

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

---

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

**MURODOVA SOJIDA MAQSADBOY QIZI**

**NO'XATNING (*CICER ARIETINUM L.*) KOLLEKSIYA NAMUNALARINI  
SSR DNK MARKERLARI BILAN FUZARIOZGA CHIDAMLI BO'LGAN  
LOKUSLARINI ASSOTSIATIV KARTALASHTIRISH**

**03.00.09 – Umumiy genetika**

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

**TOSHKENT – 2025**

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

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

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

**Murodova Sojida Maqsadboy qizi**

No‘xatning (*Cicer arietinum L.*) kolleksiya namunalarini SSR DNK markerlari bilan fuzariozga chidamli bo‘lgan lokuslarini assotsiativ kartalashtirish..... 3

**Муродова Сожида Мақсадбой кизи**

Ассоциативное картирование локусов устойчивости к фузариозу с SSR-ДНК-маркерами коллекционных образцов нута (*Cicer arietinum L.*).....21

**Murodova Sojida Makhsadboy kizi**

Association Mapping of Fusarium Resistance Loci Using SSR DNA Markers in Chickpea (*Cicer arietinum L.*) Collection Samples..... 41

**E‘lon qilingan ishlar ro‘yxati**

Список опубликованных работ

List of published works..... 45

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

---

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

**MURODOVA SOJIDA MAQSADBOY QIZI**

**NO'XATNING (*CICER ARIETINUM L.*) KOLLEKSIYA NAMUNALARINI  
SSR DNK MARKERLARI BILAN FUZARIOZGA CHIDAMLI BO'LGAN  
LOKUSLARINI ASSOTSIATIV KARTALASHTIRISH**

**03.00.09 – Umumiy genetika**

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

**TOSHKENT – 2025**

**Biologiya fanlari bo'yicha falsafa doktori (PhD) dissertatsiyasi mavzusi O'zbekiston Respublikasi Oliy ta'lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Oliy attestatsiya komissiyasida B2023.4.PhD/B1050 raqami bilan ro'yxatga olingan.**

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

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

**Ilmiy rahbar:**

**Bozorov Tohir Ahmadovich**  
biologiya fanlari doktori, katta ilmiy xodim

**Rasmiy opponentlar:**

**Sherimbetov Anvar Gulmirzayevich**  
biologiya fanlari doktori, professor

**Turayev Ozod Sunnataliyevich**  
biologiya fanlari falsafa doktori, katta ilmiy xodim

**Yetakchi tashkilot:**

**Ilg'or texnologiyalar markazi**

Dissertatsiya himoyasi Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti huzuridagi DSc.02/30.12.2019.B.53.01 raqamli Ilmiy kengashning 2025 yil «\_\_\_\_» «\_\_\_\_» kuni soat \_\_\_\_dagi majlisida bo'lib o'tadi. (Manzil: 111208, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz 266-uy, Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti majlislar zali. Tel.: (99871) 264-23-90, faks: (99871) 264-22-30, e-mail: [igebr@academy.uz](mailto:igebr@academy.uz), [igebr\\_anruz@mail.ru](mailto:igebr_anruz@mail.ru), [genetika@exat.uz](mailto:genetika@exat.uz) ).

Dissertatsiya bilan Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti Axborot-resurs markazida tanishish mumkin (\_\_\_\_ raqami bilan ro'yxatga olingan). (Manzil: 111208, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz 266-uy, Genetika va eksperimental biologiya instituti. Majlislar zali. Tel.: (99871) 264-23-90.

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

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

**I.Dj. Kurbanbayev**  
Ilmiy darajalar beruvchi ilmiy  
kengash ilmiy kotibi, b.f.d.,  
professor

**S.K. Baboyev**  
Ilmiy darajalar beruvchi ilmiy  
kengash qoshidagi ilmiy seminar  
raisi, b.f.d., professor

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

Dunyoda aholining oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlashga bo'lgan ehtiyoji ortib borayotgani sababli, yuqori hosildor, kasalliklarga chidamli va ekologik barqaror qishloq xo'jaligi ekinlarini yetishtirish masalasi global ahamiyat kasb etmoqda. Dukkakli ekinlar, xususan no'xat (*Cicer arietinum* L.), o'zining yuqori ozuqaviy qiymati, tuproq unumdorligini yaxshilash xususiyati hamda azot fiksatsiyasi orqali barqaror dehqonchilikka qo'shgan hissasi tufayli dunyo bo'ylab keng e'tirof etilmoqda. No'xat yetishtirish jarayonida eng katta muammolardan biri fuzarioz wilt kasalligidir. Ushbu kasallik o'simliklarning ildiz tizimini zararlab, vegetatsiya davrida qurishiga olib keladi va hosildorlikni 60% gacha kamaytirishi mumkin. An'anaviy kurash choralarining samaradorligi past bo'lib, ko'plab hollarda ekologik xavf tug'diradi. Shu nuqtayi nazardan fuzariozga chidamli no'xat navlarni yaratish va ularni aniqlash hozirgi kunda qishloq xo'jaligida ilmiy va amaliy ahamiyatga ega.

Jahonda no'xatning fuzarioz kasalligiga chidamliligini o'rganishga qaratilgan molekulyar-genetik tadqiqotlar keng miqyosda olib borilmoqda. No'xat o'simligining mikrosatellit molekulyar markerlarga asoslangan genetik xilma-xilligini o'rganish, SSR mikrosatellit markerlar asosida genotiplarni bir biridagi allellar bo'yicha ajratish, shuningdek turli xil markerlar yordamida *Fusarium* turlarini aniqlash patogen izolyatlarini dala sharoitida kasallangan o'simliklardan ajratish hamda Fuzarioz wilt kasalligiga chidamlilikni DNK markerlari yordamida assotsiativ xaritalash muhim ahamiyatga ega.

Respublikamizda no'xat ekinini genetik va agrotexnik jihatdan takomillashtirish bo'yicha ilmiy-tadqiqot ishlari bosqichma-bosqich rivojlanmoqda. Jumladan, no'xatning milliy genofondini saqlash, agrobiologik va xo'jalik jihatdan qimmatli belgilarini o'rganish, kasalliklarga chidamli genotiplarni ajratish yo'nalishlarida tadqiqotlar olib borilmoqda. O'zbekiston Respublikasi Qishloq xo'jaligini rivojlantirishning 2020-2030 yillarga mo'ljallangan strategiyasida<sup>1</sup> "...dukkakli ekinlar yetishtiriladigan maydonlarni kengaytirish, shu orqali qishloq xo'jaligi mahsuldorligini oshirish va tuproq unumdorligini yaxshilash, genetik tadqiqotlar va seleksiya ishlari orqali kasallikka chidamli, yuqori hosilli ekin navlarini yaratish" bo'yicha vazifalar belgilab berilgan. Ushbu vazifalarni amalga oshirishda no'xatning jahon kolleksiyasi namunalaridan hosildor, sifat ko'rsatkichlari yuqori, kasalliklarga chidamli bo'lgan namunalarni tanlab olishda molekulyar markerlardan foydalanish yaxshi samara beradi shuningdek ushbu markerlar fuzariozga chidamli bo'lgan genlar/lokuslar bilan bog'liq genetik hududlarni aniqlashda muhim ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi.

O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019 yil 23-oktyabrdagi PF-5853-son "O'zbekiston Respublikasi qishloq xo'jaligini rivojlantirishning 2020-2030 yillarga mo'ljallangan strategiyasini tasdiqlash to'g'risida"gi Farmoni, 2020-yil 12-avgustdagi PQ-4805-son "Kimyo va biologiya yo'nalishlarida uzluksiz ta'lim

---

<sup>1</sup> O'zbekiston Respublikasi Prezidentining 2019 yil 23-oktyabrdagi PF-5853-son "O'zbekiston Respublikasi qishloq xo'jaligini rivojlantirishning 2020-2030 yillarga mo'ljallangan strategiyasini tasdiqlash to'g'risida"gi Farmoni

sifatini va ilm-fan natijadorligini oshirish chora-tadbirlari to'g'risida" gi, O'zbekiston Respublikasi Prezidentining qarori, 2022 yil 28 yanvardagi PQ-106-son "Qishloq xo'jaligi ekinlari urug'chiligini yanada rivojlantirish bo'yicha qo'shimcha chora-tadbirlar to'g'risida"gi qarori, 2024-yil 16-fevraldagi PF-36-sonli "Respublikada oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlashning qo'shimcha chora-tadbirlari to'g'risida" gi farmonlari hamda mazkur faoliyatga tegishli boshqa me'yoriy-huquqiy hujjatlarda belgilangan vazifalarni amalga oshirishga ushbu biologiya fanlari bo'yicha falsafa doktorlik darajasini olish uchun tayyorlangan dissertatsiya tadqiqoti muayyan darajada xizmat qiladi.

**Tadqiqotning Respublika fan va texnologiyalari rivojlanishining asosiy ustuvor yo'nalishlariga mosligi.** Mazkur tadqiqot respublika fan va texnologiyalar rivojlanishining V. "Qishloq xo'jaligi, biotexnologiya, mikrobiologiya, ekologiya va atrof-muhit muhofazasi" ustuvor yo'nalishiga muvofiq bajarilgan.

**Muammoning o'rganilganlik darajasi.** No'xatning SSR DNK markerlar yordamida genetik xilma xilligi hamda kasallikka chidamlilik belgisi bo'yicha izlanishlar dunyoning yetakchi davlatlari, jumladan AQSH, Xitoy, Hindiston, Eron, Pokiston, O'zbekiston va boshqa ko'plab mamlakatlar ilmiy markazlarida olib borilmoqda.

Xorijiy olimlar (Sharma 2017; Kumar 2018; Choudhary 2000; Gaur 2011; Sachdeva 2019; Moin 2020; Jha 2021; Lakmes 2024) tomonidan no'xat o'simligining mikrosatellit molekulyar markerlarga asoslangan genetik xilma-xilligini o'rganish, SSR mikrosatellit markerlar asosida genotiplarni bir biridagi allellar bo'yicha ajratish, shuningdek turli xil markerlar yordamida *Fusarium* turkumining Foc2 rassasiga chidamlilik belgisiga assotsiativ kartalash ishlari bo'yicha tadqiqotlar olib borilgan.

Qator mahalliy tadqiqotchilar (Azamov 2022; Qudratov 2021, Rahmanov 2016; Bobokulov 2022; Qulmamatova.D. 2022; Bobomuradov 2024,) tomonidan no'xat o'simligining kasalliklari, ularga chidamlilikni molekulyar markerlar bilan genetik tahlillari, hosildorlik ko'rsatkichlari, yetishtirish agrotexnologiyasi, urug' tarkibi, dukkaklilarning tuproq unumdorligiga ahamiyati bo'yicha tadqiqotlar olib borilgan.

Biroq, no'xat (*Cicer arietinum L.*) o'simligida DNK SSR markerlar yordamida uning fuzarioz kasalligiga chidamliligi bilan birgalikda hosildorlik elementlarini ustida tadqiqotlar haqidagi ma'lumotlar ilmiy adabiyotlarda yetarlicha keltirilmagan.

**Dissertatsiya mavzusining dissertatsiya bajarilgan ilmiy-tadqiqot muassasasi ilmiy-tadqiqot ishlari bilan bog'liqligi.** Dissertatsiya tadqiqoti O'z FA Genetika va O'simliklar biologiyasi instituti ilmiy-tadqiqot ishlari rejasining IL-402104268 "Molekulyar genetik uslublar yordamida no'xat va yasmiqning fuzariozga chidamli navlarini yaratish" mavzusidagi (2022-2024) amaliy loyiha doirasida bajarilgan.

**Tadqiqotning maqsadi.** No'xat (*Cicer arietinum L.*) kolleksiya namunalarining morfoxo'jalik belgilarini baholash va fuzariozga chidamli bo'lgan genlar/lokuslarni assotsiativ kartalashtirish asosida kasallikka chidamliligi bilan

bogʻlangan SSR DNK markerlarni aniqlash hamda chidamli donorlarni ajratib olishdan iborat.

**Tadqiqotning vazifalari** quyidagilardan iborat:

ICARDA (Qurgʻoqchil mintaqalarida qishloq xoʻjaligi tadqiqotlari xalqaro ilmiy markazi) kolleksiyasining noʻxat namunalarini morfoxoʻjalik belgilarini baholash;

fuzarioz bilan kasallangan noʻxat oʻsimligi toʻqimalaridan patogen zamburugʻlarni ajratib olish, molekulyar-genetik identifikatsiya qilish va genetik xilma-xilligini tavsiflash;

noʻxat oʻsimligining *Fusarium* turkumi zamburugʻlariga chidamlilik xususiyatlarini morfologik baholash;

SSR DNK markerlar yordamida noʻxat genotiplarining kasallikka chidamlilik va hosildorlik belgilari boʻyicha polimorfizmini aniqlash;

noʻxat namunalarida SSR DNK markerlari bilan kasallikka chidamlilik va hosildorlik belgilarining assotsiativ xaritasini ishlab chiqish va samarali markerlarni aniqlash;

noʻxat genotiplarining fuzariozga chidamliligi hamda hosildorlik belgilari bilan assotsiativ xaritasiga asoslanib, fenotipik va genotipik jihatdan ijobiy koʻrsatkichli donorlarni seleksiya ishlarida foydalanish uchun tavsiya qilishdan iboratdir.

**Tadqiqotning obʻekti** sifatida ICARDA xalqaro tashkilotining genetik kolleksiyasidan CIFWN (Chickpea International Fusarium Wilt Nursery 2020) va CIENMED (Chickpea International Elite Nursery for Mediterranean Environments 2021) pitomniklarining noʻxat namunalari hamda fuzarioz kasalligini keltirib chiqaruvchi fitopatogen zamburugʻ turlari olingan.

**Tadqiqotning predmeti.** Noʻxat (*Cicer arietinum* L.) oʻsimligining morfoxoʻjalik belgilari, fuzarioz kasalligiga chidamlilik xususiyatlari va fitopatogen zamburugʻ turlarining genetik xilma-xilligining tahlili hamda hosildorlik va chidamlilik belgilarga genetik birikkan SSR markerlari asosidagi molekulyar-genetik tahlillari hisoblanadi.

**Tadqiqot usullari.** Tadqiqotni bajarish jarayonida, mikologik, mikrobiologik, fitopatologik, molekulyar-biologik, molekulyar-genetik hamda bioinformatik tahlil usullaridan foydalanilgan.

**Tadqiqotning ilmiy yangiligi** quyidagilardan iborat:

mahalliy sharoitda ICARDA xalqaro tashkiloti noʻxat namunalarining morfoxoʻjalik belgilari baholangan va hosildorlik koʻrsatkichlari yuqori boʻlgan namunalar ajratib olingan;

respublikamizda *Fusarium* turkumining *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve* va *Fusarium gossypinum* izolyatlari kasallangan noʻxat oʻsimliklaridan ajratib olingan va polifazali identifikatsiya qilinib zamburugʻ turlari aniqlangan;

*Fusarium* turkumi turlari izolyatlarining xilma-xilligi FUSARIOD-ID maʼlumotlar bazasida molekulyar-genetik jihatdan isbotlangan va *Fusarium* turkumi turlari shtammlarining ribosomaning *inter transcribed spacer* (ITS)

*regioni*, *elongation factor 1a* (*tefl-a*) va *beta-tubulin* (*tub2*) DNK barkodlari bo'yicha turlararo va turkumlararo molekulyar filogeniyasi ishlab chiqilgan;

dala sharoitida kasallangan no'xat namunalardan ajratib olingan patogen zamburug'lar molekulyar identifikatsiya qilinganda *Fusarium* turkumiga tegishli 6 ta patogen zamburug' mavjud bo'lib bu zamburug'larning ichida *Fusarium brachygibbosum* zamburug'i boshqalariga nisbatan kuchliroq patogenlik ta'sir ko'rsatishi aniqlangan;

fuzariozga chidamliligi belgisi bilan assotsiativ kartalashtirish natijalarida Fuzarioz vilt kasalligiga chidamlilik bilan genetik birikkan SSR DNK markerlaridan TA42-LG5, TA125(A), TA125(B)-LG1, TA37-LG2, TR2-LG6 va TAASH-LG1 marker-belgi assotsiatsiyasi (MTA) aniqlangan;

genetik jihatdan polimorf markerlar asosida hosildorlik belgilarining assotsiatsiya (CASTMS10 marker- dukkak soni, dukkak og'irligi, don og'irligi bo'yicha, TA146 marker- dukkak soni, don soni belgisi bo'yicha, TAASH marker- dukkak og'irligi va kasallikka chidamlilik belgisi bo'yicha, TS35 marker-don soni belgisi bo'yicha assotsiativlikni namoyon qilgan) xaritasi tuzilgan.

#### **Tadqiqotning amaliy natijalari quyidagilardan iborat:**

ICARDA kolleksiyasi ichidan no'xat genotiplarining *Fusarium brachygibbosum* patogen zamburug'iga chidamlilik xususiyatini baholash hamda chidamlilik va hosildorlik belgilari bilan genetik birikkan SSR DNK markerlari yordamida fuzarioz viltga chidamli bo'lgan namunalar (17104, 17161, 17270, M29, M36) ajratib olingan;

dala sharoitida kasallangan no'xat o'simliklaridan umumiy 8 ta patogen zamburug' ajratib olingan. Umumiy *ITS*, *tefl-a* va *tub2* fragmentlariga asoslangan tur sekvens natijalari bo'yicha bu patogen zamburug'lar FUSARIOD-ID ma'lumotlar bazasida umumiy ajratib olingan 8 ta zamburug' turlari, *Fusarium* turkumiga kiruvchi 6 ta zamburug' turi - *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium breve*, *Fusarium gossypinum* ekanligi aniqlangan;

ajratib olingan patogenlarning *ITS regioni*, *tefl-a*, *beta-tubulin* DNK barkodlari sekvens natijalari quyidagi raqamlar PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221, PQ062219, PQ062223, PQ062217, va PQ062222 orqali NCBI bazasidan ro'yxatdan o'tkazilgan.

