе биоинформационических анализов идентификация кандидатных генов и белков в регионах, фланкирующих перенесенные QTL-локусы;

из генотипов BC₅ гибридных комбинаций, содержащих в своем геноме QTL аллели, генетически связанные с признаками качества волокна, создание новых сортов хлопчатника с улучшенным волокном;

выращивание созданных беккроссовых гибридов и сортов вместе с контрольными образцами в полевых условиях рандомизированным методом, и анализ признаков качества волокна;

внедрение в производство новых сортов хлопчатника.

Объектом исследования были линии хлопчатника Л-141, L-N1 и Saenr Pena 85 (доноры), местные виды хлопчатника Андижон-35 и Мехнат

(реципиенты), а также беккроссные линии и новые сорта хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2, созданные на их основе.

Предметом исследования являются QTL-локусы хлопчатника, генетически связанные с признаками качества волокна, параметры качества волокна, а также другие хозяйствственно-ценные признаки.

Методы исследования. В диссертации использованы методы классической генетики и селекции хлопчатника, современные методы геномики (выделение ДНК, проведение ПЦР и генотипирование), а также биоинформатики и статистики.

Научная новизна исследования состоит в следующем:

впервые доказано влияние на признаки прочности и длины волокна ДНК маркеров генетически связанные с признаками качества волокна посредством использования МАС технологии;

выявлены донорные линии содержащие QTL локусов связанные с признаками качества волокна из уникальных образцов генома средневолокнистого хлопчатника;

созданы ряд беккросс гибридных комбинаций, содержащие QTL аллели, генетически связанные с признаками качества волокна с помощью МАС технологии, и обосновано генотипическое и фенотипическое наследование перенесенных аллелей;

выделены образцы с наличием нужных QTL аллелей в своём геноме и с гомозиготным состоянием этих аллелей;

идентифицированы кандидатные гены и белки, управляющие процессы развития волокна из QTL регионов, перенесённых на основе биоинформационных анализов;

доказано, что у беккросс гибридных комбинаций и сортов созданных на основе МАС технологии показатели качества волокна выше, по сравнению с контрольными образцами;

Практические результаты исследования состоит в следующем:

создан ряд первичных селекционных образцов путем интродукции QTL локусов, ассоциированных с признаками качества волокна хлопчатника;

впервые в Узбекистане созданы новые сорта хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2, имеющие улучшенные показатели качества волокна на основе МАС технологии;

организованы первичные семеноводческие питомники сортов Равнак-1 и Равнак-2, размножены их супер-элитные семена, которые переданы фермерским хозяйствам.

Достоверность результатов исследования обосновывается применением в работе современных методов и подходов геномики. Результаты обработаны, анализированы и подтверждены анализом вариаций данных с применением (ANOVA), (AMOVA) и других статистических методов. Кроме того, достоверность данных обосновывается ежегодной положительной оценкой со стороны аprobационной комиссии, соответствием полученных результатов теоретическим данным, публикацией результатов в

ведущих научных изданиях и практической реализацией результатов исследования.

Научная и практическая значимость результатов исследования. Научная значимость результатов исследований определяется созданием панели полиморфных маркеров, генетически ассоциированных с качеством волокна хлопчатника, применением МАС технологии при получении образцов беккроссовых гибридов средневолокнистого хлопчатника, повышением качества волокна у полученных гибридов, проведением отбора образцов беккросс гибридов на основании данных молекулярного анализа их ДНК и подтверждением наследования перенесенных аллелей в беккросс гибридах.

Практическая значимость результатов исследования заключается в создании новых образцов первичного селекционного материала, т.е. МАС беккросс линий хлопчатника, в выявлении среди них форм с улучшенными качествами волокна и высокой урожайностью, в том, что эти сорта прошли контроль по оценке однородности новых сортов хлопчатника со стороны Государственной комиссии Республики Узбекистан по испытанию сортов сельскохозяйственных культур, их выращиванием в фермерских хозяйствах и получением высокого урожая.

Внедрение результатов исследования. На основе научных результатов, полученных при создании новых сортов Равнак-1 и Равнак-2 с использованием технологии ДНК маркер ассоциированной селекции (МАС):

сорта Равнак-1 и Равнак-2 внедрены в фермерские хозяйства Наманганской области (Справка Министерства сельского и водного хозяйства Республики Узбекистан от 19 февраля 2018 г №20/20-114). В результате создана возможность получить с новых сортов урожай в среднем 40 ц с гектара с высоким качеством волокна;

современная технология ДНК-маркер ассоциированной селекции, использованная в селекции средневолокнистого хлопчатника (*G.hirsutum*), была применена при создании первичного семеноводства сортов в рамках выполнения инновационного проекта по теме ФА-И5-Т017 “Размножение высококачественных семян хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2, созданных на основе Маркер ассоциированной селекции (МАС)” (Справка Академии наук Республики Узбекистан №4/1255-214 от 29 января 2018 года). В результате подготовлены качественные супер-элитные семена хлопчатника с высокой однородностью и всхожестью;

сорта Равнак-1 и Равнак-2, а также более 10 селекционных образцов включены в ведущего в республике уникальный объект “Генофонд уникального хлопчатника и других культур, созданных на основе геномных технологий”, (Справка Академии наук Республики Узбекистан от 2 апреля 2018 г, № 4/1255-820). Образцы обогатили коллекцию гермплазмы хлопчатника и дали возможность получить путём МАС технологии новые линии на основе пирамидирования признаков качества волокна и устойчивости к вилту

Апробация результатов исследования. Результаты исследований были обсуждены на 10 научно-практических конференциях, из которых 3 международные и 7 республиканские.

Опубликованность результатов исследования. По теме диссертации опубликовано всего 16 научных работ. Из них 5 научных статей, в том числе 3 в республиканских и 2 в материалах международных форумов, приравненных президиумом ВАК РУз к статьям, опубликованным в зарубежных журналах, рекомендованных Высшей аттестационной комиссией Республики Узбекистан для публикации основных научных результатов докторских диссертаций.

Структура и объем диссертации. Структура диссертации состоит из введения, пяти глав, заключения, списка использованной литературы, приложений. Объем диссертации составляет 100 страниц.

ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

В разделе “**введение**” обоснована актуальность и значимость исследования, описаны цель и задачи исследования, объекты и предметы исследования, показано соответствие его приоритетным направлениям развития науки и технологий в республике, приведены практические результаты и научная новизна исследования, освещены научно-практическая значимость результатов, внедрение результатов исследований в производство, сведения по опубликованным работам и структуре диссертации.