**Tadqiqot natijalarining ishonchliligi** biologiyaning zamonaviy (bir-birini to'ldiruvchi molekulyar genetik, bioinformatik) usullaridan, patogenlar Sanger usuliga asoslangan sekvenslash orqali molekulyar identifikatsiya qilinganligi, TASSEL, STRUCTURE, MEGA, kabi bioinformatik dasturlar orqali statistik usullardan, shuningdek, nazariy va amaliy ma'lumotlarga asoslangan yondashuvlardan foydalanilganligi, ko'p yillik tadqiqotlarning uslubiy jihatdan to'g'ri qo'yilganligi, olingan natijalarning dunyo hamda mamlakatimiz olimlari tadqiqot natijalari bilan qiyosiy tahlil qilinganligi, tadqiqotlar natijalarining yetakchi ilmiy jurnallarda hamda mahalliy va xalqaro ilmiy-amaliy



konferensiyalarda e'lon qilinganligi bilan izohlanadi.

**Tadqiqot natijalarining ilmiy va amaliy ahamiyati.** Tadqiqot natijalarining ilmiy ahamiyati no'xat (*Cicer arietinum L.*) kolleksiya namunalarining fuzarioz kasalligiga chidamliligi va hosildorlik belgilari bilan bog'langan SSR DNK markerlar aniqlanganligi, kasallik keltirib chiqaruvchi *Fusarium* turkumi fitopatogen zamburug'lari haqida ma'lumotlar boyitilganligi, bilan izohlangan.

Tadqiqot natijalarining amaliy ahamiyati O'zbekiston sharoitida dukkaklilarda (no'xat) *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve* va *Fusarium gossypinum* turlari qayd etilganligi, fuzariozga chidamliligi hamda bir necha hosildorlik belgilari bilan assotsiativ xaritasiga asoslanib, fenotipik va genotipik jihatdan ijobiy ko'rsatkichli 5 ta namuna seleksiya jarayonida foydalanish uchun tavsiya qilinganligi bilan izohlangan.

**Tadqiqot natijalarining joriy qilinishi.** No'xatning (*Cicer arietinum L.*) kolleksiya namunalarini SSR DNK markerlari bilan Fuzariozga chidamli bo'lgan lokuslarini assotsiativ kartalashtirish bo'yicha olingan ilmiy natijalar asosida:

no'xat o'simligida fuzarioz kasalligini qo'zg'atuvchi *Fusarium* turkumi turlari zamburug'larining: *Neocosmospora solani* (*Fusarium solani*)–IGPEB-1, *Neocosmospora caricae* (*Fusarium caricae*) – IGPEB-2, *Fusarium brachygibbosum*– IGPEB-4, *Neocosmospora falciformis* (*Fusarium falciforme*) - IGPEB-5, *Neocosmospora brevis* (*Fusarium breve*) – IGPEB-7, *Fusarium gossypinum* - IGPEB-8 shtammlarining sof kulturalari O'zR FA Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi institutining "Fitopatogen va boshqa mikroorganizmlar" noyob ob'ekti kolleksiyasi genofondiga topshirilgan (O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasining 2024 yil 6-avgustdagi № 4/1255-1758-son ma'lumotnomasi). Natijada kolleksiya *Fusarium* turkumi turlarining genofondini boyitish, elektron bazasi axborot-tahlil tizimini shakllantirish imkonini bergan;

*Fusarium* turkumi zamburug'i shtammining ITS regioniga asoslangan tur sekvensi bo'yicha olingan natijalar NCBI (AQSh Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi), EMBL-EBI Yevropa nukleotid arxivi (Buyuk Britaniya, Kembridj) va DDBJ Yaponiya DNK ma'lumotlar bazasida PQ062216, PQ062217, PQ062219, PQ062220, PQ062222 va PQ062223 ID raqamlari orqali ro'yxatdan o'tkazilgan (O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasining 2024 yil 6-avgustdagi № 4/1255-1758-son ma'lumotnomasi). Natijada O'zbekiston hududida tarqalgan *Fusarium* zamburug'ining turkumi turlarining shtammlari o'ziga xosligini aniqlash hamda ushbu shtammlarning nukleotidlar ketma-ketliklari ma'lumotlarini dunyoning turli mintaqalarida uchrovchi shtammlar bilan taqqoslash imkonini bergan.

**Tadqiqot natijalarining aprobatsiyasi.** Mazkur tadqiqot natijalari 6 ta, jumladan 2 tasi xalqaro, 4 tasi respublika ilmiy-amaliy anjumanlarida muhokamadan o'tkazilgan.

**Tadqiqot natijalarining e'lon qilinganligi.** Dissertatsiya mavzusi bo'yicha jami 9 ta ilmiy ish nashr etilgan, shundan O'zbekiston Respublikasi Oliy ta'lim, fan

va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Oliy Attestatsiya Komissiyasining doktorlik dissertatsiyalari asosiy ilmiy natijalarini chop etish tavsiya etilgan ilmiy nashrlarda 3 ta maqola, jumladan 2 ta respublika va 1 tasi xorijiy jurnallarda nashr etilgan.

**Dissertatsiyaning tuzilishi va hajmi.** Dissertatsiya tarkibi kirish, 5 ta bob, xulosalar, foydalanilgan adabiyotlar ro'yxati, shartli belgilar va atamalar ro'yxati hamda ilovalardan iborat. Dissertatsiya hajmi 109 betni tashkil etadi.

## DISSERTATSIYANING ASOSIY MAZMUNI

**Kirish** qismida olib borilgan tadqiqotning dolzarbligi va zarurati asoslangan, tadqiqotning maqsadi va vazifalari, ob'ekt va predmetlari tavsiflangan, ilmiy ishning respublika fan va texnologiyalari rivojlanishining ustuvor yo'nalishlariga mosligi ko'rsatilgan, tadqiqotning ilmiy yangiligi va amaliy natijalari keltirib o'tilgan, olingan natijalarning ilmiy va amaliy ahamiyati bayon qilingan, tadqiqot natijalarini amaliyotga joriy qilinishi, nashr qilingan ishlar va dissertatsiya tuzilishi haqida ma'lumotlar yoritilgan.

Dissertatsiyaning **“No‘xatda fuzarioz vilt kasalligiga chidamlilikning molekulyar genetik asoslari”** deb nomlangan birinchi bobida no‘xat o‘simligining qishloq xo‘jaligi va oziq ovqat sanoatida o‘rni, uning hosildorligiga ta’sir qiluvchi omillardan biri fuzarioz kasalligi qo‘zg‘atuvchisi, kasallikning yuqushi, ta’sir doirasi shuningdek patogenlarning irqi haqida ma'lumotlar keltirib o'tilgan. Fuzarioz vilt (FW) kasalligining kelib chiqishi bilan birga, dukkakli o‘simliklarga zarari haqida, shuningdek Fuzarioz vilt (FW) kasalligiga chidamlilikni DNK markerlari yordamida assotsiativ xaritalash hamda genom texnologiyalari usullarining qo'llanilishi orqali dunyo olimlarining tajribalari, ilmiy ishlari sharhi orqali keltirilgan. Dunyo olimlarining chop etilgan ko'plagan maqolalarining tahlili orqali mazkur ishning asosiy maqsadi va vazifalarining shakllanishida yordam beradi.

Dissertatsiyaning **“Tadqiqot o‘tkazilgan joy, sharoiti, manbayi va uslublari”** deb nomlangan ikkinchi bobida tadqiqot davomida foydalanilgan ob'ekt, material va tadqiqot usullari keng tavsiflangan. Tadqiqot usullarida asosan tadqiqotimiz uchun tanlab olingan no‘xat namunalarining dala sharoitida kasallangan o‘simliklardan patogenlarni ajratib olish, o‘simlikni qayta zararlantirish va kasallanishini baholash usullari, ajratilgan patogenlardan hamda no‘xat namunalaridan DNK namunalarini ajratish usullari, PZR va Gel-elektroforez usullari, shuningdek ajratib olingan patogenlarni molekulyar identifikatsiya qilish, SSR DNK markerlarning genetik tahlil usullari, belgi va marker assotsiatsiyasini (MTA) o‘tkazish usullari, natijalarni bioinformatik dasturi orqali tahlil qilish va patogenlarning sekvens natijalarini NCBI hamda FUSARIOD-ID ma'lumotlar bazasi bilan taqqoslash usullaridan foydalanilgan.

Dissertatsiyaning **“ICARDA Xalqaro tashkiloti no‘xat kolleksiyalarining morfoxo‘jalik belgilar”** nomli uchinchi bobda tadqiqot uchun tanlab olingan no‘xat namunalarining ikki yil davomida umumiy 26 ta belgilari o'rganilgan. Tadqiqotimiz uchun tanlab olingan ICARDA Xalqaro tashkilotining CIFWN (Chickpea International Fusarium Wilt Nursery 2020) va CIENMED (Chickpea

International Elite Nursery for Mediterranean Environments 2021) ko'chatzoridan umumiy bitta mahalliy nav o'z ichiga olgan 96 ta no'xat namunalarining dala sharoitida ikki yil davomida morfoxo'jalik belgilari hosildorlik ko'rsatkichlari hamda tabiiy dala sharoitida fuzarioz bilan kasallanishi belgilari o'rganildi. Kuzatilgan no'xat namunalarining morfologik belgilari bo'yicha barcha namunalarida gulining rangi oq, doni sariq rangli, shakli burishgan, poyasida, barg qo'ltig'ida antotsian rang hosil qilish holatlari uchramadi. Dala sharoitida no'xatning agrotexnologik jarayonlarni hisobga olganda unuvchanlik foizi 68 dan 100 foizgacha o'rtacha esa 87 foiz unib chiqdi, umumiy o'simliklar ichida poyasi tik o'suvchi vakillari 46 ta, 50 tasi esa yoyilib o'suvchi ekanligi aniqlandi. No'xat bargining tuzilishi ya'ni yirik, o'rtacha, mayda bargli guruhlariga hamda barg rangi jihatidan esa to'q yashil va och yashil kabi guruhlariga bo'lindi. Morfologik belgilari bilan birgalikda uning yana bir ahamiyatli belgisi ildiz tugunaklar soni aniqlandi. Ildiz tugunaklar soni o'simlikning gullash vaqtida o'rganilib bitta o'simlikda dukkaklar soni 7 tadan 35 tagacha ni tashkil qildi. Keyingi navbatta esa no'xatning SPAD ko'rsatkichi aniqlandi. SPAD ko'rsatkichi namunalarda 50 dan 79 gacha bo'lgan miqdorni namoyon qildi. Kasallangan o'simliklarning asosiy belgilarining namoyon bo'lishida birinchi no'xat barglarida sarg'ayish holatlari kuzatildi, keyinchalik o'simlik o'sishdan to'xtagani sezildi, barglar tarangligini yo'qotdi, ya'ni so'lish alomatlari yuzaga keldi va oxirgi bosqichida esa o'simlik quridi. Agar patogen zamburug' no'xatning dukkaklash vaqtida zararlasa sog'lom no'xatga qaraganda dukkaklarning puch bo'lib qolish holatlari kuzatiladi. Dala sharoitida kasallangan no'xatlar laboratoriyaga yig'ib olib kelinib uning kasallanish sababi yaxshiroq o'rganish maqsadida ulardan patogen zamburug'lar ajratildi bu haqida ko'proq ma'lumotlar IV- bobda batafsil yoritilgan.

Dala sharoitida kasallangan o'simliklarni poyasini o'rta qismi vertikal holatda kesib qaralganda uning markazida qo'ng'ir rang tusda patogen zamburug'ning mitseliy va sporalari tiqilib o'simlikning o'tkazuvchi sistemasini bloklab qo'yanini oddiy ko'z bilan ham ko'rishimiz mumkin. Dala sharoitida kasallanish darajasi kuzatilish natijasida 2022 yil natijalari bo'yicha 9 ta CIFWN namunalarida (17120, 17128, 17135, 17172, 17213, 17235, 17267, 17242) yuqori kasallanish darajalari kuzatildi. 2023 yil bo'yicha 2022 yilga nisbatan kam kasallanish holatlari kuzatilgan bo'lsa ham o'rtacha kasallanish darajasining 1,7 balligi 12 ta (M9, M20, M29, M34, 17112, 17124, 17141, 17145, 17148, 17150, 17166, 17206) namuna vakillarida aniqlandi. No'xatning dala sharoitidagi umumiy barcha morfo-xo'jalik belgilariga asoslanib shuningdek eng asosiy muhim hosildorlik belgilari bo'yicha yaxshi ko'rsatkichga ega bo'lgan dukkak va doni soni, hamda dukkak va don og'irligi belgilari bo'yicha yuqori ko'rsatkichga ega bo'lgan 96 ta namunalar ichidan 23 ta namunalar ajratib olindi. Ajratib olingan namunalarining har birining hosildorlik belgilari statistik tahlillari aniqlandi.

Laboratoriya sharoitida fuzarioz kasallikka chidamliligini tekshirilish natijalari orqali yuqori chidamlilikni ifoda qilgan shuningdek hosildorlik ko'rsatkichli belgilaridan dukkak soni dukkak og'irligi, don soni va don og'irligi kabi belgilari bo'yicha umumiy statistik tahlillarining o'rtacha ko'rsatkichidan yuqori

ko'rsatkichlarni namoyon qilgan namunalar ajratib olindi, 23 ta namuna ichida dukkak soni belgisi bo'yicha minimum 17114 namunasida  $51,2 \pm 2,5$  ni, maximum holatda esa 17104 namunasi uchun  $85,1 \pm 4,2$  ni namoyon qildi. Dukkak og'irligi bo'yicha eng kami 17135 namunasida  $20,7 \pm 1,3$  ni, va ko'p qiymatda esa 17106 namunasida  $39,1 \pm 1,8$  ni, don soni belgisi bo'yicha esa kam sondagi qiymat bo'yicha 17114 namunasida  $53,6 \pm 2,4$  ni, va maximum holatda esa  $92,4 \pm 7,3$  ni, don og'irligi belgisi bo'yicha esa kam va ko'p qiymatlarida kesimida M18 namunasida  $16,8 \pm 0,9$  ni va 17104 namunasida esa  $23,6 \pm 1,4$  kabi ko'rsatkichlarni namoyon qildi. Tadqiqotimiz davomida no'xat o'simligining hosildorlik ko'rsatkichlarini ifoda qiladigan yana bir muhim belgilardan biri bu ming don vazni belgisi hisoblanadi. Tadqiqotimizda foydalanilgan 96 ta no'xat namunalarining fuzariozga chidamliligi yuqori bo'lgan shuningdek yirik donli, ming don vazni belgisi bo'yicha ham yuqori ko'rsatkichga ega bo'lgan 10 ta namuna tanlab olindi (1-jadvalga qarang).

### 1-Jadval

#### Fuzariozga chidamli va ming don vazni belgisi bo'yicha yuqori bo'lgan no'xat namunalarining statistik tahlili

| CIFWN<br>CIENM<br>ED | Dukkak soni (1 ta<br>o'simlikdagi) |      | Dukkak og'irligi (1<br>ta o'simlikdagi) |      | Don soni (1 ta<br>o'simlikdagi) gr |      | Don og'irligi (1 ta<br>o'simlikdagi) gr |      | Ming<br>don<br>vazni<br>(gr) |
|----------------------|------------------------------------|------|-----------------------------------------|------|------------------------------------|------|-----------------------------------------|------|------------------------------|
|                      | X $\pm$ Sx                         | V %  | X $\pm$ Sx                              | V %  | X $\pm$ Sx                         | V %  | X $\pm$ Sx                              | V %  |                              |
| 17139                | 45,7 $\pm$ 2,6                     | 25,9 | 30,3 $\pm$ 1,7                          | 25,7 | 56,0 $\pm$ 2,9                     | 23,4 | 23,6 $\pm$ 1,2                          | 23,5 | 391,0                        |
| 17165                | 37,3 $\pm$ 1,8                     | 22,0 | 23,5 $\pm$ 1,2                          | 22,8 | 50,7 $\pm$ 2,6                     | 23,5 | 17,8 $\pm$ 0,9                          | 23,6 | 342,2                        |
| M1                   | 38,2 $\pm$ 2,2                     | 22,5 | 21,4 $\pm$ 1,5                          | 27,4 | 40,0 $\pm$ 2,6                     | 25,7 | 15,5 $\pm$ 1,1                          | 27,4 | 400,0                        |
| M7                   | 30,3 $\pm$ 2,1                     | 26,0 | 21,7 $\pm$ 1,4                          | 26,7 | 36,8 $\pm$ 2,0                     | 21,8 | 17,2 $\pm$ 1,0                          | 23,2 | 414,0                        |
| M9                   | 42,6 $\pm$ 2,1                     | 21,7 | 24,2 $\pm$ 1,3                          | 23,5 | 44,2 $\pm$ 1,9                     | 18,3 | 17,1 $\pm$ 1,0                          | 25,7 | 377,0                        |
| M19                  | 52,0 $\pm$ 2,4                     | 21,0 | 25,4 $\pm$ 1,3                          | 23,5 | 52,5 $\pm$ 2,3                     | 19,9 | 19,0 $\pm$ 1,0                          | 24,5 | 359,0                        |
| M20                  | 49,8 $\pm$ 1,8                     | 16,1 | 26,8 $\pm$ 1,1                          | 18,6 | 53,8 $\pm$ 1,8                     | 15,3 | 20,0 $\pm$ 0,8                          | 18,6 | 357,5                        |
| M26                  | 35,5 $\pm$ 2,0                     | 22,3 | 21,5 $\pm$ 1,1                          | 20,2 | 40,7 $\pm$ 1,8                     | 17,8 | 15,1 $\pm$ 0,9                          | 23,1 | 355,0                        |
| M29                  | 41,0 $\pm$ 2,1                     | 19,6 | 27,4 $\pm$ 1,6                          | 22,5 | 50,3 $\pm$ 2,9                     | 21,5 | 19,8 $\pm$ 1,3                          | 25,0 | 381,0                        |
| M36                  | 59,2 $\pm$ 3,2                     | 24,5 | 32,1 $\pm$ 1,9                          | 27,5 | 58,4 $\pm$ 2,7                     | 21,3 | 23,2 $\pm$ 1,3                          | 25,6 | 386,0                        |

Tanlab olingan bu namunalarning dukkak soni, don soni, kabi hosildorlik belgilari ko'rsatkichlari nisbatan past, lekin doni yirik va ming don vazni bo'yicha yuqori ko'rsatkichlarni namoyon qilgan, shu bilan birga poyasi ham tik o'suvchi hisoblanadi. M36 namunasi hosildorlik ko'rsatkichlarini ifodalaydigan barcha belgilari bo'yicha ya'ni no'xatning dukkak soni, dukkak og'irligi, don soni, don og'irligi va ming don vazni kabi belgilarining barchasida yuqori ko'rsatkichga ega. Har ikkala yil bo'yicha tadqiqotimizda foydalanilgan no'xat namunalarining 1m<sup>2</sup> maydondagi hosil miqdori ham aniqlandi. Ikki yillik natijalar shuni ko'rsatdiki hosildorlik 1m<sup>2</sup> maydonda 17166 namunada 159 grdan M82 namunada 515 gr gacha miqdorni tashkil qildi.