Первая глава диссертации с названием “**Сущность, применение, преимущества, современное состояние технологии маркер ассоциированной селекции**” содержит информацию о проводимых в этом направлении исследованиях за рубежом и в нашей республике. Представлена информация о сущности технологии МАС, её создании, о типах и названиях ДНК - маркеров, применяемых в МАС-технологии, вкратце описаны те исследования, где эта технология применялась. В главе также приведены сведения об использовании технологии МАС применительно к конкретным сельскохозяйственным культурам, описаны новые сорта, созданные с помощью данной технологии, приводятся все преимущества и достоинства данной технологии, по сравнению с методами традиционной селекции. Наряду с этим представлена информация о создании карты сцепления и генетическом картировании хлопчатника, выявлении ДНК-маркеров, связанных с важными хозяйственными признаками хлопчатника, о роли и эффективности МАС технологии в программах по повышению устойчивости хлопчатника к внешним воздействиям, а также улучшению качества волокна. Кроме этого также дан обзор литературы по кандидатным генам и белкам хлопчатника, идентифицированных с использованием биоинформационических программ и данных *in silico* ПЦР.

Во второй главе диссертации «**Материалы, методы и условия исследования**» подробно описываются методы, условия и материалы исследования. Дан подробный перечень реагентов и оборудований,

используемых в работе, описаны методы анализа ДНК (выделение, гель-электрофорез, ПЦР, генотипирование), показателей качества волокна, методы статистической обработки данных, а также биоинформационические программы.

В третьей главе диссертации, под названием «**Отбор родительских форм для скрещивания и создание МАС - гибридных комбинаций**», приведены исследования по отбору ДНК-маркеров, генетически связанных с признаками качества волокна, выбору родительских форм из гермоплазмы хлопчатника, скрещиванию и созданию ряда бекроссных гибридных комбинаций. Кроме этого, приведены результаты молекулярных и статистических анализов, проведенных на генотипах бекроссных гибридов.

В первом разделе данной главы приведены данные по отбору ДНК маркеров и образцов растений для использования в программе МАС. Критерием отбора донорных генотипов из коллекции гермоплазмы хлопчатника было их генетическое разнообразие по таким параметрам, как принадлежность к различным экотипам, генетическая отдаленность друг от друга, наличие в геноме этих образцов QTL аллелей, генетически связанных с параметрами качества волокна. Для интогрессии QTL из этих генотипов методом технологии МАС в качестве генотипов-реципиентов были выбраны более 10 коммерческих сортов хлопчатника, которые культивируются в республике, но имеют относительно низкие показатели качества волокна (V промышленные типы). Для мониторинга трансфера QTL аллелей в процессе гибридизации были отобраны 23 ДНК маркера, обладающие способностью дискриминировать родительские генотипы и ассоциированные с важнейшими признаками волокна (рис.1).

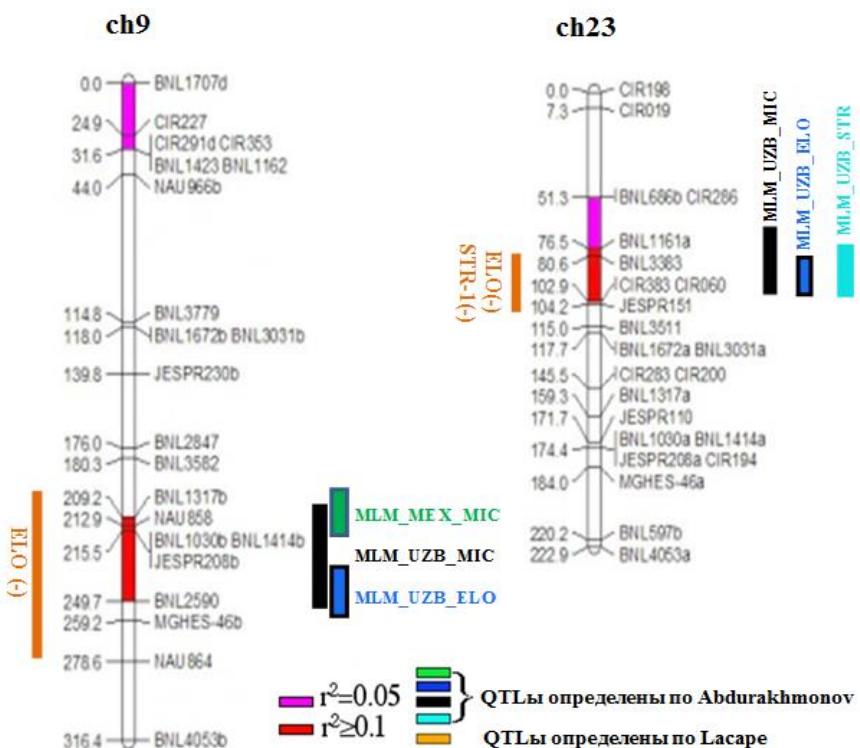


Рисунок 1. Пример выбора SSR маркеров для МАС- исследований.

Во втором разделе приведены результаты масштабных исследований по созданию гибридных комбинаций, пользуясь технологией МАС. Для этого были осуществлены скрещивания между отобранными образцами доноров и реципиентов и получены несколько гибридных комбинаций. В целях закрепления генома реципиентного сорта было проведено повторное скрещивание (беккросс) гибридов первого поколения с материнским генотипом и получены ряд беккроссовых комбинаций (рис. 2).

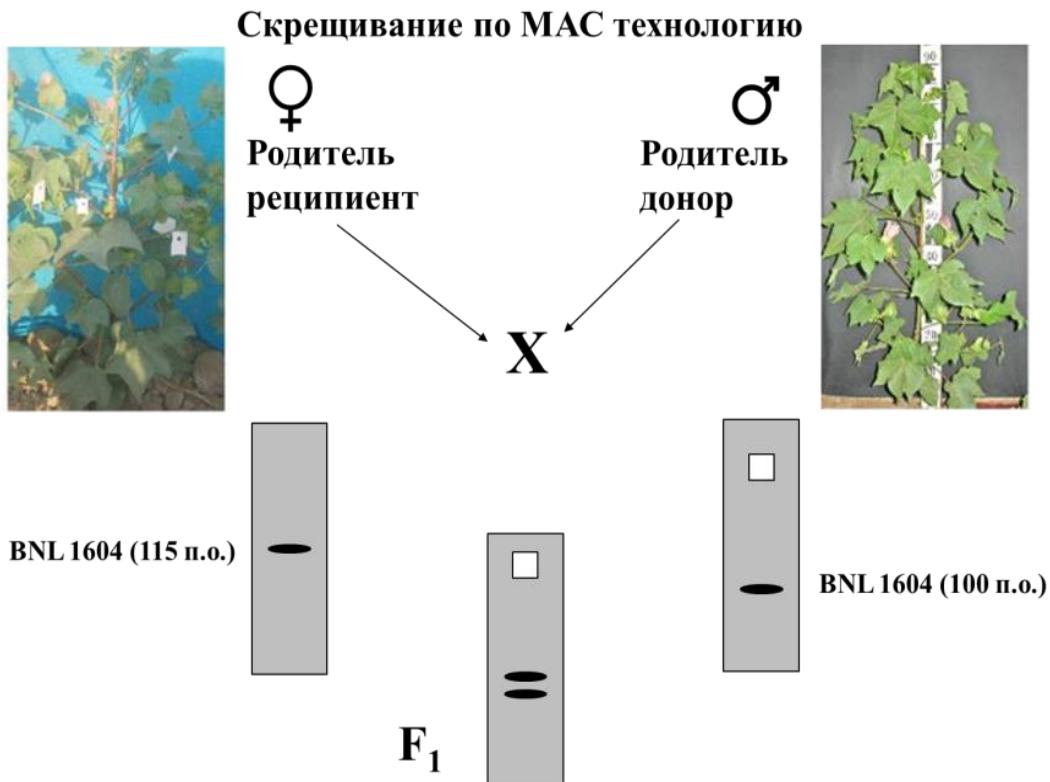


Рисунок 2. Схема гибридизации при создании МАС-гибридных комбинаций.