Dissertatsiyaning **“No'xatning (*Cicer arietinum* L.) kolleksiya namunalarining fuzarioz kasalligiga chidamliligini aniqlash”** nomli to'rtinchi bobida kasallangan no'xat namunalaridan laboratoriyada patogen zamburug'larni ajratib olish, molekulyar identifikatsiya qilib patogen shtammlarini aniqlash,

patogenlar ichidan kuchli patogen zamburug'ni aniqlab butun no'xat namunalarining unga chidamliligi baholanildi. Dala sharoitida kasallangan no'xat o'simliklaridan umumiy 8 ta patogen zamburug' ajratib olindi. Umumiy *ITS*, *tefl-a* va *tub2* fragmentlariga asoslangan tur sekvenslari ya'ni uchala sekvens natijalari bo'yicha bu patogen zamburug'lar FUSARIOD-ID ma'lumotlar bazasida umumiy ajratib olingan 8 ta zamburug' turlari, *Fusarium* turkumiga kiruvchi 6 ta zamburug' turi - *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium breve*, *Fusarium gossypinum*, ekanligi aniqlandi. (2-jadvalga qarang)

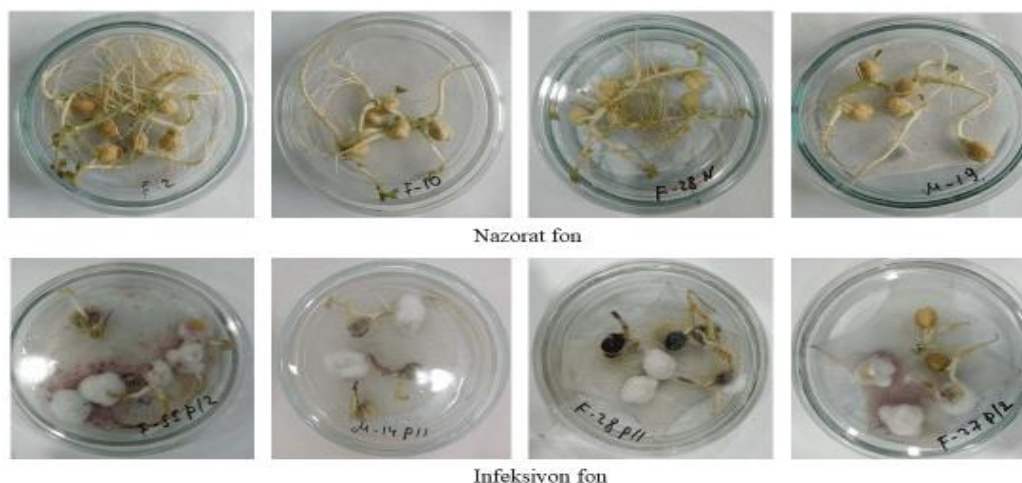
## 2-Jadval

### Uchta DNK barkodlari yordamida zamburug' izolyatlarining polifazali identifikatsiyasi natijasi

| № | Zamburug'                      | Izolyat    | O'xshashlik% |
|---|--------------------------------|------------|--------------|
| 1 | <i>Fusarium solani</i>         | NRRL 46643 | 99.71        |
| 2 | <i>Fusarium caricae</i>        | CBS 309.75 | 99.58        |
| 3 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32798 | 99.8         |
| 4 | <i>Fusarium brachygibbosum</i> | NRRL 34033 | 99.4         |
| 5 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32798 | 99.8         |
| 6 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32339 | 99.9         |
| 7 | <i>Fusarium breve</i>          | F93        | 99.69        |
| 8 | <i>Fusarium gossypinum</i>     | CBS 116613 | 100          |

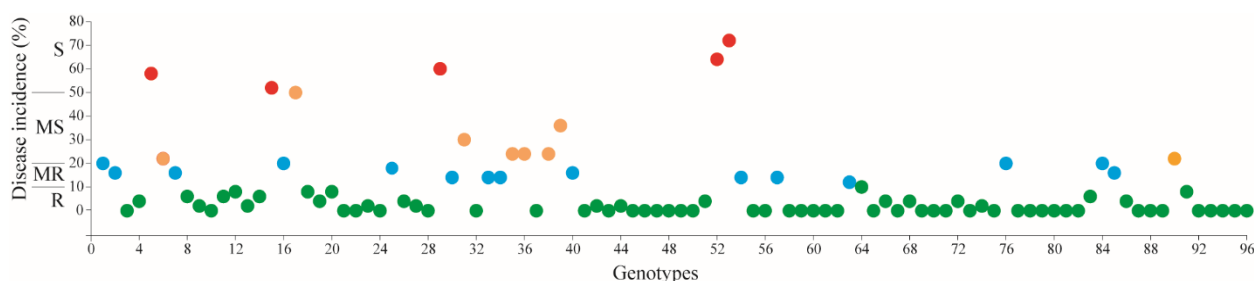
Aniqlangan patogen zamburug'lar *ITS*, *tefl-a* va *beta-tubulin* shtrix-kodlari (barkodlar) asosida olingan natijalari quyidagi raqamlar PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221, PQ062219, PQ062223, PQ062217, va PQ062222 orqali NCBI (AQSh Milliy Biotexnologiya Axborot Markazi), EMBL-EBI Yevropa nukleotid arxivi (Buyuk Britaniya, Kembridj) va DDBJ Yaponiya DNK ma'lumotlar bazasidan ro'yxatdan o'tkazilgan. Ajratib olingan patogen zamburug'larning barchasini no'xat namunalariga inokulyatsiya qilib zararlantirib patogenlarning ichida eng tez va yuqori patogenlik xususiyatini namoyon qilgan *Fusarium brachygibbosum* zamburug'i bizni tadqiqotimiz davomida butun kolleksiya no'xat namunalarini zararlantirishda foydalanildi.

Avval no'xatning unuvchanligiga patogenning ta'siri o'rganilib unda nazorat va infeksiyon fondagi no'xat namunalarining ildiz uzunligi, poya uzunligi, unuvchanlik % va unish kuchi indeksi hisoblab chiqildi (1- rasmga qarang). Natijalar shuni ko'rsatdiki nazorat namunalarida unuvchanlik foizi o'rtacha 94,4%-100 %, ildiz uzunligi o'rtacha 5,25-4,8 sm, poya uzunligi o'rtacha 2,67-1,6 sm, unish kuchi indeksi esa o'rtacha 756,5-637,6 ni, infeksiyon fon da esa unuvchanlik foizi o'rtacha 70,67% -73,3% , ildiz uzunligi o'rtacha 3,79-3,1 sm, poya uzunligi esa o'rtacha 1,45-1,2 sm, unish kuchi indeksi o'rtacha 405,7-344,8 ni tashkil qildi. Urug'ning sifatini uning fiziologik ko'rsatkichlari ya'ni namligi, turli xil stressli faktorlarga chidamliligini unish kuchi belgilaydi. Umumiy unuvchanlik patogen zamburug' ta'sirida 25-30 foizgacha, ildiz va poya uzunligi 40-50%, unish kuchi



**1-rasm. No‘xat kolleksiya namunalari unuvchanligiga patogen (*Fusarium brachygibbosum*) zamburug‘ining ta’siri.**

indeksi ham 50 % ga kamayishiga olib keldi. Keyingi bosqich bu patogenning (*Fusarium brachygibbosum*) no‘xat namunalarining nihol bosqichidagi kasallangan no‘xat o‘simliklarning kasallanish darajasini baholash hamda chidamli namunalarni aniqlashdan iborat (2-rasmga qarang).

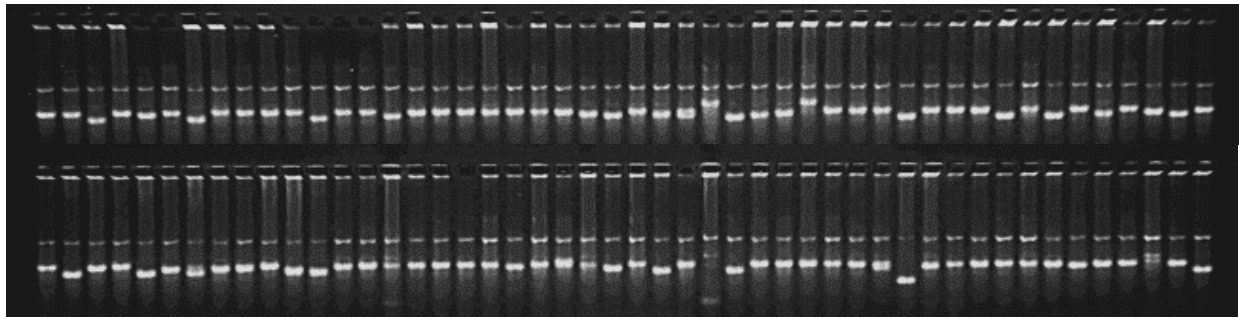


**2-rasm. No‘xat genotiplarining fuzariozga chidamliligining statistik tahlili, R-chidamli, MR-o‘rtacha chidamli, MS- o‘rtacha sezgir, S-sezgir.**

Natijalar shuni ko‘rsatdiki umumiy 96 ta no‘xat namunalarining 68-chidamli, 15-o‘rtacha chidamli, 8-o‘rtacha chidamsiz, 5-chidamsiz ekanligi aniqlandi. Umumiy xulosa qilib aytganda dala sharoitida kasallangan no‘xat namunalaridan ajratib olingan patogen zamburug‘lar molekulyar identifikatsiya qilib aniqlanildi va bu *Fusarium* turkumiga tegishli 6 ta patogen zamburug‘ ekanligi aniqlandi. Bu zamburug‘larning ichida *Fusarium brachygibbosum* zamburug‘i boshqalariga nisbatan kuchliroq patogenlik ta’sir ko‘rsatishi aniqlandi. No‘xatning unuvchanligiga patogenni ta’siri sezilarli darajada ta’sir ko‘rsatib unuvchanlik foizi va unish kuchi indeksining 30-40 % gacha pasayishiga olib kelishi aniqlandi. Umumiy 96 ta no‘xat namunalarining fuzariozga chidamliligi nihol bosqichida o‘rganilishi natijasida 70,8% chidamli 15,6% o‘rtacha chidamli 8,3% o‘rtacha sezgir va 5,2% sezgir deb topildi.

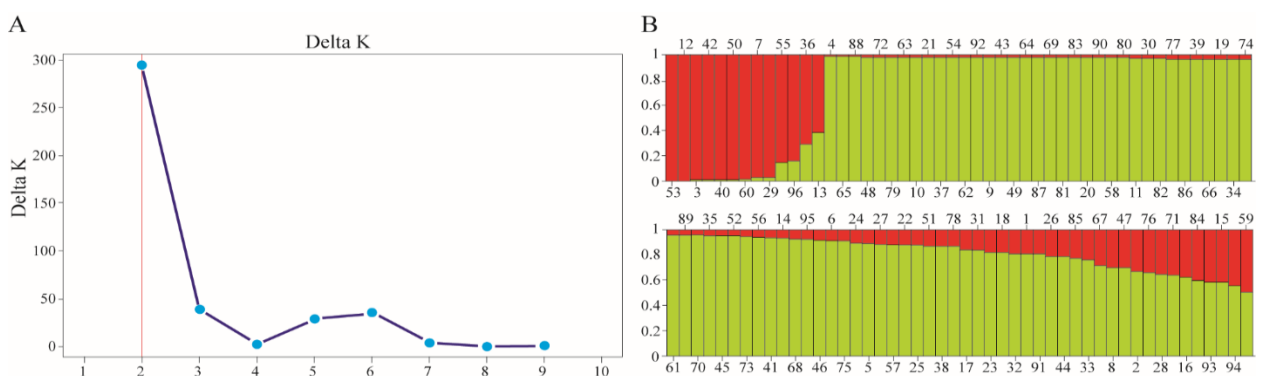
Dissertatsiyaning “SSR DNK markerlari bilan no‘xat o‘simligining fuzariozga chidamliligi va hosildorlik belgilari o‘rtasida assotsiativ kartalashtirish” deb nomlangan beshinchi bobida mazkur ilmiy tadqiqot ishimizda mikrosatellit markerlar asosida tadqiqot uchun tanlab olingan no‘xat kolleksiyalari

namunalarida molekulyar skrinining o'tkazilib, natijalar tahlil qilindi. Polimorf molekulyar markerlar kasalliklarga chidamlilik genlarini xaritalash, shuningdek molekulyar seleksiyani tushunish uchun zaruriy uslublardan biridir. Shuningdek umumiy 180 ta markerning 69 tasi polimorflik, 60 tasi monomorf natijasini ko'rsatdi. Qolgan markerlar bizni no'xat genotiplarimizga mos tushmadi (3- rasmga qarang).



**3-rasm. No'xat genotiplarida polimorf SSR markerlarining (TA176) skrinining natijalari**

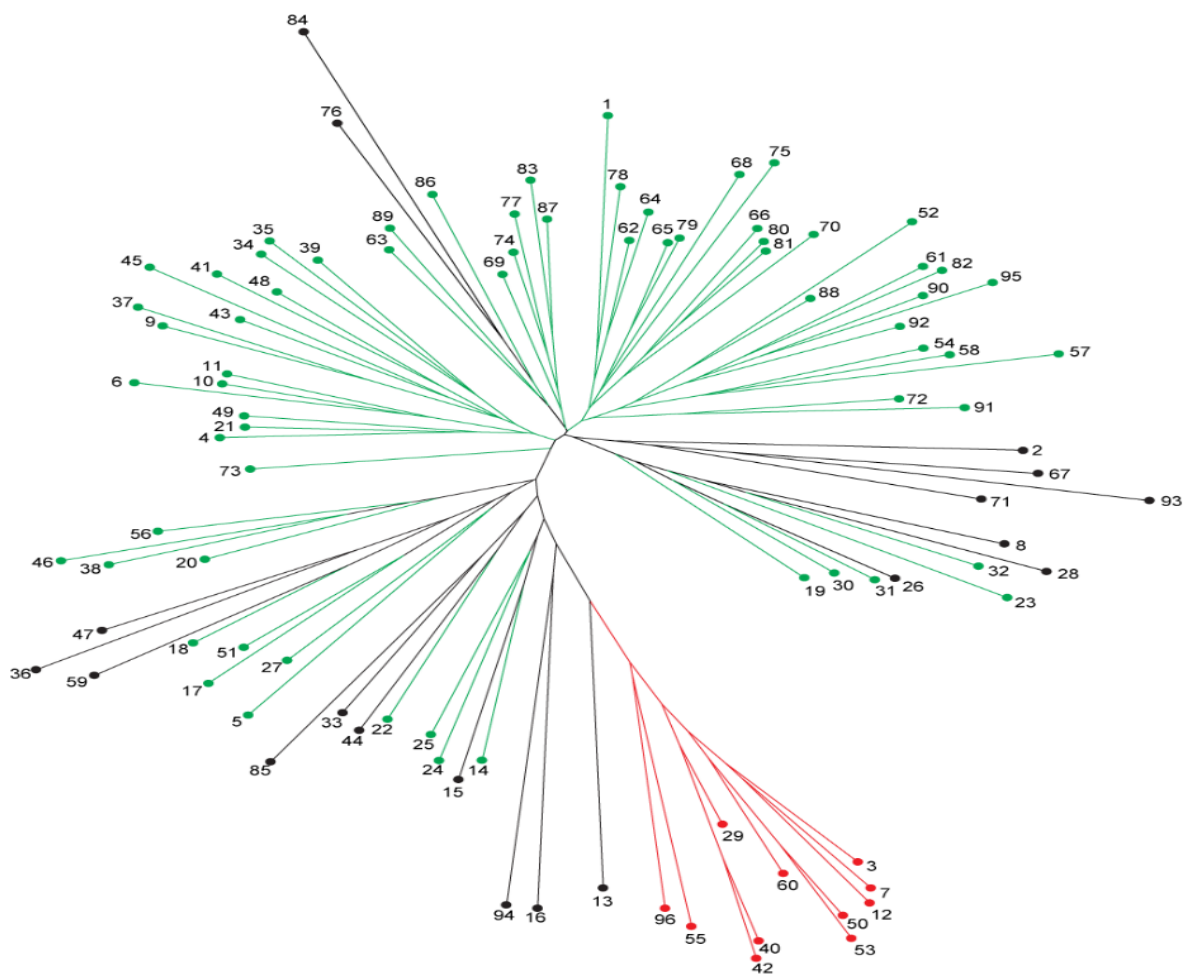
Polimorf ko'rsatkichiga ega bo'lgan SSR DNK markerlarini genotiplash ishlari natijasida ularning genotipik tahlillari, genetik xilma-xillik parametrlari, jumladan, allellar soni (Na), genlar xilma-xilligi (He) va polimorfizm ma'lumotlari (PIC) <https://irscope.shinyapps.io/iMEC/> yordamida hisoblab chiqildi. Bunda 69 ta polimorf SSR markerlari bilan 96 no'xat genotipini baholashda umumiy 191 allel aniqlandi, har bir marker uchun o'rtacha 2,8 allelni tashkil qildi. Markerlardagi allellar soni ikkidan maximum beshgacha, PIC qiymatlari esa 0,1 dan 0,37 gacha o'zgacha bo'lgan qiymatlarni ko'rsatdi. Bundan tashqari, genetik xilma-xilligi 0,1 dan 0,5 gacha, o'rtacha qiymati esa 0,4 ni tashkil etdi. No'xatning genotipik tahlillari bo'yicha STRUCTURE tahlili va klasterlash tahlillari ham amalga oshirildi. Bunda barcha no'xat genotiplarini baholashda foydalanilgan polimorf markerlarning genotip ma'lumotlari orqali Bayes yondashuvidan foydalanib STRUCTURE bioinformatik dasturi bilan 96 ta no'xat genotipining populyatsiya tuzilishi o'rganib chiqildi. Populyatsiya tuzilishini o'rganish maksimal delta K (*ad hoc* miqdori) asosida klasterlar sonini (K) aniqlash uchun oldindan belgilangan 1 dan 10 gacha bo'lgan klasterlar soni (K) yordamida amalga oshirildi.