Выбранная для интроверсии аллель ДНК-маркера BNL1604, генетически ассоциированная с длиной и прочностью волокна, упоминается в работах многих зарубежных авторов (Zhang ZS et al., 2009, Yu JZ et al., 2012, Wang et al., 2017). Кроме этого, в исследованиях по ассоциативному картированию хлопчатника, осуществленному учеными Центра Геномики и биоинформатики (I. Yu. Abduraxmonov et al., 2008; 2009), также выявлено, что данный локус дислоцирован на 16-той хромосоме. Таким образом, нами, в числе первых, был маркирован и внедрен в селекцию хлопчатника генетический локус, расположенный на 16 хромосоме, и связанный с длиной и прочностью волокна (рис.3).

Из генотипов каждой МАС беккросс комбинации выделялась ДНК, которая зондировалась на предмет наличия у них маркера BNL1604 и те образцы, которые содержали целевые аллели, ассоциированные с прочностью и длиной волокна, отбирались для последующих экспериментов.

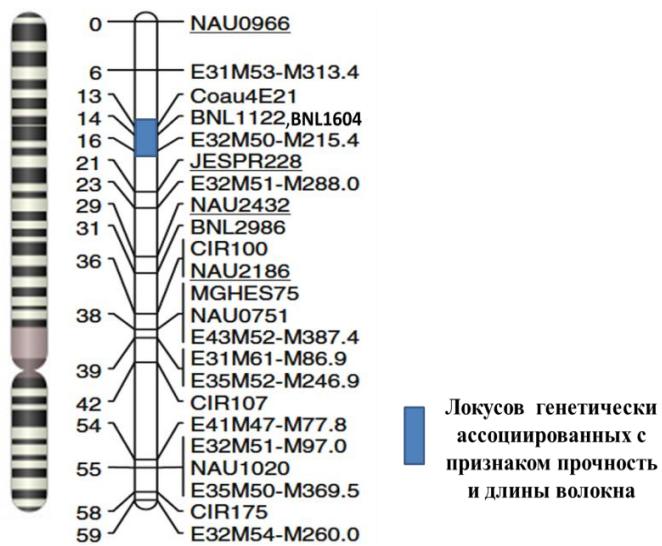


Рисунок 3. Схематическое изображение 16-ой хромосомы хлопчатника с маркерными локусами, детерминирующими длину и прочность волокна.

По результатам молекулярно-генотипических анализов из 188 генотипов BC₅F₁ в комбинации скрещивания ((Андижан-35 x L-141) x Андижан-35) 105 растений были гетерозиготными, то есть, содержали как донорные, так и реципиентные аллели, а у остальных 83 генотипов тестируемый регион генома был аналогичен геному реципиента (рис.4).

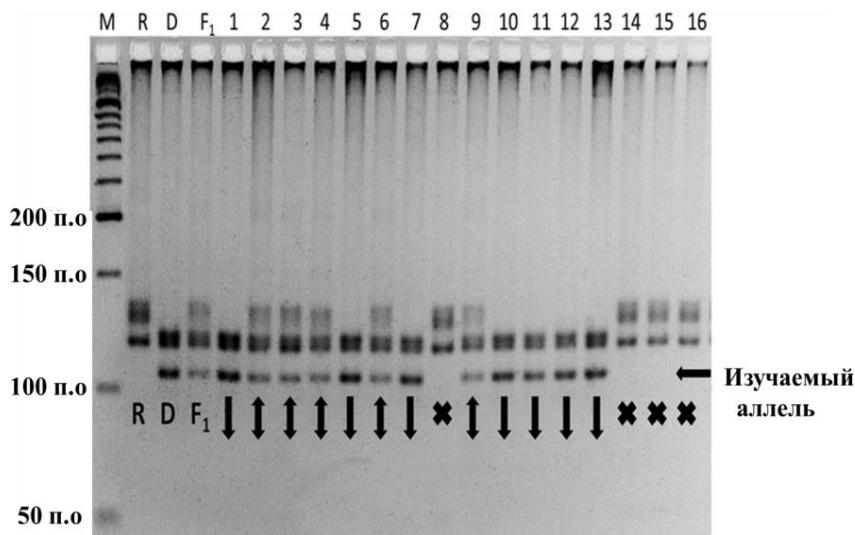


Рисунок 4. Электрофореграмма в агарозном геле ПЦР продуктов, полученных с использованием маркера BNL 1604. М – маркер для определения молекулярной массы ДНК, R – реципиент, D – донор, F₁ – гибрид первого поколения, с 1- по 16 гибриды BC₅F₁, ↓ – маркер в гомозиготном состоянии, ↑ – маркер в гетерозиготном состоянии, ✕ – маркеры, не имеющие тестируемые признаки.

Образцы волокна отобранных гибридных растений вместе с волокном контрольных растений были проанализированы с помощью оборудования HVI в центре «Сифат». Выявлено, что у образцов BC₅F₁, геном которых содержит маркерный локус, перенесенный от донора, тестируемые признаки, т.е. длина и прочность волокна, действительно оказались существенно выше,

по сравнению с показателями тех гибридных образцов, у которых реципиентные и маркерные аллели не проявлялись (таблица 1).

Таблица 1

Средние показатели данных НВІ гибридов BC₅F₁((Андижан-35×L-141)×Андижан-35)

Признаки	BC ₅ F ₁		Андижан-35		L-141		Гибриды, не содержащие маркеры		Наманган-77	
	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ
Mic	4,4	0,3	4,9	0,8	4,1	0,2	5,0	0,01	4,7	0,3
Str	36,5	0,6	32,6	0,9	41,1	0,6	29,5	0,5	30,8	0,7
Len	1,27	0,01	1,12	0,01	1,28	0,19	1,09	0,06	1,11	0,03
Unf	85,0	1,2	82,5	1,3	86,0	1,1	82,0	0,6	82,8	0,1
Elg	8,9	0,8	7,4	0,6	7,8	0,1	8,1	0,2	8,0	0,4
Staple length	37,0	0,5	31,9	1,0	37,5	0,7	32,4	0,8	31,2	0,01
Lint, %	35,3	0,3	36,4	0,5	30,9	0,6	34,9	0,4	36,2	0,1

Все образцы сравнивались между собой по изучаемым признакам с помощью дисперсионного анализа ANOVA (Analysis Of Variance) (рис. 5).