**4-rasm. No'xat genotiplarining populyatsiya tuzilishining tahlili, (A) DK qiymatlari asosidagi faraziy subpopulyatsiyalarni baholash, (B) Barplot ko'rinishida Q-qiymatlari asosida populyatsiya tarkibi tahlili.**



STRUCTURE HARVESTER (<https://github.com/dentearl/structureHarvester>) saytida STRUCTURE natijasi ma'lumotlari orqali eng yuqori delta K (*ad hoc* miqdori)  $K = 2$  qiymatiga erishildi, bu butun kolleksiyada ikkita kichik populyatsiya mavjudligini ko'rsatadi (4-rasmga qarang). Shuningdek TASSEL v. 5.0 dasturida umumiy 96 ta no'xatning genotip ma'lumotlari orqali klaster tahlillari ham o'tkazildi bunda Q-qiymatlari asosida  $\geq 80\%$  umumiy ajdodga ega genotiplar ikkita asosiy klasterga bo'lingan: QI klasteri (11 genotip), QII klasteri (68 genotip). Qolgan 17 genotip (17,7%) umumiy kelib chiqishi  $<80\%$  bo'lgan aralash tuzilmalardan iborat edi (5-rasmga qarang). Neighbour-joining klasterlashuvi Bayesga asoslangan populyatsiya tuzilishi tarkibi orqali amalga oshirildi. 96 no'xat genotipidagi hisoblangan juft genetik masofalar 0,087912 dan 0,478022 gacha bo'ldi. 96 ta genotipning butun to'plami klasterga qo'shilishning vaznsiz qo'shilishi asosida ikkiga guruhga ajralgan. 1-klasterda 62 ta genotip, 2-klasterda esa 34 ta genotip mavjud (5-rasmga qarang). Delta K asosidagi klasterlar QI (qizil) va QII (yashil) populyatsiya tuzilishi tarkibiga ko'ra tayinlangan NJ daraxt klasterlariga mos keldi.



**5-rasm. Klasterlash va populyatsiya tuzilishi tahlillari. 96 no'xat genotipining qo'shni birlashtiruvchi (NJ) daraxti.**

Structure tahlillari natijasidan keyingi bosqichda 96 no'xat genotipi va fenotipik belgilari o'rtasida SSR markerlar yordamida assotsiativ xaritalashda



foydalanildi. STRUCTURE dasturi natijalari orqali bizni ob'ekt sifatida olingan no'xat kolleksiya namunalarimizning genom tarkibi asosiy ikki xil genom aralashmasidan iborat ekanligini aniqlab berdi. Ikkita kichik guruhdan iborat bo'lgan populyatsiyaning ko'proq qismini "yashil" rangdagi populyatsiya tashkil qiladi. STRUCTURE dasturi natijalari orqali bizni ob'ekt sifatida olingan no'xat kolleksiya namunalarimizning genom tarkibi asosiy ikki xil genom aralashmasidan iborat ekanligini aniqlab berdi. Bu ma'lumotlar orqali 96 ta no'xat genotipining MTA (marker-trait association) tahlili uchun Q-matrix ma'lumotlari olindi va bu keyingi molekulyar xaritalash tahlillarini amalga oshirish uchun foydalanildi. Ushbu tadqiqotning maqsadi no'xatdagi Fuzarioz vilti (FW) belgisi bilan bog'liq bo'lgan SSR (Simple Sequence Repeat) markerlarini aniqlash edi. Fuzarioz vilti (FW) bilan kasallanish ma'lumotlari va Simple Sequence Repeat (SSR) ma'lumotlar to'plami uchun muhim assotsiatsiya xaritasini aniqlash uchun umumiy chiziqli model (GLM) va aralash chiziqli model (MLM) yondashuvlaridan foydalandik. GLM tahlili FW-chidamlilik belgilari uchun  $P < 0,05$  kichik bo'lib bunda katta ahamiyatga ega bo'lgan assotsiativ guruhlar tanlandi, (3-jadvalga qarang). GLM va MLM tahlillari asosida FW-chidamliligi belgisiga MTA (marker-trait association) ni tasvirlangan Manhattan plot syujetlarida chegara P-qiymati 1,8 ga belgilangan.

### 3-Jadval

#### No'xatda FW chidamliligi bilan muhim MTAlar uchun GLM va MLM assotsiativ xaritalash statistik tahlili

| Marker                  | Lokus | P-qiymat | R <sup>2</sup> | LG guruh | Adabiyotlar                                |
|-------------------------|-------|----------|----------------|----------|--------------------------------------------|
| <b>GLM tahlili 2023</b> |       |          |                |          |                                            |
| TA42                    | A     | 0,0028   | 0,0911         | LG5      | (Gaur et al., 2011)                        |
| TA125                   | A     | 0,0043   | 0,0834         | LG1      | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TR2                     | B     | 0,0096   | 0,0692         | LG6      | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TA125                   | B     | 0,0098   | 0,0688         | LG1      | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA37                    | D     | 0,01     | 0,0684         | LG2      | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TAASH                   | B     | 0,0108   | 0,067          | LG1      | (Winter et al., 1999)                      |
| <b>MLM tahlili 2023</b> |       |          |                |          |                                            |
| TA42                    | A     | 0,0028   | 0,0912         | LG5      | (Gaur et al., 2011)                        |
| TR2                     | B     | 0,0090   | 0,0689         | LG6      | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TA125                   | A     | 0,0043   | 0,0834         | LG1      | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA125                   | B     | 0,0098   | 0,0688         | LG1      | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA37                    | D     | 0,0111   | 0,0666         | LG2      | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TAASH                   | B     | 0,0165   | 0,0596         | LG1      | (Winter et al., 1999)                      |

Ikkala yondashuv ham FW chidamliligi uchun beshta umumiy TA42, TR2, TA125(A), TA125(B), TA37 va TAASH marker-belgi assotsiatsiyasini (MTA) aniqladi. GLM tahlili R<sup>2</sup> qiymatlari bilan 0,06927 dan 0,091 gacha bo'lgan muhim assotsiatsiyalarni aniqladi. MLM tahlili esa ikkita MTA uchun 0,0596 dan 0,0912 gacha bo'lgan R<sup>2</sup> qiymatlari bilan muhim assotsiatsiyalarni ko'rsatdi. Shuningdek, GLM va MLM tahlillari TA125 SSR markeri uchun qo'shimcha MTA larni sezilarli

darajada aniqladi. Bu turli xil tahliliy yondashuvlarda aniqlangan assotsiatsiyalarning mustahkamligini ko'rsatadi. Ushbu tadqiqot bizning no'xatdagi FW chidamliligi uchun birinchi MTA tahlili bo'lib, FWga javob beradigan no'xat kolleksiyasi va genom bo'ylab SSR markerlaridan foydalangan holda FW chidamliligi bilan muhim assotsiatsiyalar 5 ta TA37, TA42, TR2, TA125 (A), TA125 (B) va TAASH SSR markerlari uchun GLM va MLM tahlillari orqali doimiy ravishda aniqlandi.

Shunga qaramay, no'xatda FW ga chidamliligini yaxshilashga qaratilgan kelgusi tadqiqotlar va naslchilik tashabbuslari uchun nomzod genomik hududlarda mas'ul gen(lar)ni aniq aniqlash uchun batafsilroq xaritalash talab qilinadi. Bizni keyingi tadqiqotlarimiz tanlab olingan no'xat namunalarining 2022 va 2023 yillardagi hosildorlik ko'rsatkichlarini ifodalaydigan belgilari ikki yil davomida o'rganildi. Bu ko'rsatkichlar no'xatning dukkak soni-NPP (bir o'simlikdagi), don soni-SPP, dukkak og'irligi-WPP, don o'g'irligi-SWP va ming don vazni-S1000 kabi miqdoriy belgilari o'rganilib aniqlandi va ikki yillik fenotipik natijalarni SSR markerlari yordamida assotsiativ xaritalash ishlari olib borildi. Barcha hosildorlikni ifodalovchi belgilari bilan ham MTA tahlillari amalga oshirildi. Qilingan tadqiqot natijasida dukkak og'irligi (WPP) belgisiga MTA tahlillari shuni ko'rsatdiki assotsiativ xaritalashning GLM tahliliga ko'ra ikkala yil uchun ham yuqori assotsiativlikni ko'rsatgan uchta (CASTMS10, TA186, TAASH) SSR markeri aniqlandi. Bunda  $P < 0,05$  bo'lgan qiymatlar tanlab olindi, MTA bo'lgan markerlar GLM tahlili bo'yicha har bitta yil uchun 0,002 dan 0,018 gacha keyingi yil uchun esa 0,008 dan 0,043 gacha bo'lgan  $p$ -qiymatlarida namoyon bo'ldi,  $R^2$  qiymati esa har ikkala yilda 0,057 dan 0,096 gacha ikkinchi yil uchun 0,042 dan 0,072 gacha bo'lgan qiymatlarni tashkil qildi. Assotsiatsiya bo'lgan markerlarning GLM tahlilidan keyin MLM tahlillari ham olib borildi bunga ko'ra umumiy ikkita (CASTMS10 va TAASH) marker eng yuqori MTA natijasini ko'rsatdi.

Bunda ham  $P < 0,05$  bo'lgan qiymatlar tanlab olindi, shuningdek  $p$ -qiymati 0,041-dan 0,044 gacha keyingi yil uchun esa 0,015 dan 0,028 gacha bo'lgan ko'rsatkichlarni namoyon qildi,  $R^2$  qiymati esa 0,043 dan 0,044 gacha keyingi yil uchun esa 0,052 dan 0,064 gacha qiymatlarda namoyon bo'ldi. Ikki yillik fenotipik natijalari bilan ikkala ya'ni GLM va MLM tahlillarida ham no'xatning dukkak o'g'irligi belgisiga assotsiatsiya bo'lgan markerlar CASTMS10 va TAASH markerlari no'xatning hosildorligiga javob beruvchi markerlar ekanligi ishonchligini oshiradi.

Umumiy xulosa o'rnida tadqiqotimiz natijasida no'xatning FW ga chidamlilik belgisiga javob beruvchi SSR markerlar, shuningdek no'xatning hosildorlik belgilariga ham javob beruvchi bir qancha SSR markerlar (TA125, TAASH, TA37, TA42, TA146, CASTMS10, TS35) aniqlandi. Hosildorlik belgilaridan ming don vazni belgisiga javob beruvchi yuqori MTA ni namoyon qilgan SSR markerlar orasidan NCPGR guruh markerlari (NCPGR200, NCPGR99, NCPGR209) alohida ahamiyatga ega bo'lib bu belgi bo'yicha umumiy 9 ta marker ikki yil davomida GLM natijalarida shulardan 6 tasi MLM tahlillarida ham MTA bo'lganligi aniqlandi. GLM tahlil natijalari bo'yicha  $p$ - qiymati 0,0006 dan 0,036 gacha MLM

tahlili esa 0,002 dan 0,047 gacha bo'lgan qiymatlarni namoyon qildi, GLM va MLM tahlillari natijalarining  $R^2$  qiymatlari esa 0,045dan 0,116 gacha, 0,042 dan 0,101 gacha bo'lgan qiymatlarda MTA namoyon bo'ldi, ming don vazni belgisiga MTA bo'lgan markerlar ichida NCPGR guruhiga kiruvchi SSR markerlar oldingi no'xat bo'yicha tadqiqotlarga aynan shu guruhga kiruvchi markerlardan bir qanchasi *Fusarium*ning foc2 rassasiga chidamliligi bo'yicha aniqlangan.

Umumiy natijalar shuni ko'rsatdiki assotsiativ kartalashtirish tahlillari natijasida TAASH markeri no'xatning FW belgisi bilan birgalikda dukkak og'irligi (WPP) belgisiga ham har ikki yilda GLM ham MLM tahlillarida ham MTA ni namoyon qilgan. CASTMS10 markeri esa hosildorlik elementlaridan dukkak soni (NPP), dukkak og'irligi (WPP), don og'irligi (SWP) kabi belgilarni hammasiga MTA ni namoyon qilgan. Tadqiqot natijasida no'xatning Fuzariozga chidamliligi hamda bir necha hosildorlik belgilari bilan assotsiativ xaritasiga asoslanib, fenotipik va genotipik jihatdan ijobiy ko'rsatkichli 5 ta namuna seleksiya jarayonida foydalanish uchun tavsiya qilinadi (4-jadvalga qarang).

#### 4-Jadval

##### Assotsiativ kartalashtirish natijasida genotipik va fenotipik bo'yicha ijobiy bo'lgan namunalar tahlillari

| CIFWN<br>CIENMED | FW                                 | TA42-A | TA125-<br>A/B                           | TA37-D | TAASH-B                            | CASTMS10-<br>A | TA146-<br>A/C                           | TS35-<br>A/B | TA110<br>A/B           | Umumiy |
|------------------|------------------------------------|--------|-----------------------------------------|--------|------------------------------------|----------------|-----------------------------------------|--------------|------------------------|--------|
| 17104            | R                                  | A      | B                                       | D      | *                                  | A              | C                                       | B            | A                      | 7      |
| 17161            | R                                  | A      | B                                       | *      | *                                  | A              | C                                       | B            | B                      | 6      |
| 17270            | R                                  | A      | B                                       | *      | B                                  | A              | C                                       | B            | A                      | 7      |
| M29              | R                                  | A      | A                                       | D      | B                                  | A              | *                                       | B            | A                      | 7      |
| M36              | R                                  | A      | A                                       | D      | B                                  | A              | A                                       | B            | A                      | 8      |
| CIFWN<br>CIENMED | Dukkak soni (1<br>ta o'simlikdagi) |        | Dukkak og'irligi (1<br>ta o'simlikdagi) |        | Don soni (1 ta<br>o'simlikdagi) gr |                | Don og'irligi (1 ta<br>o'simlikdagi) gr |              | Ming don vazni<br>(gr) |        |
|                  | X ± Sx                             | V %    | X ± Sx                                  | V %    | X ± Sx                             | V %            | X ± Sx                                  | V %          |                        |        |
| 17104            | 85,1 ± 4,2                         | 19,4   | 32 ± 2                                  | 24,3   | 83,6 ± 5,1                         | 23,8           | 23,6 ± 1,4                              | 24,2         | 348,5                  |        |
| 17161            | 67 ± 3,7                           | 21,4   | 24,2 ± 1,5                              | 25     | 66,9 ± 4,4                         | 25,6           | 18,3 ± 1,2                              | 26,7         | 316,5                  |        |
| 17270            | 64,9 ± 3,6                         | 21,1   | 31,2 ± 1,6                              | 19,8   | 70,8 ± 3,5                         | 18,8           | 23,4 ± 1,2                              | 19,4         | 367,5                  |        |
| M29              | 41 ± 2,1                           | 19,6   | 27,4 ± 1,6                              | 22,5   | 50,3 ± 2,9                         | 21,5           | 19,8 ± 1,3                              | 25           | 381                    |        |
| M36              | 59,2 ± 3,2                         | 24,5   | 32,1 ± 1,9                              | 27,5   | 58,4 ± 2,7                         | 21,3           | 23,2 ± 1,3                              | 25,6         | 386                    |        |
| mean all         | 51,9 ± 1,4                         | 27,1   | 24,9 ± 0,7                              | 20,8   | 57 ± 1,56                          | 26,5           | 18,5 ± 0,38                             | 20,6         | 340 ± 5,1              |        |

Javdaldagi rangli qism bu umumiy 96 ta no'xat namunalarining 2 yillik hosildorlik belgilarining umumiy o'rtacha statistik tahlil natijalari bo'lib tanlab olingan namuna umumiy o'rtacha ko'rsatkichdan yuqori ko'rsatkichga ega hisoblanadi.

### XULOSALAR

1. Tadqiqot uchun tanlab olingan ICARDA Xalqaro tashkiloti no'xat namunalarining 2022-2023 yillar davomida morfoxo'jalik belgilari o'rganilishi natijasida umumiy 26 ta belgisi o'rganilib shulardan eng assosiysi hosildorlik ko'rsatkichlarini ifodalovchi belgilari (dukkak soni, dukkak og'irligi, don soni, don og'irligi) bo'yicha 23 ta namuna, ming don vazni belgisi bo'yicha esa 10 ta namuna tanlab olindi.

2. Ajratib olingan patogen zamburug‘lar molekulyar identifikatsiya natijasida *Fusarium* turkumiga kiruvchi 6 ta patogen turi – *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve*, *Fusarium gossypinum* ekanligi aniqlandi. Ajratib olingan patogenlarning ITS regionini, *tefl-a*, *beta-tubulin* DNK barkodlari sekvens natijalari quyidagi raqamlar PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221, PQ062219, PQ062223, PQ062217, va PQ062222 orqali NCBI bazasidan ro‘yxatdan o‘tkazildi.

3. Tadqiqot davomida ajratib olingan *Fusarium* turkumiga kiruvchi 6 ta patogen zamburug‘ turlari laboratoriya sharoitida no‘xat o‘simligiga inokulyatsiya qilinishi natijasida eng kuchli patogenlik xususiyatini *Fusarium brachygibbosum* zamburug‘i namoyon qildi, shuningdek ushbu patogenga tadqiqot namunalari 70.8% chidamli 15.6% o‘rtacha chidamli 8.3% o‘rtacha chidamsiz, va 5.2% chidamsizlikni namoyon qildi.

4. Tadqiqot davomida umumiy 180 ta markerdan 69 ta polimorf bo‘lgan SSR markerlari orqali 96 no‘xat genotipini baholashda umumiy 191 allel aniqlandi, har bir marker uchun o‘rtacha 2,8 allelni tashkil qildi. Markerlardagi allellar soni ikkidan maximum beshgacha, PIC qiymatlari esa 0,1 dan 0,37 gacha o‘zgacha bo‘lgan qiymatlarni ko‘rsatdi. Bundan tashqari, genetik xilma-xilligi 0,1 dan 0,5 gacha, o‘rtacha qiymati esa 0,4 ni tashkil etdi.

5. Tadqiqot namunalari fuzariozga chidamliligi belgisi bilan assotsiativ kartalashtirish natijalarida TA42-LG5, TA125(A), TA125(B)-LG1, TA37-LG2, TR2-LG6 va TAASH-LG1 marker-belgi assotsiatsiyasi (MTA) aniqlandi. Hosildorlikni ifodalovchi belgilari bo‘yicha assotsiativ kartalash tahlillari natijasida CASTMS10 marker- dukkak soni, dukkak og‘irligi, don og‘irligi bo‘yicha, TA146 marker- dukkak soni, don soni belgisi bo‘yicha, TAASH marker-dukak og‘irligi va kasallikka chidamlilik belgisi bo‘yicha, TS35 marker-don soni belgisi bo‘yicha assotsiativlikni namoyon qildi, Shuningdek ming don vazni belgisiga TA110, TR2, H1P02, NCPGR99, NCPGR200, NCPGR209 markerlari MTA bo‘lganligi aniqlanib bu markerlarni keyingi MAS texnologiyasi orqali seleksiya ishlarida foydalanilishga tavsiya qilinadi.

6. Tadqiqot natijasida no‘xatning fuzariozga chidamliligi hamda bir necha hosildorlik belgilari bilan assotsiativ kartasiga asoslanib, fenotipik va genotipik jihatdan ijobiy ko‘rsatkichli 5 ta (17104, 17161, 17270, M29, M36) namuna seleksiya jarayonida foydalanish uchun tavsiya qilinadi.

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

---

**ИНСТИТУТ ГЕНЕТИКИ И ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ  
РАСТЕНИЙ**

**МУРОДОВА СОЖИДА МАКСАДБОЙ КИЗИ**

**АССОЦИАТИВНОЕ КАРТИРОВАНИЕ ЛОКУСОВ УСТОЙЧИВОСТИ К  
ФУЗАРИОЗУ С SSR-ДНК-МАРКЕРАМИ КОЛЛЕКЦИОННЫХ  
ОБРАЗЦОВ НУТА (*CICER ARIETINUM L.*)**

**03.00.09 – Общая генетика**

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

**ТАШКЕНТ – 2025**

**Тема диссертации доктора философии (PhD) зарегистрирована в Высшей аттестационной комиссии при Министерстве высшего образования, науки и инновации Республики Узбекистан за B2023.4.PhD/B1050.**

Диссертация доктора философии (PhD) выполнена в Институте генетики и экспериментальной биологии растений.

Автореферат диссертации на трёх языках (узбекском, русском, английском) (резюме) размещён на веб-страница Научного совета ([www.genetika.uz](http://www.genetika.uz)) и Информационно-образовательном портале “ZiyoNet” ([www.ziyo.net](http://www.ziyo.net)).

**Научный руководитель:** **Бозоров Тохир Ахмадович**  
доктор биологических наук, старший научный сотрудник

**Официальные оппоненты:** **Шеримбетов Анвар Гулмирзаевич**  
доктор биологических наук, профессор

**Тураев Озод Суннаталиевич**  
доктор философии по биологическим наукам, старший научный сотрудник

**Ведущая организация:** **Центр передовых технологий**

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

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

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

**А.А.Нариманов**  
Председатель Научного совета по  
присуждению учёных степеней,  
д.с.х.н., профессор

**И.Дж. Курбанбаев**  
Ученый секретарь Научного  
совета по присуждению учёных  
степеней, д.б.н., профессор

**С.К. Бабоев**  
Председатель Научного семинара  
при научном совете по  
присуждению учёных степеней,  
д.б.н., профессор

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

**Актуальность и востребованность темы диссертации.** В связи с растущей потребностью в обеспечении продовольственной безопасности населения мира, вопрос выращивания высокоурожайных, устойчивых к болезням и экологически стабильных сельскохозяйственных культур приобретает глобальное значение. Бобовые культуры, в частности нут (*Cicer arietinum* L.), получают широкое признание во всём мире благодаря своей высокой питательной ценности, способности улучшать плодородие почвы и вкладу в устойчивое земледелие за счет фиксации азота. Одной из самых серьёзных проблем при выращивании нута является болезнь — фузариозное увядание. Это заболевание поражает корневую систему растений, вызывая их усыхание в течение вегетационного периода, и может снижать урожайность до 60%. Эффективность традиционных методов борьбы с фузариозом низкая, и во многих случаях они представляют экологическую опасность. С этой точки зрения создание и выявление устойчивых к фузариозу сортов нута в настоящее время имеет научное и практическое значение в сельском хозяйстве.

В мире широко проводятся молекулярно-генетические исследования, направленные на изучение устойчивости нута к фузариозному увяданию. Важное значение имеет изучение генетического разнообразия растений нута на основе микросателлитных молекулярных маркеров, разделение генотипов по аллелям с применением SSR-маркеров, а также выделение изолятов рода *Fusarium* из зараженных растений в полевых условиях с помощью различных маркеров и ассоциативное картирование устойчивости к фузариозному увяданию с помощью ДНК-маркеров.

В нашей республике поэтапно развиваются научно-исследовательские работы по генетическому и агротехническому совершенствованию нута. В частности, проводятся исследования по сохранению национального генофонда нута, изучению его агробиологических и хозяйственно-ценных признаков, выделению устойчивых к болезням генотипов. В Стратегии развития сельского хозяйства Республики Узбекистан на 2020-2030 годы определены задачи по "...расширению площадей возделывания бобовых культур, тем самым повышению продуктивности сельского хозяйства и улучшению плодородия почвы, созданию устойчивых к болезням, высокоурожайных сортов сельскохозяйственных культур путем генетических исследований и селекционных работ". Использование молекулярных маркеров при отборе высокоурожайных, высококачественных и устойчивых к болезням образцов из мировой коллекции нута дает хорошие результаты в реализации этих задач. Кроме того, эти маркеры имеют важное научно-практическое значение при выявлении генетических областей, связанных с генами или локусами, обеспечивающими устойчивость к фузариозу.

Данное диссертационное исследование, подготовленное для получения степени доктора философии по биологическим наукам, в определённой

степени способствует выполнению задач, предусмотренных: Указом Президента Республики Узбекистан от 23 октября 2019 года № УП-5853 «Об утверждении Стратегии развития сельского хозяйства Республики Узбекистан на 2020–2030 годы»; Постановлением Президента Республики Узбекистан от 12 августа 2020 года № ПП-4805 «О мерах по повышению качества непрерывного образования и результативности науки в области химии и биологии»; Постановлением Президента Республики Узбекистан от 28 января 2022 года № ПП-106 «О дополнительных мерах по дальнейшему развитию семеноводства сельскохозяйственных культур»; Указом Президента Республики Узбекистан от 16 февраля 2024 года № УП-36 «О дополнительных мерах по обеспечению продовольственной безопасности в республике» а также в других нормативно-правовых документах, относящихся к данной деятельности.

**Соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки и технологии республики.** Данное исследование выполнено в соответствии с приоритетным направлением V развития науки и технологий республики: “Сельское хозяйство, биотехнология, микробиология, экология и охрана окружающей среды.”.

**Степень изученности проблемы.** Исследования генетического разнообразия нута и признаков устойчивости к болезням с помощью ДНК-маркеров SSR проводятся в научных центрах ведущих стран мира, включая США, Китай, Индию, Иран, Пакистан, Узбекистан и многие другие страны.

Зарубежными учеными (Sharma 2017, Kumar 2018; Choudhary 2000; Gaur 2011; Sachdeva 2019; Moin 2020; Jha 2021; Lakmes 2024) были проведены исследования по изучению генетического разнообразия растений нута на основе микросателлитных молекулярных маркеров, дифференциации генотипов по аллелям с использованием SSR маркеров, а также ассоциативному картированию признака устойчивости к расе Foc2 рода *Fusarium* с применением различных маркеров.

Ряд отечественных исследователей (Азамов 2022; Кудратов 2021, Рахманов 2016; Бобокулов 2022; Кулмаматова Д. 2022; Бобомурадов 2024) провели исследования по болезням растений нута, генетическому анализу устойчивости к ним с использованием молекулярных маркеров, показателям урожайности, агротехнологии возделывания, составу семян и значению бобовых для плодородия почвы.

Однако в научной литературе недостаточно представлены данные об исследованиях элементов урожайности растения нута (*Cicer arietinum* L.) в сочетании с его устойчивостью к фузариозному увяданию с помощью ДНК SSR маркеров.

**Связь диссертационного исследования с планами научных исследовательских работ научно-исследовательского учреждения, где выполнена диссертация.** Диссертационное исследование выполнено в рамках прикладного проекта ИЛ-402104268 “Создание устойчивых к фузариозу сортов нута и чечевицы с помощью молекулярно-генетических



методов” (2022-2024), включенного в план научно-исследовательских работ Института генетики и биологии растений Академии наук Республики Узбекистан.

**Цель исследования.** Оценка морфохозяйственных признаков коллекционных образцов нута (*Cicer arietinum* L.), определение SSR ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью к болезням, на основе ассоциативного картирования генов/локусов, устойчивых к фузариозу, а также выделение устойчивых доноров.

**Задачи исследования:**

Оценка морфохозяйственных признаков образцов нута из коллекции ICARDA (Международный центр сельскохозяйственных исследований в засушливых регионах);

Выделение патогенных грибов из тканей растений нута, пораженных фузариозом, их молекулярно-генетическая идентификация и характеристика генетического разнообразия;

Морфологическая оценка устойчивости растений нута к грибам рода *Fusarium*;

Определение полиморфизма генотипов нута по признакам устойчивости к болезням и урожайности с помощью SSR ДНК-маркеров;

Разработка ассоциативной карты признаков устойчивости к болезням и урожайности с использованием SSR ДНК-маркеров в образцах нута и выявление эффективных маркеров;

Использование в селекционной работе доноров с фенотипически и генотипически положительными показателями на основе ассоциативной карты генотипов нута по признакам устойчивости к фузариозу и урожайности.

**Объектом исследования** послужили образцы нута из питомников CIFWN (Chickpea International Fusarium Wilt Nursery 2020) и CIENMED (Chickpea International Elite Nursery for Mediterranean Environments 2021) из генетической коллекции международной организации ICARDA, а также виды фитопатогенных грибов, вызывающих фузариозное увядание.

**Предметом исследования являются** морфохозяйственные признаки нута (*Cicer arietinum* L.), особенности устойчивости к фузариозу и анализ генетического разнообразия видов фитопатогенных грибов, а также молекулярно-генетический анализ на основе SSR маркеров, генетически связанных с признаками урожайности и устойчивости, являются предметом исследования.

**Методы исследования.** В процессе выполнения исследования были использованы микологические, микробиологические, фитопатологические, молекулярно-биологические, молекулярно-генетические и биоинформатические методы анализа.

**Научная новизна исследования заключается в следующем:**

В местных условиях проведена оценка морфохозяйственных признаков образцов нута международной организации ICARDA и выделены образцы с

высокими показателями урожайности;

В нашей республике из пораженных растений нута были выделены и полифазно идентифицированы изоляты видов рода *Fusarium*: *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve* и *Fusarium gossypinum*;

Разнообразие изолятов видов рода *Fusarium* молекулярно-генетически подтверждено в базе данных FUSARIOD-ID, и разработана межвидовая и межродовая молекулярная филогения штаммов видов рода *Fusarium* на основе ДНК-баркодов области внутреннего транскрибируемого спейсера рибосомы (ITS), фактора элонгации 1a (*tef1-a*) и бета-тубулина (*tub2*);

При молекулярной идентификации патогенных грибов, выделенных из пораженных образцов нута в полевых условиях, было обнаружено 6 патогенных грибов, относящихся к роду *Fusarium*, среди которых гриб *Fusarium brachygibbosum* проявил более сильное патогенное воздействие по сравнению с другими;

В результате ассоциативного картирования с признаком устойчивости к фузариозу были идентифицированы SSR ДНК-маркеры TA42-LG5, TA125 (A), TA125 (B) -LG1, TA37-LG2 и маркер-признаковая ассоциация (MTA) TAASH-LG1, генетически связанные с устойчивостью к фузариозному увяданию;

На основе генетически полиморфных маркеров составлена карта ассоциации признаков урожайности. При этом маркер CASTMS10 проявил ассоциативность по количеству бобов, массе бобов и массе зерна, маркер TA146 - по количеству бобов и признаку количества зерен, маркер TAASH - по признаку массы бобов и устойчивости к болезням, маркер TS35 - по признаку количеству зёрен.

**Практические результаты исследований заключаются в следующем:**

Оценка устойчивости генотипов нута к патогенному грибу *Fusarium brachygibbosum* и выделение устойчивых к фузариозному вилту образцов (17104, 17161, 17270, M29, M36) из коллекции ICARDA с использованием ДНК-маркеров SSR, генетически связанных с признаками устойчивости и урожайности;

из растений нута, пораженных в полевых условиях, выделено в общей сложности 8 патогенных грибов. По результатам видового секвенирования, основанных на фрагментах *ITS*, *tef1-a* и *tub2*, эти патогенные грибы были идентифицированы в базе данных FUSARIOD-ID как 8 видов грибов, из которых 6 видов, принадлежащих к роду *Fusarium* - *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium breve*, *Fusarium gossypinum*;

Результаты секвенирования ДНК-баркодов региона *ITS*, *tef1-a* и бета-тубулина выделенных патогенов были зарегистрированы в базе данных NCBI под номерами PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221,

PQ062219, PQ062223, PQ062217 и PQ062222;

**Достоверность результатов исследования.** Достоверность результатов исследования обосновывается применением современных (взаимодополняющих молекулярно-генетических и биоинформатических) методов биологии, молекулярной идентификацией патогенов методом секвенирования на основе метода Сэнгера, использованием статистических методов с помощью биоинформатических программ, таких как TASSEL, STRUCTURE, MEGA, а также подходов, основанных на теоретических и практических данных, методологической корректностью многолетних исследований, сравнительным анализом полученных результатов с результатами исследований ученых мира и нашей страны, публикацией результатов исследований в ведущих научных журналах, а также на местных и международных научно-практических конференциях.

**Научная и практическая значимость результатов исследования.**

Научная значимость результатов исследования заключается в выявлении ДНК-маркеров SSR, связанных с устойчивостью к фузариозу и признаками урожайности коллекционных образцов нута (*Cicer arietinum* L.), а также в обогащении сведений о фитопатогенных грибах рода *Fusarium*, вызывающих это заболевание.

Практическая значимость результатов исследования объясняется тем, что в условиях Узбекистана у бобовых культур (нута) зарегистрированы виды *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve* и *Fusarium gossypinum*. На основе ассоциативной карты устойчивости к фузариозу и нескольких признаков урожайности для использования в селекционном процессе рекомендованы 5 образцов с положительными фенотипическими и генотипическими показателями.

**Внедрение результатов исследований.** На основании полученных научных результатов по ассоциативному картированию локусов устойчивости к фузариозу коллекционных образцов нута (*Cicer arietinum* L.) с ДНК-маркерами SSR:

Чистые культуры штаммов грибов рода *Fusarium*, вызывающих фузариоз у растений нута: *Neocosmospora solani* (*Fusarium solani*) - IGPEB-1, *Neocosmospora caricae* (*Fusarium caricae*) - IGPEB-2, *Fusarium brachygibbosum* - IGPEB-4, *Neocosmospora falciformis* (*Fusarium falciforme*) - IGPEB-5, *Neocosmospora brevis* (*Fusarium breve*) - IGPEB-7, *Fusarium gossypinum* - IGPEB-8 были переданы в генофонд коллекции уникального объекта “Фитопатогенные и другие микроорганизмы” Института генетики и экспериментальной биологии растений Академии наук Республики Узбекистан (справка Академии наук Республики Узбекистан от 6 августа 2024 года № 4/1255-1758). В результате коллекция позволила обогатить генофонд видов рода *Fusarium* и сформировать информационно-аналитическую систему электронной базы данных;

Результаты, полученные по видовой последовательности штамма гриба

рода *Fusarium*, основанной на регионе ITS, зарегистрированы в NCBI (Национальный центр биотехнологической информации США), Европейском нуклеотидном архиве EMBL-EBI (Великобритания, Кембридж) и Японской базе данных ДНК DDBJ под идентификационными номерами PQ062216, PQ062217, PQ062219, PQ062220, PQ062222 и PQ062223 (справка Академии наук Республики Узбекистан от 6 августа 2024 года № 4/1255-1758). В результате удалось определить специфичность штаммов видов рода *Fusarium*, распространенных на территории Узбекистана, и сравнить данные нуклеотидных последовательностей этих штаммов со штаммами, встречающимися в различных регионах мира.

**Апробация результатов исследования.** Результаты исследования были обсуждены на 6 в том числе на 2 международных и 4 республиканских научно-практических конференциях.

**Публикация результатов исследования.** По теме диссертации опубликовано всего 9 научных работ, из них 3 статьи в научных изданиях, рекомендованных Высшей аттестационной комиссией при Министерстве высшего образования, науки и инноваций Республики Узбекистан для публикации основных научных результатов докторских диссертаций, в том числе 2 в республиканских и 1 в зарубежном журналах.

**Структура и объем диссертации.** Диссертация состоит из введения, пяти глав, заключения, списка использованной литературы, списка условных обозначений и терминов, а также приложений. Объем диссертации составляет 110 страниц.

## ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

**Во введении** обосновывается актуальность и необходимость проведенного исследования, описываются цель и задачи, объект и предмет исследования, показано соответствие научной работы приоритетным направлениям развития науки и технологий республики, излагаются научная новизна и практические результаты исследования, раскрывается научная и практическая значимость полученных результатов, освещается внедрение результатов исследования в практику, а также приводятся сведения об опубликованных работах и структуре диссертации.