Учитывая высокие показатели волокна у созданных гибридов BC₅F₁ из этой комбинации путём индивидуального отбора были выделены новые линии.

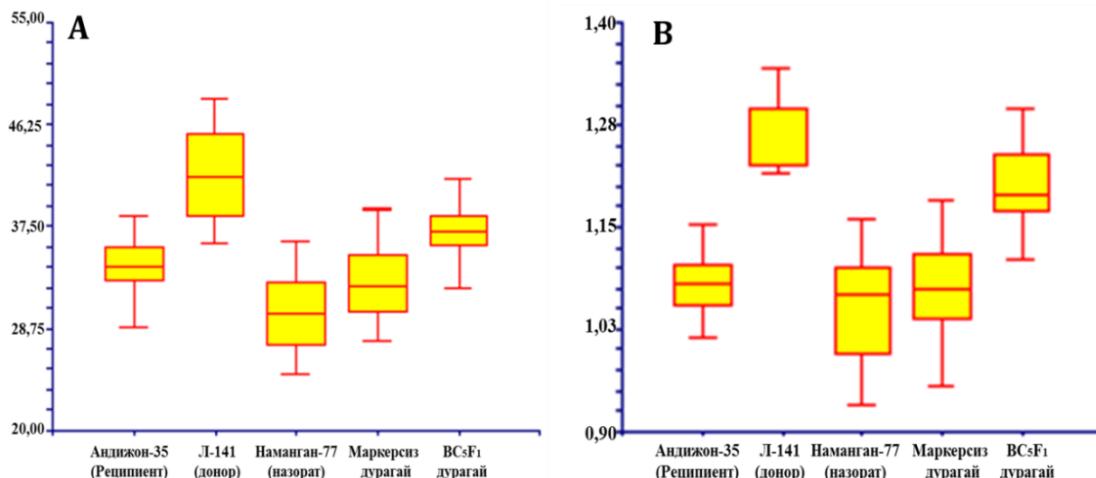


Рисунок 5. Дисперсионный анализ гибридов BC₅F₁. (F- Test, alpha = 0,05). а) длина волокна, б) прочность волокна. Образцы исследований: Андижан-35-реципиентный генотип; BC₅F₁ - гибриды, имеющие QTL аллели; L-141 - донорный генотип; Наманган-77 - стандарт (контроль); BC₅F₁ - гибриды BC₅F₁ без QTL аллеля (контроль)

В следующем разделе данной главы освещены исследования, где на основе технологии МАС было проведено объединение (пирамидирование) в одном местном сорте нескольких QTL локусов, связанных с такими признаками, как прочность, длина и элонгация волокна, и созданы беккросные гибриды BC₄F₂. Данные статистического анализа параметров волокна демонстрируют наличие существенных различий между гибридами

BC₄F₂, сортом Андижан-35 и стандартом- Наманган-77 (таблица 2), что, повидимому, является следствием эффекта привнесенных QTL локусов на проявление признаков качества волокна у гибридов BC₄F₂. Более того, результаты проведенных анализов свидетельствуют о том, что новые QTL аллели, у комплектованные вместе в одном новом генотипе, оказывают положительное влияние на тестируемые признаки у беккросс гибридов BC₄F₂.

В четвертой главе диссертации, озаглавленной “**Определение на основе биоинформационных анализов кандидатных генов и белков в перенесённых QTL регионах**” приведены результаты исследований, проведенных с помощью *in silico* ПЦР-анализов и биоинформационических программ с целью определения кандидатных генов и белков, расположенных в участках, flankирующих ДНК-маркеры, которые были использованы для улучшения признаков качества волокна.

Таблица 2

Многомерное сравнение показателей качества волокна генотипов, выполненное с помощью теста Краскл-Уолис (Kruskal-Wallis Multiple-Comparison Z-Value Test).

Образцы	Андижан-35	Гибриды BC ₄ F ₂	Л-141	Наманган-77	Saenr pena85
Элонгация волокна, %					
Андижан-35	0.0000	4.0530**	0.1182	1.3119	0.3591
Гибриды BC ₄ F ₂	4.0530**	0.0000	3.4468	5.3861**	2.0800
Л-141	0.1182	3.4468	0.0000	1.2488	0.2659
Наманган-77	1.3119	5.3861**	1.2488	0.0000	1.1058
Saenr pena85	0.3591	2.0800	0.2659	1.1058	0.0000
Длина волокна, дюйм					
Андижан-35	0.0000	1.7291*	5.0761	0.9611	0.5817
Гибриды BC ₄ F ₂	1.7291*	0.0000	3.3350	2.6751**	0.4675
L-141	5.0761	3.3350	0.0000	6.0077	2.6586
Наманган-77	0.9611	2.6751**	6.0077	0.0000	1.1316
Saenr pena85	0.5817	0.4675	2.6586	1.1316	0.0000
Прочность волокна, г/тех					
Андижан-35	0.0000	0.3897	3.3483	4.6296	1.8394
Гибриды BC ₄ F ₂	0.3897	0.0000	2.8593	4.7504**	2.0360
L-141	3.3483	2.8593	0.0000	7.3989	3.8626
Наманган-77	4.6296	4.7504**	7.3989	0.0000	0.7678
Saenr pena85	1.8394	2.0360	3.8626	0.7678	0.0000

Объяснение: Андижан-35 – реципиентный генотип; BC₄F₂ – гибриды с QTL-аллелями; L-141 и Saenr pena 85 – донорные генотипы; Наманган-77 – стандарт (контроль);

*Существует значительная разница в медианах, когда Alfa = 0,05.

**Существует значительная разница в медианах (Regular Test), если значение z > 1,9600.

В первом разделе четвертой главы приведены результаты *in silico* анализов QTL локусов, генетически связанных с признаками “длина и прочность волокна”. Для проведения *in silico* ПЦР анализов с помощью

программного пакета UGENE 1.20.0 воспользовались геномом *G. hirsutum* и праймерными парами, генетически связанными с признаками длина и прочность волокна. В результате виртуального ПЦР анализа определена нуклеотидная последовательность регионов (по 50000 п.н.), фланкирующих с двух сторон маркерный локус BNL1604. Таким образом, получен сиквенс региона с общей протяженностью более 100000 пар нуклеотидов, который был использован для определения кандидатных генов, дислоцированных на этом тестированном участке генома хлопчатника.