В первой главе диссертации **“Молекулярно-генетические основы устойчивости нута к фузариозному вилту”** приведены сведения о роли растения нута в сельском хозяйстве и пищевой промышленности, факторах, влияющих на его урожайность, возбудителе фузариозной болезни, передаче заболевания, спектре воздействия, а также расах патогенов. Наряду с информацией о возникновении фузариозного вилта (FW), приведены данные о вреде, наносимом бобовым растениям, а также об ассоциативном картировании устойчивости к фузариозному вилту (FW) с использованием ДНК-маркеров и методов геномных технологий, представленные в обзоре экспериментов и научных работ ученых мира. Анализ многочисленных опубликованных статей ученых мира способствует формулированию

основных целей и задач данной работы.

Во второй главе диссертации, озаглавленной **“Место, условия, источники и методы исследования,”** подробно описаны объект, материал и методы исследования, использованные в ходе работы. В исследованиях применялись методы выделения патогенов из зараженных растений в полевых условиях, повторного заражения растений и оценки заболеваемости отобранных для нашего исследования образцов нута, методы выделения образцов ДНК из выделенных патогенов и образцов нута, методы ПЦР и гель-электрофореза, а также молекулярная идентификация выделенных патогенов, методы генетического анализа ДНК-маркеров SSR, методы проведения ассоциации признаков и маркеров (MTA), анализ результатов с помощью биоинформатических программ и сравнение результатов секвенирования патогенов с базами данных NCBI и FUSARIOD-ID.

В третьей главе диссертации **“Морфохозяйственные признаки коллекций нута Международной организации ICARDA”** изучены в общей сложности 26 признаков отобранных для исследования образцов нута в течение двух лет. В полевых условиях на протяжении двух лет исследовались морфохозяйственные признаки, показатели урожайности и признаки заболеваемости фузариозом в естественных полевых условиях 96 образцов нута, отобранных для нашего исследования из питомников CIFWN (Chickpea International Fusarium Wilt Nursery 2020) и CIENMED (Chickpea International Elite Nursery for Mediterranean Environments 2021), включая один местный сорт. По морфологическим признакам наблюдаемых образцов нута у всех образцов цветки были белые, зерна - желтые, форма - морщинистая, образование антоциановой окраски на стебле и в пазухах листьев не наблюдалось. При учете агротехнологических процессов в полевых условиях процент всхожести нута составил от 68 до 100 процентов, в среднем 87 процентов. Среди общего количества растений было выявлено 46 экземпляров с прямостоячим стеблем и 50 — со стелющимся типом роста. Структура листьев нута была разделена на группы по размеру: крупные, средние и мелкие, а по цвету - на темно-зелёные и светло-зелёные. Наряду с морфологическими признаками был определен еще один важный показатель - количество корневых клубеньков. Количество корневых клубеньков изучали во время цветения растения, при этом количество бобов на одном растении составляло от 7 до 35 штук. На следующем этапе определяли показатель SPAD. Показатель SPAD в образцах варьировал от 50 до 79. При проявлении основных признаков поражения растений на первых листьях нута наблюдались случаи пожелтения, затем отмечалось прекращение роста растения, листья теряли тургор, то есть появлялись признаки увядания, а на последней стадии растение засыхало. Если патогенный грибок поражает нут во время образования бобов, наблюдаются случаи, когда бобы становятся пустыми по сравнению со здоровыми растениями нута. Пораженные растения нута в полевых условиях были собраны и доставлены в лабораторию, и из них были выделены патогенные грибы для лучшего изучения причины их

заболевания. Более подробная информация об этом представлена в главе IV.

В полевых условиях при вертикальном разрезе средней части стебля пораженного растения невооруженным глазом можно увидеть, что в его центре коричневым цветом проявляются мицелий и споры патогенного гриба, блокирующие проводящую систему растения. По результатам наблюдений за степенью поражения в полевых условиях в 2022 году высокий уровень заболеваемости был отмечен у 9 образцов CIFWN (17120, 17128, 17135, 17172, 17213, 17235, 17267, 17242). Хотя в 2023 году наблюдалось меньше случаев заболевания по сравнению с 2022 годом, средний уровень заболеваемости в среднем — 1,7 балла был выявлен 12 образцов (M9, M20, M29, M34, 17112, 17124, 17141, 17145, 17148, 17150, 17166, 17206). На основе всех общих морфо-хозяйственных признаков нута в полевых условиях, а также из 96 образцов, имеющих хорошие показатели по наиболее важным признакам урожайности - количеству бобов и зерен, а также по весу бобов и зерен, были отобраны 23 образца, для каждого из отобранных образцов был проведен статистический анализ признаков урожайности.

По результатам исследования устойчивости к фузариозному заболеванию в лабораторных условиях были выделены образцы, проявившие высокую устойчивость, а также превысившие средние показатели общего статистического анализа по таким признакам продуктивности, как количество бобов, масса бобов, количество и масса зерна. Среди 23 образцов по признаку количества бобов минимальный показатель составил  $51,2 \pm 2,5$  у образца 17114, а максимальный -  $85,1 \pm 4,2$  у образца 17104. По массе бобов наименьший показатель наблюдался у образца 17135 -  $20,7 \pm 1,3$  а наибольший - у образца 17106 -  $39,1 \pm 1,8$ . По количеству зерен минимальное значение было у образца 17114 -  $53,6 \pm 2,4$ , а максимальное -  $92,4 \pm 7,3$ . По массе зерен наименьший показатель был у образца M18 -  $16,8 \pm 0,9$ , а наибольший - у образца 17104 -  $23,6 \pm 1,4$ . В ходе нашего исследования одним из ключевых показателей урожайности является масса тысячи семян. Из 96 образцов нута, использованных в нашем исследовании, были отобраны 10 образцов, обладающих высокой устойчивостью к фузариозу, а также крупносемянных, имеющих высокие показатели по массе тысячи семян (см. таблицу 1).

У отобранных образцов показатели таких признаков урожайности, как количество бобов и количество зерен, оказались относительно низкими, однако зерна этих образцов крупные, и показатели массы тысячи зерен были высокими. Кроме того, стебель характеризуется прямостоячим ростом. Образец M36 продемонстрировал высокие показатели по всем ключевым признакам урожайности, а именно: количество бобов, масса бобов, количество зерен, масса зерна и масса тысячи зерен. Также был проведен расчет урожайности на  $1 \text{ м}^2$  для образцов нута, использованных в наших исследованиях в течение двух лет. Результаты двухлетних исследований показали, что урожайность на площади  $1 \text{ м}^2$  варьировалась от 159 г у образца 17166 до 515 г у образца M82.

Таблица 1.

**Статистический анализ образцов нута, проявляющих устойчивость к фузариозу и характеризующихся высоким показателем массы тысячи зерен**

| CIFWN<br>CIENM<br>ED | Количество бобов (на 1 растении) |      | Вес бобов (на 1 растении) (г) |      | Количество зерен (на 1 растении) |      | Масса зерна (на 1 растении) г |      | Вес тысячи зерен (г) |
|----------------------|----------------------------------|------|-------------------------------|------|----------------------------------|------|-------------------------------|------|----------------------|
|                      | X ± Sx                           | V %  | X ± Sx                        | V %  | X ± Sx                           | V %  | X ± Sx                        | V %  |                      |
| 17139                | 45,7 ± 2,6                       | 25,9 | 30,3 ± 1,7                    | 25,7 | 56,0 ± 2,9                       | 23,4 | 23,6 ± 1,2                    | 23,5 | 391,0                |
| 17165                | 37,3 ± 1,8                       | 22,0 | 23,5 ± 1,2                    | 22,8 | 50,7 ± 2,6                       | 23,5 | 17,8 ± 0,9                    | 23,6 | 342,2                |
| M1                   | 38,2 ± 2,2                       | 22,5 | 21,4 ± 1,5                    | 27,4 | 40,0 ± 2,6                       | 25,7 | 15,5 ± 1,1                    | 27,4 | 400,0                |
| M7                   | 30,3 ± 2,1                       | 26,0 | 21,7 ± 1,4                    | 26,7 | 36,8 ± 2,0                       | 21,8 | 17,2 ± 1,0                    | 23,2 | 414,0                |
| M9                   | 42,6 ± 2,1                       | 21,7 | 24,2 ± 1,3                    | 23,5 | 44,2 ± 1,9                       | 18,3 | 17,1 ± 1,0                    | 25,7 | 377,0                |
| M19                  | 52,0 ± 2,4                       | 21,0 | 25,4 ± 1,3                    | 23,5 | 52,5 ± 2,3                       | 19,9 | 19,0 ± 1,0                    | 24,5 | 359,0                |
| M20                  | 49,8 ± 1,8                       | 16,1 | 26,8 ± 1,1                    | 18,6 | 53,8 ± 1,8                       | 15,3 | 20,0 ± 0,8                    | 18,6 | 357,5                |
| M26                  | 35,5 ± 2,0                       | 22,3 | 21,5 ± 1,1                    | 20,2 | 40,7 ± 1,8                       | 17,8 | 15,1 ± 0,9                    | 23,1 | 355,0                |
| M29                  | 41,0 ± 2,1                       | 19,6 | 27,4 ± 1,6                    | 22,5 | 50,3 ± 2,9                       | 21,5 | 19,8 ± 1,3                    | 25,0 | 381,0                |
| M36                  | 59,2 ± 3,2                       | 24,5 | 32,1 ± 1,9                    | 27,5 | 58,4 ± 2,7                       | 21,3 | 23,2 ± 1,3                    | 25,6 | 386,0                |

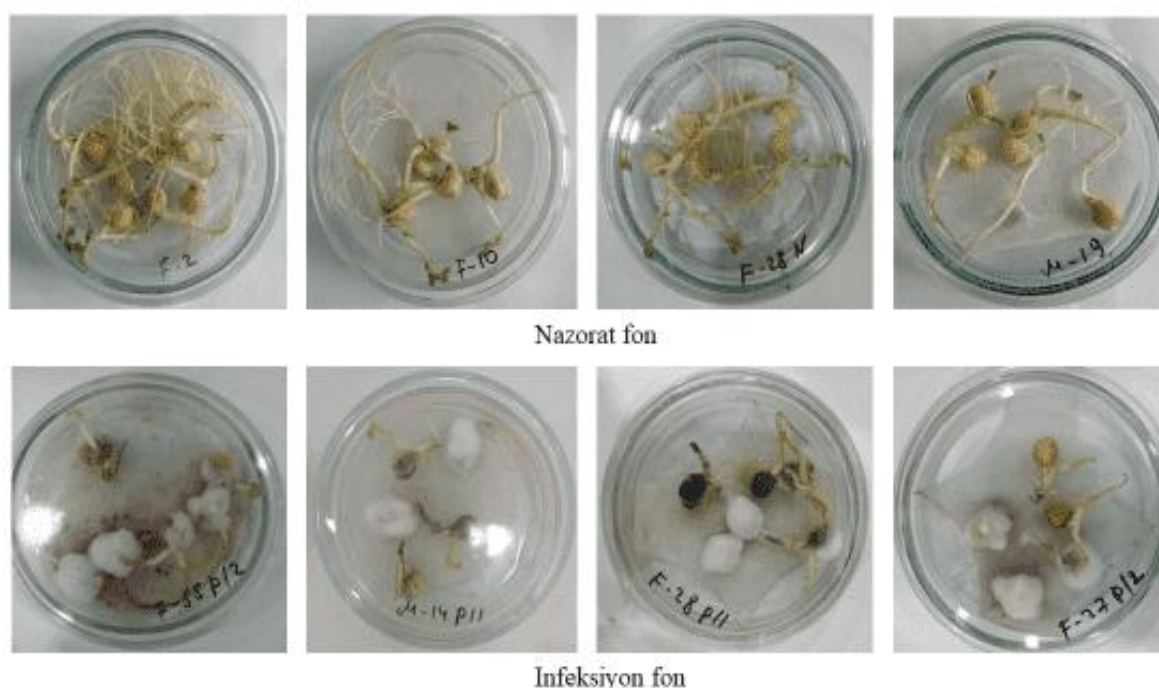
В четвертой главе диссертации “**Определение устойчивости коллекционных образцов нута (*Cicer arietinum* L.) к фузариозному заболеванию**” было проведено лабораторное выделение патогенных грибов из зараженных образцов нута, молекулярная идентификация патогенных штаммов, определение наиболее патогенного гриба среди изолятов и оценка устойчивости к нему всех образцов нута. Всего из зараженных растений нута в полевых условиях было выделено 8 патогенных грибов. На основе видовых последовательностей, полученных из фрагментов *ITS*, *tef1-α* и *tub2*, то есть по результатам всех трех секвенирований, эти патогенные грибы были идентифицированы в базе данных в базе данных FUSARIOD-ID как 8 видов грибов, из которых 6 видов принадлежат к роду *Fusarium*: *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium breve*, *Fusarium gossypinum*. (см. таблицу 2)

Таблица 2

**Результат полифазной идентификации изолятов гриба по региону *ITS*, ДНК-баркодам *EF* и бета-тубулина**

| № | Гриба                          | Изолят     | % Сходства |
|---|--------------------------------|------------|------------|
| 1 | <i>Fusarium solani</i>         | NRRL 46643 | 99.71      |
| 2 | <i>Fusarium caricae</i>        | CBS 309.75 | 99.58      |
| 3 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32798 | 99.8       |
| 4 | <i>Fusarium brachygibbosum</i> | NRRL 34033 | 99.4       |
| 5 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32798 | 99.8       |
| 6 | <i>Fusarium falciforme</i>     | NRRL 32339 | 99.9       |
| 7 | <i>Fusarium breve</i>          | F93        | 99.69      |
| 8 | <i>Fusarium gossypinum</i>     | CBS 116613 | 100        |

Результаты, полученные на основе штрих-кодов (баркодов) ITS, tef1-а и бета-тубулина идентифицированных патогенных грибов, были зарегистрированы под следующими номерами: PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221, PQ062219, PQ062223, PQ062217 и PQ062222 в базах данных NCBI (Национальный центр биотехнологической информации США), Европейском нуклеотидном архиве EMBL-EBI (Великобритания, Кембридж) и японской базе данных ДНК DDBJ. Все выделенные патогенные грибы были инокулированы на образцы нута с целью определения их патогенности. Среди патогенов гриб *Fusarium brachygibbosum* проявил наиболее быструю и высокую патогенность, и был выбран для заражения всей коллекции образцов нута в ходе нашего исследования.

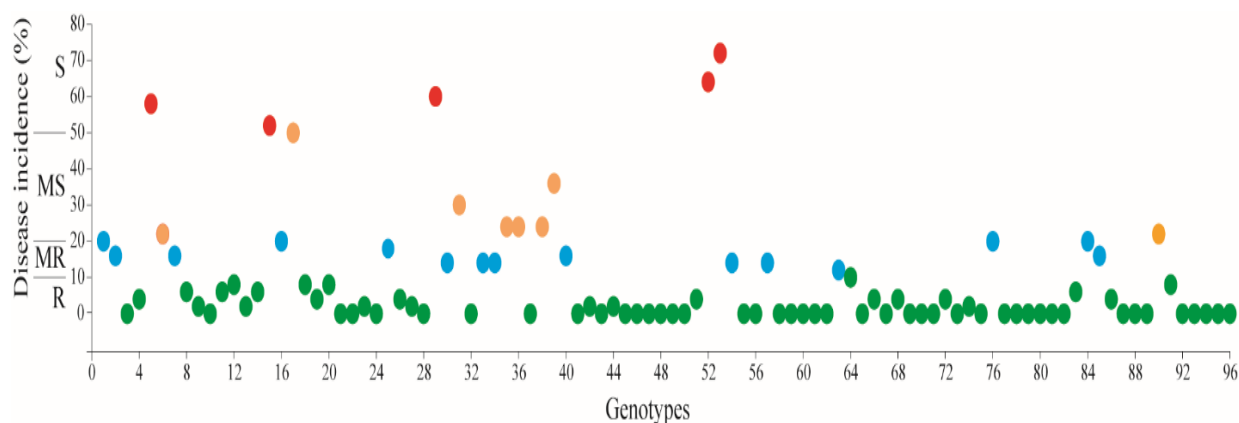


**Рис 1. Влияние патогенного гриба (*Fusarium brachygibbosum*) на всхожесть образцов коллекции нута.**

Сначала было изучено влияние патогена на всхожесть нута, и рассчитаны длина корня, длина стебля, процент всхожести и индекс силы прорастания образцов нута в контрольных и инфекционных условиях (см. рис. 1). Результаты показали, что в контрольных образцах процент всхожести составил в среднем 94,4%-100%, длина корня - в среднем 5,25-4,8 см, длина стебля - в среднем 2,67-1,6 см, индекс силы прорастания - в среднем 756,5-637,6. В инфекционных условиях процент всхожести составил в среднем 70,67%-73,3%, длина корня - в среднем 3,79-3,1 см, длина стебля - в среднем 1,45-1,2 см, индекс силы прорастания - в среднем 405,7-344,8. Качество семян определяется их физиологическими показателями, а именно влажностью и устойчивостью к различным стрессовым факторам, что отражается в силе

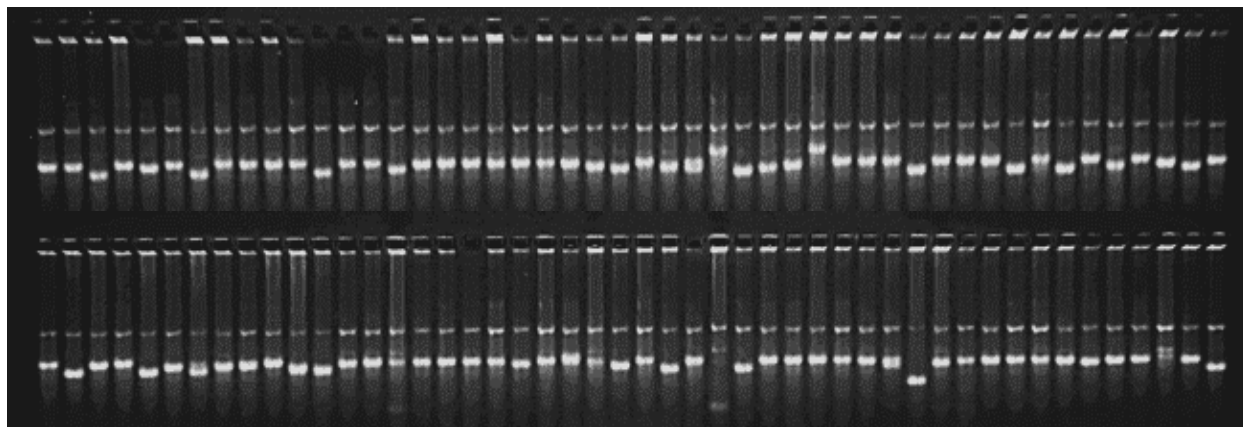


прорастания. Общая всхожесть под воздействием патогенного гриба снизилась на 25-30%, длина корней и стеблей уменьшилась на 40-50%, индекс силы прорастания также сократился на 50%. Следующий этап заключается в оценке степени поражения проростков нута данным патогеном (*Fusarium brachygibbosum*) на стадии всходов, а также в выявлении устойчивых образцов. (см. рис. 2). Результаты показали, что из 96 образцов нута 68 оказались устойчивыми, 15 - умеренно устойчивыми, 8 - умеренно восприимчивыми, 5 - восприимчивыми. В качестве общего вывода можно сказать, что патогенные грибы, выделенные из зараженных образцов нута в полевых условиях, были идентифицированы с помощью молекулярных методов, и было установлено, что это 6 патогенных грибов, принадлежащих к роду *Fusarium*. Выявлено, что среди этих грибов *Fusarium brachygibbosum* обладает более сильным патогенным действием по сравнению с другими. Установлено, что воздействие патогена на всхожесть нута оказывает значительное влияние, приводя к снижению процента всхожести и индекса силы прорастания на 30-40%. В результате изучения устойчивости 96 образцов нута к фузариозу на стадии проростков было установлено, что 70,8% образцов являются устойчивыми, 15,6% - умеренно устойчивыми, 8,3% - умеренно восприимчивыми и 5,2% - восприимчивыми.



**Рис. 2. Статистический анализ устойчивости генотипов нута к фузариозу:**  
**R - устойчивый, MR - умеренно устойчивый, MS - умеренно восприимчивый,**  
**S – восприимчивый.**

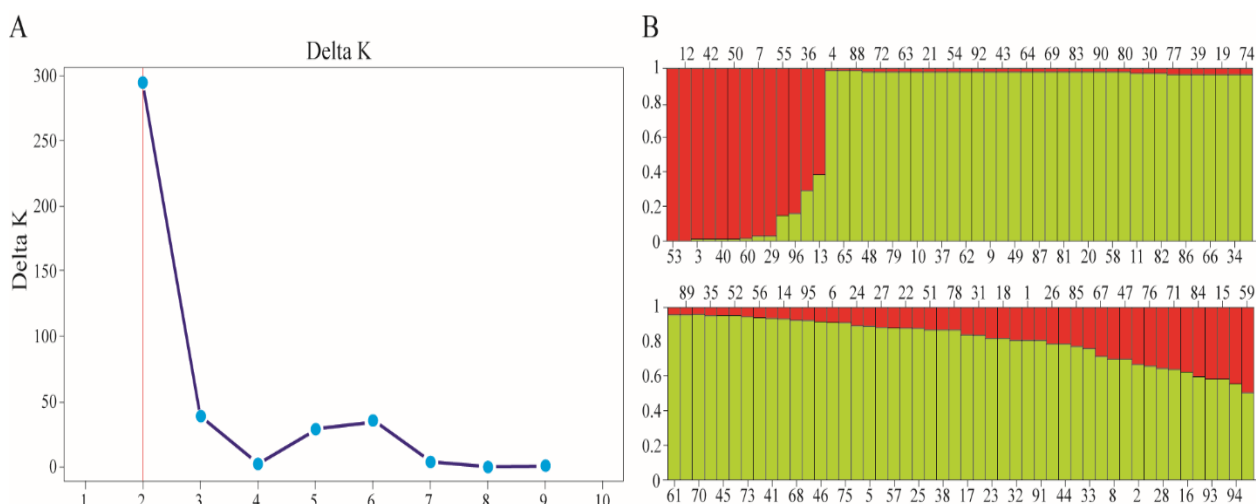
В пятой главе диссертации, озаглавленной “Ассоциативное картирование между SSR ДНК-маркерами и признаками устойчивости растений нута к фузариозу и урожайности” в рамках данной научно-исследовательской работы был проведен молекулярный скрининг образцов коллекций нута, отобранных для исследования на основе микросателлитных маркеров, и проанализированы полученные результаты. Полиморфные молекулярные маркеры являются одним из необходимых методов для картирования генов устойчивости к болезням, а также для понимания молекулярной селекции. Из общего числа 180 маркеров 69 показали полиморфный результат, а 60 - мономорфный. Остальные маркеры не соответствовали исследуемым генотипам нута (см. рис. 3).



**Рис 3. Результаты скрининга полиморфных SSR маркеров (TA176) у генотипов нута**

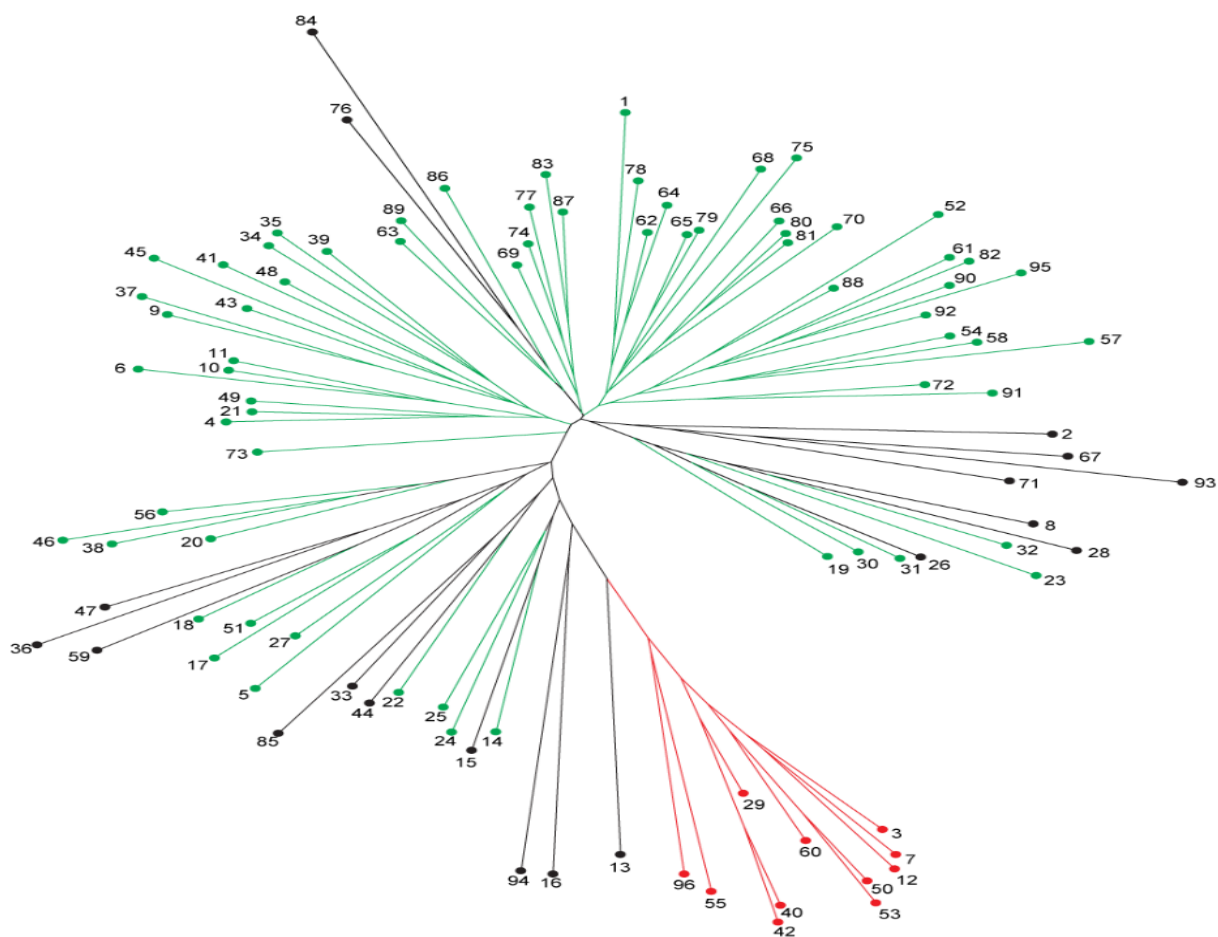
В результате генотипирования ДНК-маркеров SSR с полиморфным показателем были рассчитаны их генотипические анализы, параметры генетического разнообразия, включая число аллелей (Na), разнообразие генов (He) и данные полиморфизма (PIC) с помощью <https://irscope.shinyapps.io/iMEC/>. При оценке 96 генотипов нута с 69 полиморфными SSR маркерами было выявлено в общей сложности 191 аллель, что составило в среднем 2,8 аллеля на маркер. Количество аллелей на маркерах варьировало от двух до максимум пяти, а значения PIC варьировали от 0,1 до 0,37. Кроме того, генетическое разнообразие варьировало от 0,1 до 0,5, а среднее значение составило 0,4. Также были проведены анализ STRUCTURE и кластерный анализ генотипических данных нута. В данном исследовании популяционная структура 96 генотипов нута была изучена с помощью биоинформатического программного обеспечения STRUCTURE с использованием байесовского подхода на основе генотипических данных полиморфных маркеров, применённых при оценке всех генотипов нута. Анализ структуры популяции проводился с использованием предварительно заданного количества кластеров (K) от 1 до 10 для определения оптимального числа кластеров (K) на основе максимального значения дельта K (ad hoc статистика). На сайте STRUCTURE HARVESTER (<https://github.com/dentearl/structureHarvester>) при обработке результатов STRUCTURE было получено наибольшее значение дельта K (ad hoc статистика) при K = 2, что указывает на наличие двух субпопуляций во всей коллекции (см. рис. 4).

Также в программе TASSEL v. 5.0 был проведен кластерный анализ с использованием генотипических данных 96 образцов нута, при этом на основе Q-значений генотипы с общим происхождением  $\geq 80\%$  были разделены на два основных кластера: кластер QI (11 генотипов) и кластер QII (68 генотипов). Остальные 17 генотипов (17,7%) представляли собой смешанные структуры с общим происхождением  $<80\%$  (см. рис. 5). Кластеризация методом ближайшего соседа осуществлялась на основе байесовского анализа структуры популяции. Рассчитанные попарные генетические расстояния между 96 генотипами нута варьировались от



**Рис 4. Анализ структуры популяции генотипов нута: (А) оценка гипотетических субпопуляций на основе значений  $\Delta K$ , (Б) анализ состава популяции на основе Q-значений в виде диаграммы Barplot.**

0,087912 до 0,478022. Весь набор из 96 генотипов был разделен на две группы на основе невзвешенного попарного среднего. В 1-м кластере оказалось 62 генотипа, а во 2-м кластере - 34 генотипа (см. рис. 5). Кластеры, выделенные на основе Delta K, соответствовали кластерам дерева NJ, определенным по структуре популяции QI (красный) и QII (зеленый).



**Рис 5. Анализ кластеризации и структуры популяции: дерево ближайшего соседа (NJ) для 96 генотипов нута.**

На следующем этапе результаты структурного анализа были использованы для ассоциативного картирования с применением SSR маркеров между 96 генотипами и фенотипическими признаками нута. Результаты программы STRUCTURE показали, что геномный состав коллекционных образцов нута, взятых в качестве объекта исследования, состоит из смеси двух основных типов геномов. Большую часть популяции, состоящей из двух небольших групп, составляет “зелёная” популяция. Результаты программы STRUCTURE выявили, что геномный состав коллекционных образцов нута, взятых в качестве объекта, состоит из смеси двух основных типов геномов. На основе этих данных были получены Q-матрицы для анализа МТА (маркер-признак ассоциации) 96 генотипов нута, которые были использованы для дальнейшего анализа молекулярного картирования. Целью данного исследования было определение SSR (простых повторяющихся последовательностей) маркеров, ассоциированных с признаком фузариозного увядания (FW) у нута. Для выявления значимой карты ассоциаций между данными о заболеваемости фузариозным увяданием (FW) и набором данных SSR мы использовали подходы обобщенной линейной модели (GLM) и смешанной линейной модели (MLM). Анализ GLM показал, что для признаков устойчивости к FW значение  $P$  было меньше 0,05, при этом были отобраны ассоциативные группы, имеющие большое значение (см. таблицу 3). На основе анализа GLM и MLM для признака устойчивости к FW на графиках Manhattan plot, отображающих МТА (маркер-признак ассоциации), пороговое  $P$ -значение было установлено на уровне 1,8.

**Таблица 3**

**Статистический анализ ассоциативного картирования GLM и MLM для важных МТА с устойчивостью к FW в нуте**

| Маркер            | локус | $P$ -значение | $R^2$  | LG группа | Ссылка                                     |
|-------------------|-------|---------------|--------|-----------|--------------------------------------------|
| <b>GLM анализ</b> |       |               |        |           |                                            |
| TA42              | A     | 0,0028        | 0,0911 | LG5       | (Gaur et al., 2011)                        |
| TA125             | A     | 0,0043        | 0,0834 | LG1       | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TR2               | B     | 0,0096        | 0,0692 | LG6       | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TA125             | B     | 0,0098        | 0,0688 | LG1       | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA37              | D     | 0,01          | 0,0684 | LG2       | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TAASH             | B     | 0,0108        | 0,067  | LG1       | (Winter et al., 1999)                      |
| <b>MLM анализ</b> |       |               |        |           |                                            |
| TA42              | A     | 0,0028        | 0,0912 | LG5       | (Gaur et al., 2011)                        |
| TR2               | B     | 0,0090        | 0,0689 | LG6       | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TA125             | A     | 0,0043        | 0,0834 | LG1       | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA125             | B     | 0,0098        | 0,0688 | LG1       | (Winter et al., 1999), (Gaur et al., 2011) |
| TA37              | D     | 0,0111        | 0,0666 | LG2       | (Choudhary et al., 2012)                   |
| TAASH             | B     | 0,0165        | 0,0596 | LG1       | (Winter et al., 1999)                      |

Оба подхода выявили пять общих маркер-признаковых ассоциаций (MTA) для устойчивости к FW: TA42, TR2, TA125 (A), TA125 (B), TA37 и TAASH. Анализ GLM выявил значимые ассоциации со значениями  $R^2$  в диапазоне от 0,06927 до 0,091. MLM-анализ показал значимые ассоциации со значениями  $R^2$  от 0,0596 до 0,0912 для двух MTA. Кроме того, GLM и MLM анализы достоверно выявили дополнительные MTA для SSR-маркера TA125. Это свидетельствует об устойчивости ассоциаций, выявленных различными аналитическими подходами. Данное исследование является первым MTA-анализом устойчивости к FW у нута, и значимые ассоциации с устойчивостью к FW были последовательно выявлены с помощью GLM и MLM-анализов для 5 SSR-маркеров (TA37, TA42, TR2, TA125 (A), TA125 (B) и TAASH) с использованием коллекции нута, реагирующей на FW, и SSR-маркеров по всему геному. Тем не менее, для дальнейших исследований и селекционных инициатив, направленных на улучшение устойчивости нута к FW, требуется более детальное картирование для точного определения ответственного гена (генов) в кандидатных геномных областях. Наши последующие исследования были посвящены изучению признаков, отражающих показатели урожайности отобранных образцов нута в 2022 и 2023 годах, в течение двух лет. Эти показатели были определены путем изучения количественных признаков нута, таких как число бобов на растение (NPP), число семян на растение (SPP), масса бобов (WPP), масса семян (SWP) и масса тысячи семян (S1000). Также были проведены работы по ассоциативному картированию двухлетних фенотипических результатов с использованием SSR маркеров. Анализы MTA были выполнены со всеми признаками, характеризующими урожайность. Анализ MTA по признаку массы бобов (WPP), проведенный в результате исследования, показал, что согласно GLM анализу ассоциативного картирования были выявлены три SSR маркера (CASTMS10, TA186, TAASH), продемонстрировавшие высокую ассоциативность в оба года. При этом были отобраны значения  $P < 0,05$ , маркеры с MTA по анализу GLM проявлялись с  $r$ -значениями от 0,002 до 0,018 для первого года и от 0,008 до 0,043 для второго года, а значение  $R^2$  составило от 0,057 до 0,096 в первом году и от 0,042 до 0,072 для второго года. После GLM-анализа ассоциированных маркеров были также проведены MLM-анализы, согласно которым два общих маркера (CASTMS10 и TAASH) показали наивысший результат MTA. При этом были выбраны значения с  $P < 0,05$ , причем  $r$ -значение составляло от 0,041 до 0,044, а для следующего года - от 0,015 до 0,028. Значение  $R^2$  варьировалось от 0,043 до 0,044, а для следующего года - от 0,052 до 0,064. Двухлетние фенотипические результаты в обоих анализах, GLM и MLM, повышают достоверность того, что маркеры CASTMS10 и TAASH, ассоциированные с признаком массы бобов нута, действительно являются маркерами, отвечающими за урожайность нута. В качестве общего вывода, в результате нашего исследования были выявлены SSR-маркеры, отвечающие за признак устойчивости нута к FW, а также несколько SSR-маркеров (TA125, TAASH, TA37, TA42, TA146, CASTMS10, TS35), связанных с признаками урожайности

нута. Среди SSR маркеров, проявивших высокую МТА по признаку массы тысячи зерен, особое значение имеют маркеры группы NCPGR (NCPGR200, NCPGR99, NCPGR209). Было обнаружено, что в результате GLM-анализа в течение двух лет выявлено 9 маркеров по этому признаку, из которых 6 также показали МТА в MLM-анализе. Значение  $p$  по результатам GLM-анализа варьировало от 0,0006 до 0,036, в то время как MLM-анализ показал значения от 0,002 до 0,047. Значения  $R^2$  для GLM и MLM-анализов находились в диапазоне от 0,045 до 0,116 и от 0,042 до 0,101 соответственно. Среди маркеров, проявивших МТА для признака массы тысячи зерен, SSR-маркеры, принадлежащие к группе NCPGR, были ранее идентифицированы в исследованиях нута как связанные с устойчивостью к расе *Fusarium* *foc2*.