Во втором разделе четвертой главы приведены данные по выявлению кандидатных генов и белков в регионе дислокации маркерного локуса BNL1604 на основе нуклеотидных последовательностей ДНК, виртуально синтезированного путём *in silico* ПЦР. С использованием базы данных генома хлопчатника *G. hirsutum* идентифицированы 9 кандидатных генов. Далее, пользуясь алгоритмом BLASTP web-программы - BLAST, были идентифицированы белки, кодируемые выявленными генами. В таблице 3 приведены ряд из них, играющие важную роль в росте и развитии растений, а также участвующие в образовании клеток волокна.

Таблица 3.

Гены/белки, обнаруженные в регионе дислокации маркера BNL1604.

№	Выявленные белки	Хромосомы, где дислоцированы белки	Позиция начального нуклеотида виртуального ампликона в хромосомах	Позиция конечного нуклеотида виртуального ампликона в хромосомах
1	STERILE APETALA-подобный транскрипционный фактор	At _chr16	6282176	6288496
2	F-box белки	At _chr16	8244594	8246168
3	Белки, участвующие в синтезе терпенов	At _chr16	38828990	38831500
4	протеины комплекса ядерной поры	At _chr16	44814590	44824203
5	Серин/ треонин-протеинкиназу	At _chr16	72187539	72188951
6	Протеинкиназы, содержащие лейцин-богатые повторы	At _chr7	91473055	91481820

Так, например, в районе дислокации маркера BNL1604 идентифицируются нуклеотидные последовательности, кодирующие F-box белки. Известно, что белки F-box взаимодействуют с белками DELLA, участвующими в сигнальной трансдукции, инициируемой фитогормонами. В свою очередь фитогормоны ауксины и гиббереллины участвуют в процессе развития хлопкового волокна, оказывая положительное влияние на начальной стадии развития и удлинения волокна (Qing Miao et al., 2017).

STERILE APETALA-like- транскрипционный фактор, который наряду с множеством других факторов транскрипции участвует в формировании компонентов цветка хлопчатника и развитии хлопкового волокна.

Также в маркерных регионах были идентифицированы последовательности, кодирующие белки, участвующие в синтезе терпенов. Известно, что хлопчатник содержит госсипол, а также терпеновые альдегиды, которые в качестве фитоалексинов обеспечивают устойчивость хлопчатника к заболеванию вилтом основным патогеном хлопчатника.

Белковая составляющая ядерной поры -протеин NUP133 участвуют в цветении и созревании пыльцы, удлинении корней, а также в физиологических процессах во время размножения растений. Показано, что мутации генов комплекса белков ядерной поры приводили к раннему цветению и удлинению корней модельного растения *Arabidopsis* (Kentaro Tamura et al ., 2013).

Протеинкиназы, содержащие лейцин-богатые повторы, “*Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase*” (LRR-RLK) участвуют в растениях в широком спектре процессов. Например, в развитии меристемы, при вторичном росте и развитии, при микроспорогенезе и эмбриогенезе, в сигнальной трансдукции, инициируемой брацисиостероидами BR. В частности, американские ученые показали, что, обрабатывая цветки хлопчатника брацисиостероидами, можно вызвать удлинение волокна.

В регионе тестирования выявляются нуклеотидные последовательности, кодирующие серин/треонин-протеинкиназу. Этот фермент участвует во многих сигнальных путях, в том числе в регуляции активности фосфатидилинозитол 3-киназы. В свою очередь фосфатидилинозитол 3-киназа вовлечена в процессы, связанные с ростом корней у растений, она регулирует деятельность цитоскелета и эндосом, а также играет важную роль в удлинении корневых капилляров. В свою очередь показано существование положительной корреляции между удлинением корней, корневых капилляров и длиной хлопкового волокна (Pang et al., 2010).

В пятой главе диссертации под названием “**Создание генетически обогащенных сортов хлопчатника и их внедрение в производство с помощью технологии МАС**” приведены результаты исследований по созданию новых сортов Равнак-1 и Равнак-2 с улучшенными показателями волокна с помощью технологии МАС, а также анализ качества волокна этих сортов и внедрение их в производство.

В первом разделе данной главы сообщается о создании сортов Равнак-1 и Равнак-2, а также представлены показатели качества волокна у этих генотипов, свидетельствующие о том, у обоих МАС-сортов Равнак-1 и Равнак-2 показатели качества волокна значительно улучшены по сравнению с реципиентными сортами. В частности, эти сорта имеют высокую прочность волокна и более длинное волокно. Например, у реципиентного сорта «Андижан-35» прочность волокна составляет 32 г/текс, длина волокна 34 мм, а у сорта «Равнак-1» эти показатели значительно выше, составляя, соответственно, 37 г/текс и 38 мм. У сорта Равнак-2, содержащего переведенные с помощью молекулярных маркеров локусы, определяющие качество волокна, прочность волокна оказалась на 17%, а длина волокна на 9% выше, по сравнению с реципиентным сортом «Мехнат».

Во втором разделе пятой главы приведены данные по изучению эффекта перенесенных QTL на качество волокна сортов хлопчатника Равнак-1 и

Равнак-2 с использованием различных статистических программ. Как показали результаты анализа, данные по длине и прочности волокна у сорта Равнак-1 и Равнак-2 заметно отличаются от таковых у реципиентного сорта Андижон-35 и Мехнат, а также тех генотипов – гибридов (ноль сегрегант), которые не содержали целевые QTL –локусы (рис 6)

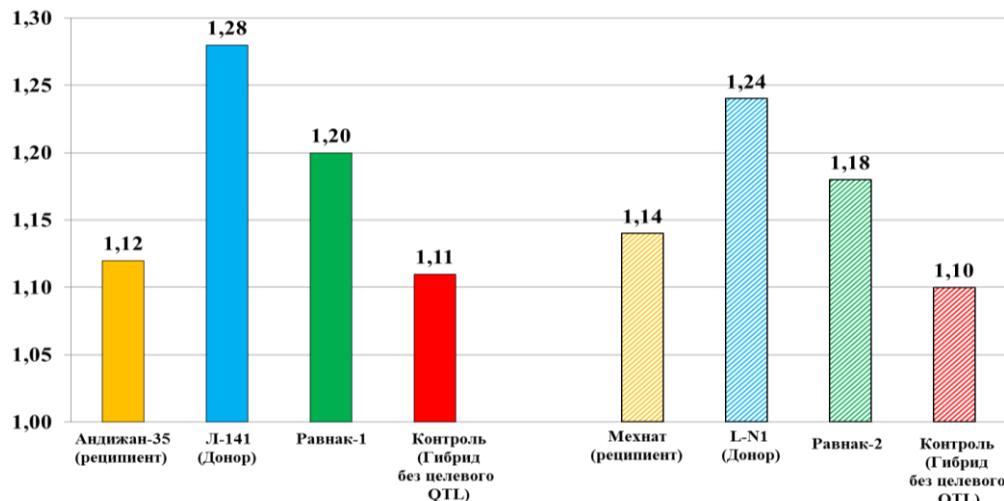


Рисунок 6. Длина волокна сортов хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2.