Общие результаты показали, что в ходе анализа ассоциативного картирования маркер TAASH вместе с признаком FW нута проявил МТА как в GLM, так и в MLM анализах в течение двух лет по признаку массы бобов (WPP). Маркер CASTMS10 продемонстрировал МТА для всех элементов урожайности, таких как количество бобов (NPP), масса бобов (WPP) и масса семян (SWP). По результатам исследования, на основе ассоциативной карты устойчивости нута к фузариозу и нескольких признаков урожайности, для использования в селекционном процессе рекомендуются 5 образцов с положительными фенотипическими и генотипическими показателями (см. таблицу 4).

**Таблица 4**

**Анализ образцов, положительных как по генотипическим, так и по фенотипическим показателям в результате ассоциативного картирования**

| CIFWN<br>CIENMED | FW                                     | TA42-A | TA125-<br>A/B                    | TA37-D | TAASH-<br>B                         | CASTMS10-<br>A | TA146-<br>A/C                    | TS35-<br>A/B | TA110<br>A/B            | Общее |
|------------------|----------------------------------------|--------|----------------------------------|--------|-------------------------------------|----------------|----------------------------------|--------------|-------------------------|-------|
| 17104            | R                                      | A      | B                                | D      | *                                   | A              | C                                | B            | A                       | 7     |
| 17161            | R                                      | A      | B                                | *      | *                                   | A              | C                                | B            | B                       | 6     |
| 17270            | R                                      | A      | B                                | *      | B                                   | A              | C                                | B            | A                       | 7     |
| M29              | R                                      | A      | A                                | D      | B                                   | A              | *                                | B            | A                       | 7     |
| M36              | R                                      | A      | A                                | D      | B                                   | A              | A                                | B            | A                       | 8     |
| CIFWN<br>CIENMED | Количество<br>бобов (на 1<br>растении) |        | Вес бобов (на 1<br>растении) (г) |        | Количество зерен (на 1<br>растении) |                | Масса зерна (на 1<br>растении) г |              | Вес тысячи<br>зерен (г) |       |
|                  | X ± Sx                                 | V %    | X ± Sx                           | V %    | X ± Sx                              | V %            | X ± Sx                           | V %          |                         |       |
| 17104            | 85,1 ± 4,2                             | 19,4   | 32 ± 2                           | 24,3   | 83,6 ± 5,1                          | 23,8           | 23,6 ± 1,4                       | 24,2         | 348,5                   |       |
| 17161            | 67 ± 3,7                               | 21,4   | 24,2 ± 1,5                       | 25     | 66,9 ± 4,4                          | 25,6           | 18,3 ± 1,2                       | 26,7         | 316,5                   |       |
| 17270            | 64,9 ± 3,6                             | 21,1   | 31,2 ± 1,6                       | 19,8   | 70,8 ± 3,5                          | 18,8           | 23,4 ± 1,2                       | 19,4         | 367,5                   |       |
| M29              | 41 ± 2,1                               | 19,6   | 27,4 ± 1,6                       | 22,5   | 50,3 ± 2,9                          | 21,5           | 19,8 ± 1,3                       | 25           | 381                     |       |
| M36              | 59,2 ± 3,2                             | 24,5   | 32,1 ± 1,9                       | 27,5   | 58,4 ± 2,7                          | 21,3           | 23,2 ± 1,3                       | 25,6         | 386                     |       |
| mean all         | 51,9 ± 1,4                             | 27,1   | 24,9 ± 0,7                       | 20,8   | 57 ± 1,56                           | 26,5           | 18,5 ± 0,38                      | 20,6         | 340 ± 5,1               |       |

Цветная часть в таблице представляет собой результаты общего среднестатистического анализа показателей урожайности за 2 года для 96 образцов нута, при этом выбранный образец имеет показатель выше общего среднего значения.

## ВЫВОДЫ

1. В результате изучения морфохозяйственных признаков образцов нута, отобранных для исследования Международной организацией ICARDA в 2022-2023 годах, было исследовано 26 признаков. Из них по основным признакам, отражающим показатели урожайности (количество бобов, масса бобов, количество зерен, масса зерна), было отобрано 23 образца, а по признаку массы тысячи зерен — 10 образцов.

2. В результате молекулярной идентификации выделенных патогенных грибов было выявлено 6 патогенных видов, относящихся к роду *Fusarium*: *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve* и *Fusarium gossypinum*. Результаты секвенирования ДНК-баркодов ITS региона, *tef1*-а и бета-тубулина выделенных патогенов были зарегистрированы в базе данных NCBI под номерами PQ203000, PQ203001, PQ203002, PQ203003, PQ203004, PQ203005, PQ203006, PQ203007, PQ203008, PQ203009, PQ203010, PQ203011, PQ203012, PQ203013, PQ203014, PQ062216, PQ062218, PQ062220, PQ062221, PQ062219, PQ062223, PQ062217 и PQ062222.

3. В результате инокуляции 6 видов патогенных грибов рода *Fusarium*, выделенных в ходе исследования, в лабораторных условиях на растениях нута, наиболее сильные патогенные свойства проявил грибок *Fusarium brachygibbosum*. При этом 70,8% исследуемых образцов показали устойчивость к этому патогену, 15,6% — умеренную устойчивость, 8,3% — умеренную неустойчивость и 5,2% — неустойчивость.

4. В ходе исследования при оценке 96 генотипов нута с использованием 69 полиморфных SSR маркеров из общего числа 180 маркеров было выявлено 191 аллель, что составило в среднем 2,8 аллеля на каждый маркер. Количество аллелей на маркерах варьировало от двух до пяти, а значения PIC - от 0,1 до 0,37. Кроме того, показатель генетического разнообразия варьировал от 0,1 до 0,5, со средним значением 0,4.

5. В результате ассоциативного картирования исследуемых образцов по признаку устойчивости к фузариозу были выявлены маркер-признаковые ассоциации (MTA) TA42-LG5, TA125 (A), TA125 (B) - LG1, TA37-LG2, TR2-LG6 и TAASH-LG1. В результате анализа ассоциативного картирования по признакам, характеризующим урожайность, было выявлено, что маркер CASTMS10 проявил ассоциативность по количеству бобов, массе бобов и массе зерна; маркер TA146 - по количеству бобов и количеству зерен; маркер TAASH - по массе бобов и устойчивости к болезням; маркер TS35 - по количеству зерен. Кроме того, было установлено, что маркеры TA110, TR2, H1P02, NCPGR99, NCPGR200, NCPGR209 являются MTA для признака

массы 1000 зерен. Эти маркеры рекомендуются для использования в селекционной работе посредством дальнейшей технологии MAS.

6. В результате исследования, на основе ассоциативной карты устойчивости нута к фузариозу и нескольких признаков урожайности, для использования в селекционном процессе рекомендованы 5 образцов (17104, 17161, 17270, M29, M36) с положительными фенотипическими и генотипическими показателями.



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

---

**INSTITUTE OF GENETICS AND EXPERIMENTAL PLANT BIOLOGY**

**MURODOVA SOJIDA MAKHSADBOY KIZI**

**ASSOCIATION MAPPING OF FUSARIUM RESISTANCE LOCI USING  
SSR DNA MARKERS IN CHICKPEA (*CICER ARIETINUM* L.)  
COLLECTION SAMPLES**

**03.00.09 – General genetics**

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

**TASHKENT – 2025**

**The title of Doctor of Philosophy (PhD) has been registered by the Supreme Attestation Commission at the Ministry of Higher Education, Science, and Innovations of the Republic of Uzbekistan with the registration number B2023.4.PhD/B1050.**

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

The abstract of the dissertation in three languages (Uzbek, Russian, and English (resume)) was uploaded on the website of the Scientific Council ([www.genetika.uz](http://www.genetika.uz)) and on the website of «ZiyoNet» Information and education portal ([www.ziynet.uz](http://www.ziynet.uz))

**Scientific supervisor:**

**Bozorov Tohir Ahmadovich**

Doctor of Biological Sciences, senior researcher

**Official opponents:**

**Sherimbetov Anvar Gulmirzayevich**

Doctor of Biological Sciences, Professor,

**Turayev Ozod Sunnatliyevich**

Doctor of Philosophy in Biological Sciences  
senior researcher

**Leading organization:**

**Advanced Technologies Center**

The defense of the dissertation will take place on «\_\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 \_\_\_ at the meeting of the Scientific Council DSc.02/30.12.2019.B.53.01 at the Institute Genetics and Plant Experimental Biology (Address: 111208, Tashkent region, Kibray district, Yuqori-yuz. 266 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](mailto:igebr@academy.uz).

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

The abstract of the dissertation sent out on «\_\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 y.

Protocol at the register №\_\_\_\_\_ dated «\_\_\_» \_\_\_\_\_ 2025 y.

**A.A. Narimanov**

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

**I.Dj. Kurbanbaev**

Scientific Secretary of the Scientific  
Council for awarding of scientific  
degrees, Doctor of biological sciences,  
professor

**S.K. Baboev**

Chairman of the Scientific Seminar under  
Scientific Council for awarding scientific  
degrees, Doctor of biological sciences,  
professor

## INTRODUCTION (abstract of PhD thesis)

**The aim of this research work is** The objective is to assess morphological and economic characteristics of chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions, identify SSR DNA markers associated with disease resistance through association mapping of genes/loci resistant to *Fusarium* wilt, and select resistant donors.

**The object of the research** chickpea accessions from the CIFWN (Chickpea International *Fusarium* Wilt Nursery 2020) and CIENMED (Chickpea International Elite Nursery for Mediterranean Environments 2021) nurseries of the ICARDA international organization genetic collection, as well as *Fusarium* pathogen species responsible for *Fusarium* wilt disease, were used.

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

Under local conditions, the international organization ICARDA assessed the morpho-economic characteristics of chickpea samples and selected specimens with high yield indicators;

In our republic, isolates of *Fusarium solani*, *Fusarium caricae*, *Fusarium falciforme*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium breve*, and *Fusarium gossypinum* from the *Fusarium* genus were isolated from infected chickpea plants and identified using polyphasic identification methods;

The diversity of *Fusarium* species isolates has been molecularly and genetically confirmed in the FUSARIOD-ID database. In addition, an interspecies and intergenus molecular phylogeny of *Fusarium* species strains was developed based on the ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region, *elongation factor 1a* (*tef1-a*), and *beta-tubulin* (*tub2*) DNA barcodes.

When pathogenic fungi isolated from infected chickpea samples in field conditions were molecularly identified, six pathogenic fungi belonging to the *Fusarium* genus were found. Among these fungi, *Fusarium brachygibbosum* was determined to have a stronger pathogenic effect compared to the others.

In the results of association mapping with the trait of *Fusarium* resistance, marker-trait associations (MTA) were identified for SSR DNA markers genetically linked to *Fusarium* wilt resistance: TA42-LG5, TA125 (A), TA125 (B)-LG1, TA37-LG2, TR2-LG6, and TAASH-LG1.

An association map of yield characteristics based on genetically polymorphic markers was compiled. The map shows associations for the following markers: CASTMS10 marker: associated with number of pods, pod weight, and seed weight - TA146 marker: associated with number of pods and number of grains - TAASH marker: associated with pod weight and disease resistance - TS35 marker: associated with number of seeds.

**Implementation of the research results.** Based on the scientific results obtained from association mapping of *Fusarium* wilt resistance loci in chickpea (*Cicer arietinum* L.) collection samples using SSR DNA markers:

Pure cultures of *Fusarium* genus species causing *Fusarium* disease in chickpea plants—*Neocosmospora solani* (*Fusarium solani*) - IGPEB-1, *Neocosmospora*

*caricae* (*Fusarium caricae*) - IGPEB-2, *Fusarium brachygibbosum* - IGPEB-4, *Neocosmospora falciformis* (*Fusarium falciforme*) - IGPEB-5, *Neocosmospora brevis* (*Fusarium breve*) - IGPEB-7, and *Fusarium gossypinum* - IGPEB-8 strains—have been deposited in the gene pool of the unique object collection “Phytopathogenic and Other Microorganisms” at the Institute of Genetics and Experimental Plant Biology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan (Reference No. 4/1255-1758 of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, dated August 6, 2024). As a result, the collection has enriched the gene pool of *Fusarium* genus species and contributed to the formation of an electronic database information-analysis system.

The results obtained from the species sequence of the *Fusarium* genus fungal strains, based on the ITS region, have been registered in the NCBI (National Center for Biotechnology Information of the USA), EMBL-EBI European Nucleotide Archive (Cambridge, Great Britain), and DDBJ Japan DNA Database under the ID numbers PQ062216, PQ062217, PQ062219, PQ062220, PQ062222, and PQ062223 (according to Certificate No. 4/1255-1758 of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, dated August 6, 2024). As a result, it has become possible to determine the uniqueness of *Fusarium* fungus species strains distributed in the territory of Uzbekistan and to compare the nucleotide sequence data of these strains with those found in various regions of the world.

**The structure and scope of the dissertation.** The dissertation consists of an introduction, five chapters, conclusions, a list of references, a list of symbols and terms, and appendices. The total volume of the dissertation is 110 pages.

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

**I-bo'lim (I часть; Part I)**

1. Sojida M. Murodova, Tohir A. Bozorov, Ilkham S. Aytenov, Bekhruz O. Ochilov, Dilafruz E. Qulmamatova, Ilkhom B. Salakhutdinov, Marufbek Z. Isokulov, Gavkhar O. Khalillaeva, Laylo A. Azimova and Sodir K. Meliev “Uncovering *Fusarium* Species Associated with Fusarium Wilt in Chickpeas (*Cicer arietinum* L.) and the Identification of Significant Marker–Trait Associations for Resistance in the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas Chickpea Collection Using SSR Markers” journal Agronomy 2024, 14, 1943. Pp-1-14 CS - Q1. ISSN: 2073-4395. IF-3.7 <https://doi.org/10.3390/agronomy14091943>
2. Sojida Murodova, Tohir Bozorov, Ilham Aytenov “No‘xatning (*Cicer arietinum* L.) morfo-xo‘jalik belgilari va fuzarioz kasalligi qo‘zg‘atuvchisini (*fusarium oxysporum*) ajratib olish.” O‘zbekiston Milliy Universiteti xabarлари, 2024, [3/1] B-72-75
3. Murodova.S.M., Bozorov T.A., Qulmamatova D.E, “*Fabaceae* oilasiga mansub no‘xatning (*Cicer arietinum* L.) morfo-xo‘jalik belgilari hamda uning o‘sishi va rivojlanishiga patogen *Fusarium oxysporum* f.sp.ciceris (Foc) zamburug‘ining ta’siri”. Xorazm Ma’mun akademiyasi axborotnomasi 2023-(3/1). B-20-24

**II-bo'lim (II часть; Part II)**

4. Муродова С.М.,Бозоров Т.А.,Айтенов И.С., Очилов Б.О., МеликузиевФ.А., Исокулов М.З. “Выделение фитопатогенного гриба (*f.oxysporum*), вызывающего фузариоз, из образцов семейства fabaceae нута (*cicer arietinum* l.) ” III Международной Научно-Практической Конференции «Фундаментальные И Прикладные Аспекты Микробиологии В Науке И Образовании». Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Рязанский государственный медицинский университет имени академика И.П. Павлова» 27-28 мая 2024 года Ст-39-42.
5. Муродова С.М, Бозоров Т.А., Айтенов И.С., Очилов Б.О. “Оценка устойчивости образцов нут (*Cicer arietinum* L.) семейства *Fabaceae* к фузариозу с использованием ДНК микросателлитных маркеров” International Scientific-Practical Conference “Current Problems of Microbiology, Biotechnology and Biodiversity” dedicated to the 20th anniversary of the Republic Collection of Microorganisms. Republic of Kazakhstan, September 26, 2024. Pp-77-81.
6. Murodova.S.M., Qulmamatova D.E., Bozorov T.A. “*Fabaceae* oilasiga mansub no‘xatning (*Cicer arietinum* L.) morfologik belgilari hamda uning o‘sishi va rivojlanishiga patogen *Fusarium oxysporum* f.sp.ciceris (foc) zamburug‘ining ta’siri” “Fan, ta’lim va amaliyot integratsiyasi: muammolar va innovatsion yechimlar” respublika ilmiy-amaliy konferensiyasi to‘plami IGPEB. 12-sentabr

2022 yil B-21-23.

7. Murodova.S.M., Bozorov T.A., Melikuziyev.F.A., Aytenov.I.S “*Fabaceae* oilasiga mansub no‘xat namunalarining (*Cicer arietinum* L.) unuvchanligiga fitopatogen (*F. oxysporum* f. sp. *ciceris*) zamburug‘ining ta‘siri.” “Qishloq xo‘jaligi ilmini rivojlantirishda ayollarning o‘rni” mavzusidagi Xalqaro ilmiy-amaliy simpozium materiallari to‘plami. Paxta seleksiyasi, urug‘chiligi va yetishtirish agrotexnologiyalari ilmiy-tadqiqot instituti 11-fevral-2024. B-241-245.

8. Murodova.S.M., Bozorov T.A., Melikuziyev F.A, Aytenov I.S, Ochilov B.O, Isoqulov M.Z “No‘xat o‘simligi fuzarioz kasalligi qo‘zgatuvchisining tavsifi”. «Mikroorganizmlarni antibiotikalarga sezuvchanligini o‘zgarish sabablari va oqibatlari» mavzusidagi xalqaro ilmiy konferensiyasi maqola to‘plami SDVM 11-mart-2024 B-769-772

9. Murodova.S.M., Bozorov T.A., Aytenov I.S. “Fusarium wilt of chickpea” “Genetika, Genomika va biotexnologiyaning zamonaviy muammolari” respublika ilmiy anjuman to‘plami Genomika va Bioinformatika markazi 16 may 2024 yil B-138-141

Avtoreferat “O‘zbekiston agrar fani xabarnomasi”  
jurnali tahririyatida tahrirdan o‘tkazildi

Bosishga ruxsat berildi 11.04.2025. Bichimi (60x84) 1/16. Shartli bosma tabog‘i 2,75.  
Nashriyot bosma tabog‘i 2,75. Adadi 100 nusxa. Bahosi kelishilgan narxda.

---

O‘zbekiston Respublikasi Prezidenti Adminstratsiyasi huzuridagi Axborot va ommaviy  
kommunikatsiyalar agentligining № **231049** sonli tasdiqnomasi asosida  
“**AGRAR FANI XABARNOMASI**” MChJ bosmaxonasida chop etildi.