Для изучения генетической корреляции между отдельными показателями качества волокна сорта Равнак-1 был проведен статистический анализ с помощью метода Пирсона. По результатам корреляционного анализа выявлена значимая положительная корреляция ($r = 0,516$ при $p < 0,001$) между прочностью и длиной волокна. Высокая и средняя положительные зависимости обнаружаются между однородностью волокна и двумя другими признаками прочностью ($r = 0,549$, $p < 0,001$) и длиной ($r = 0,370$, $p < 0,001$). В свою очередь, между этими двумя признаками и остальными показателями качества волокна выявляется отрицательная или несущественная слабо положительная зависимость (Таблица 4).

Таблица 4

Корреляция по Пирсону некоторых показателей качества волокна у сорта хлопчатника Равнак-1.

№	Признаки	Len	Mic	Unf	Elg
1	Прочность волокна (Str)	0,516***	-0,159**	0,549***	-0,120***
2	Длина волокна (Len)		-0,248**	0,370**	-0,008*
3	Микронейр (Mic)			-0,183**	0,122**
4	Однородность (Unf)				-0,034*

Примечание: * - $p \leq 0,05$, ** - $p \leq 0,01$, *** - $p \leq 0,001$

В таблице-5 представлены показатели качества волокна, анализированные с помощью HVI установки, у другого МАС-сорта Равнак-2 в сравнении с родительскими сортами, стандартным сортом Наманган-77, а также с гибридами, не содержащими в своем геноме маркерный локус.

Результаты анализа демонстрируют отсутствия у сорта Равнак-2 (при $p \leq 0,05$) обратной генетической корреляции между отдельными показателями

качества волокна. Например между длиной (Len) и прочностью (Str), элонгацией (Elg) и однородностью (Unf) также обнаруживается прямая слабая положительная зависимость.

Таблица 5

Показатели качества волокна хлопчатника сорта Равнак-2

Признаки	Равнак-2		Мехнат		LN-1		Гибриды, не содержащие маркеры		Наманган-77	
	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ	X ⁻	δ
Mic	4,4	0,03	4,8	0,03	3,7	0,06	4,7	0,05	4,7	0,04
Str	32,1	0,29	27,1	0,51	41,7	0,38	25,5	0,45	30,9	0,48
Len	1,20	0,00	1,08	0,01	1,23	0,01	1,09	0,01	1,11	0,01
Unf	83,4	0,81	82,3	0,30	85,6	0,17	82,6	0,31	82,8	0,24
Elg	7,8	0,07	7,6	0,05	7,8	0,05	7,8	0,09	8,0	0,07
Lint, %	37,5	0,23	39,7	0,21	36,3	0,21	37,9	0,27	36,2	0,22

Если у сорта Равнак-2 сила корреляционной зависимости между показателями волокна была средне положительной ($r=0,572$), то у сорта Мехнат она слабо положительная. Получается, что у сорта Равнак-2 чем выше длина волокна, тем показатели прочности, элонгации и однородности волокна также выше (рис 7). На основании этих анализов можно сделать вывод, что прямая корреляция, наблюдалась у МАС сортов между прочностью и длиной волокна, может быть следствием аддитивного действия QTL локуса, перенесенного от донорного генотипа реципиенту, то есть результатом совместного действия генов.

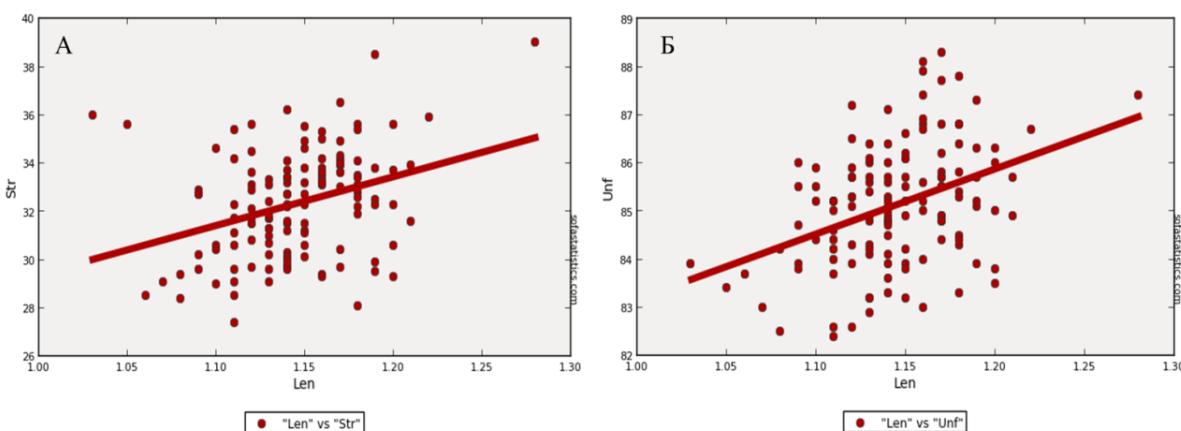


Рисунок 7. Взаимо-генетическая корреляция между показателями качества волокна у сорта Равнак-2. Между: А – длиной волокна (Len) и прочностью волокна (Str) ($p < 0,001$, $r = 0,377$); Б – длиной (Len) и однородностью (Unf) волокна ($p = 0,001$, $r = 0,360$):

В заключительном разделе пятой главы представлена информация об организации первичного семеноводства новых сортов хлопчатника, созданных технологией МАС для дальнейшего посева их в больших масштабах. Для размножения супер-элитных семян сортов Равнак-1 и

Равнак-2 в “Специальном семеноводческом хозяйстве” Центра геномики и биоинформатики АН РУз было организовано первичное семеноводство этих сортов. В 2017 году суперэлитные семена сорта хлопчатника Равнак-1 были размножены на площади в 26 га в специализированном семеноводческом фермерском хозяйстве “Навбахор Намунаси”, а сорт Равнак-2 – на площади в 30 га в фермерском хозяйстве “Тепақўрғон ибрати” Наманганской области. В обеих фермерских хозяйствах урожайность хлопка сырца составила более 40 ц/га. В 2018 году были посеве эти сорта на площади в 1000 га, по 500 га-каждый.

ВЫВОДЫ

На основе проведенных исследований по теме «Создание новых сортов хлопчатника Равнак-1 и Равнак-2 с использованием технологии ДНК маркер ассоциированной селекции (МАС)» представлены следующие выводы:

1. При интродрессии локусов количественных признаков, ассоциированных с качеством волокна, и улучшении параметров качества волокна, ДНК-маркеры продемонстрировали свой позитивный эффект.
2. Донорные генотипы, содержащие в своем геноме QTL-локусы, детерминирующие качество волокна, проявляют себя как ценный первичный материал для создания на их основе новых сортов хлопчатника с высоким качеством волокна.
3. Пользуясь технологией МАС создано несколько гибридных беккросс комбинаций, содержащих QTL аллели, ассоциированные с длиной и прочностью волокна, в гомозиготном состоянии, и эти гибридные генотипы служать в качестве исходного материала с высоким качеством хлопкового волокна в будущих генетико-селекционных программах по хлопчатнику.
4. На основании биоинформационического анализа перенесенных QTL локусов установлено присутствие в этих регионах ряда кандидатных генов, участвующих непосредственно или опосредовано в развитии волокна, и играющих важную роль в развитии растения в целом.
5. Выявлено, что у генотипов беккроссовых гибридных комбинаций старшего поколения и новых сортов хлопчатника, созданных на основе МАС технологии, содержащих в своем геноме целевые QTL аллели, показатели качества волокна выше, по сравнению с контрольными образцами.
6. Подтверждена эффективность МАС технологии при создании новых сортов, благодаря сокращению продолжительности селекционного процесса, проведении отбора на основе фенотипа и генотипа, расширении генетического разнообразия хлопчатника.
7. У сортов Равнак-1 и Равнак-2 выявленная положительная корреляция между длиной и прочностью волокна является выражением аддитивного эффекта перенесенных от донора к реципиенту целевых QTL аллелей, т.е. совместного действия генов.
8. Сорта Равнак-1 и Равнак-2, созданные на основе МАС технологии, рекомендуются фермерским хозяйствам в качестве перспективных сортов.

**SCIENTIFIC COUNCIL ON AWARD OF SCIENTIFIC DEGREES
DSc.29.08.2017.B.53.01 AT THE INSTITUTE OF GENETICS AND PLANT
EXPERIMENTAL BIOLOGY AND NATIONAL UNIVERSITY
OF UZBEKISTAN**

CENTER OF GENOMICS AND BIOINFORMATICS

DARMANOV MUKHTOR MUXAMMADOVICH

**CREATION OF NEW COTTON VARIETIES RAVNAQ-1 AND RAVNAQ-2
USING DNA MARKER ASSISTED SELECTION TECHNOLOGY (MAS)**

03.00.14 – Genomics, proteomics and bioinformatics

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

Tashkent – 2018

The title of doctoral (PhD.) dissertation has been registered by the Supreme Attestation Commission at the Cabinet of Ministers of the Republic of Uzbekistan with registration numbers of B2018.2.PhD/B174

The dissertation has been carried out at the Center of Genomics and Bioinformatics.

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

Scientific supervisor:

Abdurakhmonov Ibrokhim Yulchievich
Doctor of biological sciences, academician

Official opponent:

Turdikulova Shaxlo Utkurovna
Doctor of biological sciences

Kurbanbaev Ilkham Djumanazarovich
Doctor of biological sciences

Leading organization:

Institute of Bioorganic chemistry

The defense of the dissertation will take place on « ____ » _____ 2018 at _____ at the meeting of Scientific Council DSc.29.08.2017.B.53.01 at the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology and National university of Uzbekistan. (Address: 111226, Tashkent region, Kibray, Yuqori-yuz, Conference hall of the palace of the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Tel.: (+99871) 264-23-90; Fax (+99871) 264-23-90; E-mail: igebr@academy.uz

Doctoral dissertation is registered at the Information-resource center of Institute of Genetics and Plant Experimental Biology (with registration number № ____): where can be familiarized in the Information-resource center. (111226, Tashkent region, Kibray, Yuqori-yuz, Tel. (+99871) 264-23-90; Fax (+99871) 264-23-90; E-mail: igebr@academy.uz

Abstract of dissertation sent out on « ____ » _____ 2018 year
(mailing report № _____ dated _____ 2018 year).

A.A. Narimanov

Chairman of Scientific Council for awarding of the scientific degrees, Doctor of Agricultural Sciences

S.M. Nabihev

Scientific Secretary of Scientific Council for awarding of the scientific degrees, Doctor of Philosophy

Z.T. Buriev

Chairman of Scientific Seminar under Scientific Council for awarding of the scientific degrees, Doctor of Biological Sciences

INDRODUCTION (abstract of PhD thesis)

The aim of the research work is to create of new cotton varieties with QTLs that improve fiber quality traits by implementation of modern marker assisted selection (MAS) for Upland cotton (*G.hirsutum*).

The object of the research are L-141, L-N1 and Saenr Pena 85 cotton genotypes (as donors) and elite cotton cultivars Andijon-35 and Mehnat (as recipients), as well, backcross hybrids that derived through crossing L-141, L-N1, Saenr Pena 85 with Andijon-35 and Mehnat and new cotton varieties Ravnak-1 and Ravnak-2.

Scientific novelty of the research is as follows:

for the first time, DNA markers associated with fiber quality traits were proved by affecting to fiber length and strength using markers assisted selection strategy;

donor genotypes which contained QTL alleles related with fiber quality traits among the unique samples of germplasm collection were identified;

the number of backcrossed hybrid combinations were developed that contained QTL alleles genetically associated with fiber quality using MAS technology and explored genotypic and phenotypic inheritance of transferred alleles;

the cotton genotypes which exist interested QTL alleles in their genome and homozygous by these alleles were isolated from several hybrid combinations;

several candidate genes and proteins which control fiber development and other important gene expressions were identified in QTL-transferred regions based on bioinformatics analysis;

fiber quality traits of new varieties and backcrossed hybrid combinations were proved by increased their fiber quality than controls using MAS technology;

Implementation of the research results. On the basis of obtained results of the creation of new genetically enriched cotton varieties of Ravnak-1 and Ravnak-2 using the technology of the marker of associated selection (MAS):

Ravnak-1 and Ravnak-2 cotton varieties were implemented to the cotton-growing farms in Namangan region (Ministry of Agriculture and Water Resources of the Republic of Uzbekistan Data №20/20-114 of February 19, 2018). As a result, it was possible to collect on average 40 c/ha of raw cotton with higher fiber quality;

The modern DNA marker assisted selection technology for upland cotton (*G.hirsutum*) breeding was used in the creation of primary seed varieties in the framework of the innovative project on the theme FA-I5-T017 “Reproduction of high-quality cotton seeds Ravnak-1 and Ravnak-2, created on the basis of the Marker Associated Selection (MAS)”. (Reference of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan №. 4/1255-214 of January 29, 2018). Results allow us to produce high-quality super-elite cotton seeds with high homogeneity and germination;

Ravnak-1 and Ravnak-2, as well as more than 10 breeding samples were included in the unique object leading in the Republic "Genofond of unique cotton

and other cultures created on the basis of genomic technologies" (Reference Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan. April 2018, No. 4 / 1255-820). The provided samples have enriched the collections of cotton germplasm and allow developing new cotton lines that have high fiber quality and wilt resistance traits using marker assisted gene-pyramiding method.

Structure and volume of the dissertation. The structure of the dissertation consists of an introduction, five chapters, a conclusion, a list of literature, and applications. The volume of the thesis is 100 pages.

ЭЪЛОН КИЛИНГАН ИШЛАР РЎЙХАТИ
СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ
LIST OF PUBLISHED WORKS

I бўлим (I часть; Part I)

1. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тураев О.С., Туланов А.А., Хусенов Н.Н., Маткаримов М.Ў, Мирзаёқубов К.Э, Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.* / МАС технологияси асосида яратилган Равнақ-2 ғўза навида тола сифат кўрсаткичларини ўрганиш. ЎзМУ хабарномаси 2017/2. 2017. 47-51 бет.
2. Дарманов М.М., Кушанов Ф.Н., Макамов А.Х., Тураев О.С., Туланов А.А., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. /МАС технологияси асосида яратилган BC₅F₁ (Андижон-35 x Л-141) дурагай комбинациясида молекуляр ва статистик таҳлил. Қарду хабарлари 2017 й. 51-56 бет.
3. Darmanov M. M., Makamov A. K., Turaev O. S., Husenov N. N., Matkarimov M. U., Norbekov J. K., Kushanov F. N., Buriev Z. T., Abdurakhmonov I. Y. / Statistical analysis for fiber quality traits of cotton cultivar Ravnaq-1 derived through MAS technology. ICAC conference Tashkent 2017.Pg.18-20.
4. M.M. Darmanov, O.S. Turaev, A.Kh. Makamov, F.N. Kushanov, I.Y.Abdurakhmonov / Development of cotton varieties with improved fiber quality traits using MAS technology. Ўзбекистон биология журнали Тошкент 2017. 40-44 бет.
5. Mukhtor M. Darmanov, Abdusalom Makamov, Fakhreddin N. Kushanov, Zabardast T. Buriev, Ibrokhim Y. Abdurakhmonov. /Marker-assisted selection for cotton. The proceeding of Tashkent International Innovation Forum. Tashkent. 19-21 May, 2015. Pg.260-267.

II бўлим (II часть; Part II)

6. Дарманов М.М., Юсупов З., Комилов Д.Ж., Макамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдураҳмонов И.Ю. Маркерларга асосланган селекция усулидан фойдаланиб ғўзада тола эластиклигини яхшилаш, Академик А.Қосимов таваллудининг 75 йиллигига бағишиланган “Ўзбекистонда биотехнологиянинг ривожланиши ва истиқболлари” илмий-амалий анжумани материаллари, 31-32-бетлар, Андижон-2012
7. М.М. Дарманов, А.Х. Макамов, Ф.Н. Кушанов, Ш.Э. Шерматов, З.Т. Буриев, И.Ю. Абдураҳмонов. Ғўзада тола пишиклиги даражасини маркерларига асосланган селекция (МАС) технологияси асосида ошириш, Илм-фан тараққиёти ва иқтисодиётни инновацион ривожлантириш республика ёш олимлар илмий-амалий конференцияси материаллари тўплами, 2012 йил 5 декабр. 169-170.
8. М.М. Дарманов, А.Х. Макамов, Ф.Н. Кушанов, А.А. Туланов, О.С. Тўраев, Т.М. Норов, З.Т. Буриев, И.Ю. Абдураҳмонов. / Маркерларга асосланган селекция технологияси асосида ғўзада тола узунлигини яхшилаш. Селекция ва уруғчилик бўйича илмий тадқиқотларни ташкил этишнинг муҳим йўналишлари республика илмий-амалий анжумани материаллари 180-183 бетлар, тошкент 2013 й.

9. М.М. Дарманов, Ф.Н. Кушанов, А.Х. Макамов, Д.Э. Усмонов, К.Э. Мирзаёкубов, З.Т. Буриев, И.Ю. Абдурахмонов “Улучшение качества волокна с помощью маркер-вспомогательной селекции” Материалы Республиканской научно-практической конференции Ташкент, 21 ноября 2013 г.
10. Darmanov M.M., Makamov A.Kh., Turaev O.S., Kushanov F.N., Buriev Z.T., Abdurakhmonov I.Y. // Improvement of fiber quality traits of upland cotton (G. hirsutum) on the basis of mas technology. // 22 th international Pushino school conference of young scientist Biology the science of 21th century . Pushino, Russia, April 23-27, 2018. P. 96-97.
11. М.М. Дарманов, Ф.Н. Кушанов, А.Х. Макамов, А.А. Туланов, О.С. Тўраев, Ф.Н. Рахматов, С.Г. Ачилов, З.Т. Буриев, А. Абдукаримов, И.Ю. Абдурахмонов. Фўза беккросс авлодларида тола сифати билан генетик бириккан QTL локусларининг ирсийланиши, Республика ёш олимлар илмий-амалий конференцияси, 2014
12. Kushanov F.N., Makamov A.Kh., Darmanov M.M., Turaev O.S., Tulanov A.A., Shermatov Sh.E., Buriev Z.T., Abdurakhmonov A., Abdurakhmonov I.Y. New cotton varieties obtained through MAS technology, ICGI cotton conference, Wuhan Hubai, China, 2014.
13. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Туланов А.А., Тўраев О.С., Рахматов Ф.Н., Хусенов Н.Н., Кушанов Ф.Н., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. Генларни пирамидалаш усулини қўллаб ғўзанинг хўжалик қимматли белгиларига бириккан янги локусларни бир генотипга жамлаш“ Қишлоқ хўжалик экинлари агробиологияси ютуқлари, муаммолари ва истиқболлари” Республика илмий-амалий конференцияси материаллари. Тошкент 5 июн 2015 й. 67-68 б.
14. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Ачилов С.Г., Норбеков Ж.К., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. “МАС технологияси билан олинган беккросс дурагайларда тола сифат кўрсаткичларининг статистик тахлили” Ёш олимлар илмий-амалий конференцияси маъруза тезислари тўплами 2015 йил 22 декабрь.
15. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Туланов А.А., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. МАС технологияси асосида яратилган BC₅F₁ дурагайларида тола сифат кўрсаткичларининг генетик корреляцияси ”Биология, экология ва тупроқшуносликнинг муҳим муаммолари”. Ўзбекистон Миллий университети. 28-январ 2016 й.
16. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Туланов А.А., Хусенов Н.Н., Мирзаёкубов К.Э., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. / Равнақ-1 навида ўтказилган QTL эффицентини статистик тахлиллар ёрдамида баҳолаш. Генетика, геномика ва биотехнологиянинг муҳим муаммолари номли Республика илмий амалий анжумани. Геномика ва биоинформатика маркази. 18-май 2017 йил.

Автореферат «Ўзбекистон биология журнали» журнали таҳририятида таҳрирдан ўтказилган.

Босишга руҳсат этилди: 11.05.2018 йил
Бичими 60x84 $1/16$. «TimesNewRoman»
гарнитурада рақамли босма усулда чоп этилди.
Шартли босма табоғи 3. Адади 100. Буюртма № 57

“Fan va ta’lim poligraf” MChJ босмахонасида чоп этилди.
Тошкент шаҳри, Дўрмон йўли кўчаси, 24-уй.